

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



Tese

**Avaliações quantitativas em linhagens endogâmicas recombinantes de arroz
(RILs) com ênfase em caracteres de qualidade de grãos**

Raíssa Martins da Silva

Pelotas, 2020

Raíssa Martins da Silva

**Avaliações quantitativas em linhagens endogâmicas recombinantes de arroz
(RILs) com ênfase em caracteres de qualidade de grãos**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Doutora em Ciências (área do conhecimento: fitomelhoramento)

Orientador: Antonio Costa de Oliveira, Ph.D. – FAEM/UFPel

Co-orientador: Eduardo Venske, Dr. – FAEM/UFPel.

Pelotas, 2020

Dedico

Aos meus, por acreditarem em mim.

Agradecimentos

A Deus, pelo dom da vida, por ensinar-me a ser luz em meio a tantas sombras, por dar-me força, paciência e esperança.

A minha mãe, Wilma Reis, pelo amor incondicional, apoio, força e esforço, por acreditar na minha capacidade, e por me incentivar a nunca desistir de meus sonhos, sem você eu nada seria, meu eterno obrigado.

As minhas amigas Victoria Oliveira, Jennifer Lopes, Liamara Thurow, Stefânia Zenker e Cíntia Garcia que sempre estiveram ao meu lado, me apoiando, pelas palavras de incentivo e pelos momentos sensacionais e divertidos. Por serem luz na minha vida. Minha caminhada não seria a mesma sem vocês ao meu lado.

A minha amiga Franciene Villanova, pela amizade, carinho, e por ser minha melhor parceira de laboratório. Agradeço de coração a você.

A minha amiga Andressa Pitol, pelos momentos compartilhados em nosso lar, pelas nossas conversas e por me mostrar o real significado de bondade. Obrigada por tudo.

Ao colega e amigo Maicon Nardino pela valiosa ajuda nas análises estatísticas.

Ao colega e co-orientador Eduardo Venske pela preciosa ajuda no desenvolvimento da Tese.

Ao meu orientador Prof.Ph. D. Engº Agrº Antonio Costa de Oliveira, pela orientação, conhecimentos transmitidos e amizade.

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

Meu muito obrigada.

As nuvens mudam sempre de posição, mas são sempre nuvens no céu. Assim devemos ser todo dia, mutantes, porém leais com o que pensamos e sonhamos; lembre-se, tudo se desmancha no ar, menos os pensamentos”.

(Paulo Beleki)

Resumo

SILVA, Raíssa M. da. **Avaliações quantitativas em linhagens endogâmicas recombinantes de arroz (RILs) com ênfase em caracteres de qualidade de grãos.** 2020. 119f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS, 2020.

O arroz é um dos cereais de mais elevada importância social e econômica, responsável por ser a base alimentar de mais da metade da população mundial, principalmente nos países em desenvolvimento. Programas de melhoramento buscam novas tecnologias e estratégias com o objetivo de atender às crescentes demandas pela necessidade de alimento, levando em conta a performance produtiva aliada a caracteres de interesse culinário. Devido ao estreitamento da base genética das culturas, encontrar genótipos superiores que atendam às necessidades do produtor e consumidor torna-se cada vez mais complicado. Sendo assim, a hibridação, principalmente entre diferentes subespécies de arroz é uma das formas encontradas para a ampliação da variabilidade genética. Para isto, de modo a auxiliar a tomada de decisão nos programas de melhoramento, como na seleção de genótipos superiores para caracteres agrônômicos e de interesse culinário, e a predição da distância genética, o embasamento estatístico, por meio da utilização de modelos biométricos, apresenta-se como alternativa precisa. O presente estudo objetivou identificar correlações lineares fenotípicas, genotípicas e canônicas, selecionar famílias promissoras e caracterizar a distância genética de um grupo de linhagens endogâmicas recombinantes de arroz irrigado. Foram realizados cruzamentos recíprocos entre BRS Querência (*Oryza sativa* sp. *indica*) e Nipponbare (*Oryza sativa* sp. *japonica*). Os avanços de geração, até F_7 , e experimentos de campo, foram conduzidos no campo experimental da estação Embrapa Clima Temperado, Capão do Leão – RS, juntamente com os genitores. O delineamento foi de blocos incompletos com testemunhas intercalares dispostos em quatro repetições. A partir do estudo desta população segregante, com o auxílio das correlações canônicas, fenotípicas e genotípicas é possível verificar que os grupos de caracteres de qualidade de grãos e agrônômicos não são independentes e há uma tendência dos caracteres relacionados ao teor de amilose e grãos quebrados estarem associados à produtividade de grãos e/ou aos seus componentes. As famílias F_5 e F_{105} , através do BLUP revelam potencial como candidatas à cultivares melhoradas ou para integrar blocos de cruzamentos visando a obtenção de indivíduos superiores. De acordo com as análises multivariadas e redes neurais as famílias F_{17} e F_{128} , assim como F_{108} e o genitor BRS Querência, são os genótipos mais similares entre si, enquanto que os mais distantes geneticamente da maioria dos demais são as famílias, F_{17} , F_{60} , F_{108} e F_{128} .

Palavras-chave: *Oryza sativa* L., melhoramento de plantas, correlações canônicas, modelos mistos, análises multivariadas.

Abstract

SILVA, Raíssa M. da. **Quantitative evaluation in recombinant inbred rice lines (RILs) with emphasis on grain quality traits**. 2020. 119f. Thesis (Doctoral) - Graduate Program in Agronomy. Federal University of Pelotas, Pelotas - RS. 2020.

Rice is one of the cereals with the greatest social and economical importance, responsible for being the staple food for more than half of the world population, mainly in developing countries. Breeding programs search for new technologies and strategies with the aim to attend to growing demands of food needs, taking into account productive performance combined with the traits of culinary interest. Due to the narrowing of the crops genetic base, finding superior genotypes that meet the need of farmers and consumers becomes increasingly complicated. Thus, hybridization, especially between different subspecies of rice is one of the ways found for the expansion of genetic variability. In this regard, in order to assist making-decision in breeding programs, such as the selection of superior genotypes for agronomic and culinary traits, and the prediction of genetic distance, the statistical support through the use of biometric models has been shown as a precise alternative. The present study aimed to identify the phenotypic and genotypic linear and canonical correlations, to select promising families and characterize the genetic distance of a set of recombinant inbred lines of paddy rice. Reciprocal crosses between BRS Querência (*Oryza sativa* sp. *indica*) and Nipponbare (*Oryza sativa* sp. *japonica*), the generation advancing up to the F₇ generation and the field assessments, along with the parents, were carried out at the experimental field of Embrapa Clima Temperado, Capão do Leão – RS. The experimental design was the incomplete blocks with intercalary controls, arranged in four replications. From the study of the present segregating population, with the aid of canonical, phenotypic and genotypic correlations it is possible to verify that groups of grains quality and agronomic traits are not independent, and there is a tendency for the amylose content and broken grain traits to be associated to grain yield and/or its components. The families F₅ and F₁₀₅, through the BLUP, reveal as the potential candidates for improved cultivars or to integrate cross breeding blocks. According to multivariate analysis and neural networks the families F₁₇ and F₁₂₈, as well as F₁₀₈ and the parent BRS Querência, are the most similar genotypes to each other. On the other hand, the most genetically distant from most of the others are the families F₁₇, F₆₀, F₁₀₈ and F₁₂₈.

Key words: *Oryza sativa* L., crop breeding, canonical correlation, mixed models, multivariate analysis.

Lista de figuras

Capítulo 1: Revisão bibliográfica

Figura 1.1. Estrutura do grão de arroz.....22

Figura 1.2. Dispersão dos grãos de arroz em solução alcalina. (a) alta, (b) intermediária e (c) baixa temperatura de gelatinização.25

Capítulo 3: Seleção de linhagens promissoras de arroz irrigado utilizando modelos mistos

Figura 3.1. Dados climáticos referentes a temperatura do ar, com a temperatura média do ar ($T^{\circ}\text{C}$ média), média das temperaturas máximas do ar ($T^{\circ}\text{C}$ média das máximas) e média das temperaturas mínimas do ar ($T^{\circ}\text{C}$ média das mínimas), para os meses da safra de cultivo 2014/2015 (A) e 2015/2016 (B), no município do Capão do Leão/RS. Fonte: Estação Agroclimatológica de Pelotas (Convênio EMBRAPA/UFPeI/INMET) (ADAPTADO). CGF, FAEM/UFPeI, Pelotas, RS, 2020..... 72

Figura 3.2. Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para o caráter altura de planta de 126 linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (barra vermelha) e Nipponbare (barra azul) para a geração F_6 (A) e geração F_7 (B). CGF, FAEM/UFPEL, RS, 2020. 78

Figura 3.3. Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para o caráter número de panículas por planta de 126 linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (barra vermelha) e Nipponbare (barra azul) para a geração F_6 (A) e geração F_7 (B). CGF, FAEM/UFPeI, Pelotas, RS, 2020..... 79

Figura 3.4. Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para o caráter comprimento de panícula de 126 linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (barra vermelha) e Nipponbare (barra azul) para a geração F_6 (A) e geração F_7 (B). CGF, FAEM/UFPeI, Pelotas, RS, 2020. 80

- Figura 3.5.** Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para o caráter número de espiguetas férteis por panícula de 126 linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (barra vermelha) e Nipponbare (barra azul) para a geração F₆ (A) e geração F₇ (B). CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020..... 82
- Figura 3.6.** Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para o caráter número de espiguetas estéreis por panícula de 126 linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (barra vermelha) e Nipponbare (barra azul) para a geração F₆ (A) e geração F₇ (B). CGF, FAEM/UFPel, Pelotas RS, 2020..... 84
- Figura 3.7.** Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para o caráter massa total de grãos por planta de 126 linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (barra vermelha) e Nipponbare (barra azul) para a geração F₆ (A) e geração F₇ (B). CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020. 85
- Figura 3.8.** Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para 42 linhagens F₆ provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (linha vermelha) e Nipponbare (linha azul) para os caracteres brancura vítrea (A) e grãos gessados (B), referentes a qualidade de grãos. CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020..... 87
- Figura 3.9.** Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para 42 linhagens F₆ provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (linha vermelha) e Nipponbare (linha azul) para os caracteres grãos barriga branca (A) e grãos rajados (B), referentes a qualidade de grãos. CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020..... 89
- Figura 3.10.** Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para 42 linhagens F₆ provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (linha vermelha) e Nipponbare (linha azul) para os caracteres grãos quebrados (A) e teor de amilose (B), referentes a qualidade de grãos. CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020..... 91

Capítulo 4: Distância genética entre linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) de arroz irrigado

- Figura 4.1.** Análise fatorial demonstrando o padrão de distribuição espacial da variabilidade genética das 128 linhagens analisadas, e dos genitores Nipponbare (1, em azul) e BRS Querência (2, em vermelho). CGF, FAEM/UFPeI, Pelotas, RS, 2020..... 103
- Figura 4.2.** Formação dos grupos das 128 linhagens analisadas e as distâncias intragrupos e intergrupos, segundo o método de Tocher. Em caixa verde está o número de genótipos contidos em cada grupo e em caixa laranja, a identificação do genótipo. CGF, FAEM/UFPeI, Pelotas, RS, 2020..... 104
- Figura 4.3.** Dendrograma obtido pelo método UPGMA para o agrupamento de 128 linhagens provenientes do cruzamento entre os genitores Nipponbare (1) e BRS Querência (2). CGF, FAEM/UFPeI, Pelotas, RS, 2020. 105
- Figura 4.4.** Agrupamento de 128 linhagens provenientes do cruzamento entre os genitores Nipponbare (1, em azul) e BRS Querência (2, em vermelho), segundo o método de k-means. CGF, FAEM/UFPeI, Pelotas, RS, 2020. 106
- Figura 4.5.** Agrupamento de 128 linhagens provenientes do cruzamento entre os genitores Nipponbare (1, em azul) e BRS Querência (2, em vermelho), segundo as redes neurais de kohonen. CGF, FAEM/UFPeI, Pelotas, RS, 2020. 108

Lista de tabelas

Capítulo 2: Correlações lineares e canônicas em caracteres de qualidade de grãos e agronômicos de linhagens endogâmicas recombinantes de arroz irrigado

- Tabela 2.1.** Coeficientes das correlações fenotípicas (diagonal superior) e das correlações genotípicas (diagonal inferior) entre caracteres agronômicos e de qualidade de grãos, avaliados em linhagens F₆ de arroz provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência e Nipponbare. CGF-FAEM/UFPeI, Pelotas – RS, 2020..... 55
- Tabela 2.2.** Significância do teste Qui-Quadrado para a formação dos pares canônicos. CGF-FAEM/UFPeI, Pelotas – RS, 2020..... 56
- Tabela 2.3.** Cargas canônicas entre caracteres de qualidade de grãos (grupo 1) e caracteres agronômicos (grupo 2), analisados em linhagens F₆ provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência e Nipponbare. CGF-FAEM/UFPeI, Pelotas – RS, 2020..... 58

Sumário

Resumo	5
Abstract	6
Lista de figuras	7
Lista de tabelas	10
Introdução geral	13
Capítulo 1: Revisão bibliográfica	16
1.1. Aspectos taxonômicos, genéticos, morfológicos e origem do arroz	17
1.2. Melhoramento genético do arroz	18
1.3. Qualidade de grãos de arroz	20
1.4. Características morfológicas e físico-químicas do grão de arroz	21
1.5. Qualidade culinária do arroz.....	22
1.5.1. Teor de amilose aparente	23
1.5.2. Temperatura de gelatinização.....	24
1.6. Qualidade industrial do arroz.....	25
1.6.1. Grãos vítreos e gessados	26
1.6.2. Grãos rajados.....	28
1.6.3. Grãos inteiros e quebrados	29
1.7. Análises estatísticas	30
1.8. Melhoramento genético visando a qualidade de grãos	35
1.9. Referências Bibliográficas	36
Capítulo 2: Correlações lineares e canônicas em caracteres de qualidade de grãos e agrônômicos em linhagens endogâmicas recombinantes de arroz irrigado	48
2.1. Introdução	49
2.2. Material e Métodos	50
2.2.1. Constituições genéticas	50
2.2.2. Manejo e delineamento experimental	51
2.2.3. Caracteres avaliados	51
2.2.3.1. Morfológicos (de campo)	51
2.2.3.2. Componentes de rendimento (laboratório)	51
2.2.3.3 Qualidade de grãos (laboratório)	52
2.2.4. Análises estatísticas.....	53
2.3. Resultados e discussão.....	53

2.4. Conclusões.....	62
2.5. Referências Bibliográficas	63
Capítulo 3: Seleção de linhagens promissoras de arroz irrigado utilizando modelos mistos	69
3.1. Introdução	70
3.2. Material e Métodos	71
3.2.1. Genótipos, manejo e delineamento experimental	71
3.2.2. Caracteres avaliados	73
3.2.2.1. Agronômicos	73
3.2.2.2. Qualidade de grãos.....	73
3.2.3. Análises estatísticas.....	74
3.3. Resultados e discussão.....	74
3.4. Conclusões.....	92
3.5. Referências Bibliográficas	92
Capítulo 4: Distância genética entre linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) de arroz irrigado	98
4.1. Introdução	99
4.2. Material e Métodos	100
4.2.1. Genótipos, manejo e delineamento experimental	100
4.2.2. Caracteres avaliados	101
4.2.3. Análises estatísticas.....	102
4.3. Resultados e discussão.....	102
4.4. Conclusões.....	109
4.5. Referências bibliográficas	109
Considerações finais	114
Referências (Introdução Geral)	115
Vita	117

Introdução geral

Um dos cereais mais importantes mundialmente, destinado à dieta humana, é o arroz (*Oryza sativa* L.). Cultivado em diversas áreas agricultáveis, em diferentes ecossistemas, responde pelo suprimento de 20% das calorias consumidas diariamente, sendo a base alimentar de mais da metade da população mundial, principalmente nos países em desenvolvimento (SOSBAI, 2018). Devido a sua importância econômica e social, programas de melhoramento buscam novas tecnologias e estratégias com o objetivo de atender às crescentes demandas trazidas pelo aumento populacional. Levando em conta alta performance produtiva aliada a caracteres de interesse culinário, visando as necessidades e preferência dos consumidores (BAO, 2019).

A produção mundial de arroz na safra 2018/2019 foi de 490 milhões de toneladas (t), em 162,7 milhões de hectares (ha) de área cultivada, com produtividade média de 4.510 kg ha⁻¹. Este cereal é cultivado em todos os continentes, destacando em primeiro lugar o asiático, com produção equivalente a 90% da mundial, e a China liderando o ranking (USDA, 2018). O continente americano fica em segundo lugar, com o Brasil liderando o ranking de produção, sendo que na safra 2018/2019 produziu 11,2 milhões de toneladas de arroz, numa área de 1,8 milhões ha. Dentre os estados, o Rio Grande do Sul se destaca como o maior produtor, com 7,88 milhões toneladas de arroz produzidos sob sistema de irrigação por inundação (CONAB, 2018).

Ao se observar os dados de produção percebe-se que o arroz apresenta papel imprescindível na segurança alimentar mundial, porém essa está ameaçada pelas atuais mudanças climáticas, ocorrentes devido a décadas de práticas humanas inapropriadas ambientalmente (QIAN et al., 2016). Isto faz com que as culturas cultivadas sejam mais propensas a estresses, o que pode levar a perdas na produtividade. A cada ano busca-se por genótipos de arroz que apresentam melhor resposta a estresses bióticos e abióticos e produtivos, tendo em conta também a qualidade de grãos do arroz (PANG et al., 2016; BIRLA et al., 2017), indispensável para a comercialização do produto.

Outra causa de menores ganhos em produtividade na cultura do arroz é o estreitamento da base genética das populações. Isto, devido a reduzida distância genética entre os genitores utilizados para a formação de novos genótipos

(MAGALHÃES JÚNIOR et al., 2015; RANGEL et al., 2000). Sendo assim, a variabilidade genética torna-se fator preponderante para o sucesso dos programas de melhoramento. Uma das estratégias para a ampliação da variabilidade é a hibridação. Na cultura do arroz, o cruzamento entre subespécies diferentes é uma abordagem utilizada em programas de melhoramento para integrar caracteres almejados pelo melhorista na formação de genótipos superiores (MAO et al., 2017). A partir deste cruzamento haverá a formação de uma população segregante, com variabilidade genética e elevada probabilidade de identificação de indivíduos transgressivos. Ademais, esta população auxiliará em diversas pesquisas dentro do programa.

Após a formação de uma população de melhoramento, de modo a facilitar a tomada de decisão e a pesquisa nos programas, o embasamento estatístico, por meio da utilização de modelos biométricos, torna-se importante ferramenta para atribuir precisão aos resultados (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Aliado a isto, o estudo de correlações fenotípicas, genéticas e canônicas apresenta relevância por amparar na identificação das modificações que a seleção sobre um caráter ou grupo de caracteres proporciona em outros caracteres ou grupo de caracteres (CRUZ et al., 2012; SANTOS et al., 2017). O que colabora para a seleção indireta de caracteres de interesse.

Já, para identificação e seleção de genótipos promissores, que poderão ser lançados no mercado ou empregados em blocos de cruzamento dentro de um programa de melhoramento, o uso de modelos mistos tem se mostrado ferramenta promissora na pesquisa (CARVALHO et al., 2016). E métodos multivariados, tais como, análise de fatores, métodos aglomerativos e redes neurais artificiais podem ser aplicados na predição da distância genética entre genótipos (SANT'ANNA et al., 2015; STRECK et al., 2017).

Portanto, este estudo teve como objetivo principal a identificação de correlações lineares fenotípicas e genotípicas e avaliação das correlações canônicas, seleção de linhagens promissoras e caracterização da distância genética de linhagens endogâmicas (RILs) de arroz irrigado proveniente do cruzamento entre duas subespécies distintas de arroz, *indica* e *japonica*. Os objetivos específicos são:

- 1) identificar correlações lineares fenotípicas e genotípicas entre caracteres de qualidades de grãos e caracteres agrônômicos em linhagens de arroz;

- 2) avaliar as correlações canônicas entre grupos de caracteres de qualidade de grãos e caracteres agronômicos em linhagens de arroz;
- 3) selecionar linhagens de arroz promissoras para compor blocos de cruzamento provenientes do cruzamento entre genótipos BRS Querência e Nipponbare;
- 4) detectar a variabilidade genética de uma população de linhagens endogâmicas recombinantes de arroz irrigado;
- 6) selecionar linhagens com maior distância genética de uma população de linhagens endogâmicas recombinantes de arroz irrigado.

Capítulo 1: Revisão bibliográfica

1.1. Aspectos taxonômicos, genéticos, morfológicos e origem do arroz

O arroz é a terceira maior cultura cerealífera do mundo, em produção de grãos, estando atrás apenas do milho e trigo (CHAVES et al., 2016). Pertence à Família Poaceae, subfamília Pooideae, tribo Oryzae e gênero *Oryza* (NCBI taxonomy, 2019). As tribos de gramíneas presentes atualmente podem ter evoluído de um ancestral hipotético com $n=6$, sendo que a tribo Oryzae, possui cromossomos $n=12$, provavelmente originados por duplicações cromossômicas deste ancestral (MAGALHÃES JÚNIOR et al., 2004). Esta tribo contém o gênero *Oryza*, composto por aproximadamente 23 espécies (VAUGHAN e CHANG, 1995; ZHAO et al., 2009), e dessas, somente duas são cultivadas: *Oryza glaberrima* Steud. e *Oryza sativa* L., arroz cultivado africano e asiático, respectivamente (BUSO et al., 1998; PEREIRA; MORAIS, 2014).

Alguns autores sugerem que as duas espécies cultivadas de arroz (*Oryza glaberrima* e *Oryza sativa*) apresentam um mesmo ancestral comum, sendo ele o arroz *Oryza perennis* (MAGALHÃES JÚNIOR et al., 2004). Entretanto, *O. rufipogon* e sua forma anual *O. nivara*, tem também sido sugeridos como o ancestral (KHUSH, 1997; Yamanaka et al., 2003). Uma ou múltiplas origens do *O. sativa* tem sido proposta, e diferentes linhas com evidências genéticas suportam hipóteses conflitantes na origem desta espécie domesticada, porém até o momento não há um consenso quanto a conexão evolucionária entre eles. Mesmo que apresentem um ancestral qualquer comum, as formas de domesticação destes tipos cultivados parecem ter ocorrido de forma paralela e independente (MAGALHÃES JÚNIOR et al., 2004; SANG; GE, 2007; GROSS; ZHAO, 2014; SINGH; VENKATESAN; SWARNAM, 2018). Relatos históricos, arqueológicos, mencionam que o centro de origem do *Oryza sativa* seja os Vales dos Rios Yangtze e Mekong no continente asiático e os centros de diversidade no sopé dos Himalaias, Chhattisgarh, Jeypore trato de Odisha, nordeste da Índia, partes do Norte de Mianmar e Tailândia e Província de Yunnan da China (PATRA et al., 2016).

Oryza sativa L. é considerada como uma gramínea semi-aquática anual, adaptada às mais diversas condições edafoclimáticas, devido ao processo evolutivo

(HEMAMALINI et al., 2000; TERRA et al., 2013). Morfologicamente a planta se caracteriza por suas raízes fibrosas e do tipo adventícias, colmos ocos, formados por nós e entrenós (responsável pela altura da planta). As folhas variam entre os genótipos, tanto em número como forma e tamanho, sendo que a última folha é denominada como folha bandeira. Apresenta inflorescência denominada panícula, compostas de flores reduzidas e cariopses especializados como frutos, sendo eles os grãos (MAGALHÃES JÚNIOR et al., 2004; SOUZA et al., 2015).

Em virtude do processo evolutivo e de domesticação do arroz asiático é possível verificar o surgimento de cinco tipos geneticamente divergentes, incluindo aromáticos, *aus*, *indica*, *japonica* tropical e *japonica* temperada (CHOI et al., 2019). Os tipos *indica* e *japonica* apresentam um isolamento reprodutivo inicial, sendo consideradas subespécies (SINGH; VENKATESAN; SWARNAM, 2018). Além de apresentarem resposta diferenciada em relação a estresses abióticos (KATO et al., 1928; OKA, 1988; SWEENEY; MCCOUCH, 2006b), tais como, baixas temperaturas, seca e salinidade (MACKILL et al., 1996; OKA; MORISHIMA, 1997). Ademais também apresentam diferenças no tamanho e forma de grãos, teor de amilose, temperatura de gelatinização e percentagem de gessamento, caracteres estes relacionados à qualidade de grãos (CHENG et al., 2002; OLSEN et al., 2006). Por apresentarem certas peculiaridades e por serem distintas entre si, estas duas subespécies tornam-se essenciais para a ampliação da variabilidade genética em programas de melhoramento de arroz (MAO et al., 2017).

1.2. Melhoramento genético do arroz

É indiscutível que a prática do melhoramento genético de plantas teve influência dos trabalhos de dois biólogos: Charles Darwin e Gregor Mendel, Darwin buscando hipóteses para explicar o processo evolucionário das espécies e Mendel com a elaboração das leis da segregação (MOREIRA, 2014; NOBREGA, 2017). Sendo assim, com o avanço da genética, o melhoramento genético, voltado para observação das diferenças entre as plantas, torna-se mais ciência e menos arte (TERRES et al., 2004). Estes trabalhos clássicos contribuíram e continuam contribuindo de forma significativa para o incremento na produtividade das principais espécies cultivadas (RAMALHO; CARVALHO; ABREU, 2017), estando o arroz entre elas.

Uma das maiores contribuições da genética para o incremento de produtividade do arroz foi a descoberta do alelo recessivo para porte baixo, presente nos genótipos chineses *Dee-geo-woon-gen* e *I-geo-tez*. A introdução deste alelo em outros genótipos de arroz provocou a denominada revolução verde do arroz. Este alelo permitiu diminuir o porte do arroz sem afetar negativamente as características das panículas e espiguetas, elevando o potencial produtivo (KUSH, 2001). No Brasil, a pesquisa na área de melhoramento genético de arroz teve maior impacto a partir de meados da década de 70, quando foram criadas empresas de pesquisa, como por exemplo a Embrapa, e o salto na produtividade foi observado com a introdução do genótipo IR8, caracterizado como semi-anão (RAMALHO et al., 2012).

No Brasil, a partir da década de 80, começou-se a observar ganhos reduzidos de produtividade da cultura do arroz devido a substituição dos genótipos tradicionais de porte alto, pelos genótipos modernos de porte baixo e elevado rendimento (BORGES et al., 2009; BRESEGHELLO et al., 1999). A principal causa dos menores ganhos em produtividade é o estreitamento da base genética das populações, devido a reduzida distância genética entre os genitores utilizados para a formação de novos genótipos (MAGALHÃES JÚNIOR et al., 2015; RANGEL et al., 2000), e esse fato pode resultar na suscetibilidade de genótipos à estresses bióticos e abióticos.

Com o intuito de ampliar a variabilidade genética, a hibridação entre subespécies diferentes (*indica-japonica*), torna-se uma importante estratégia de melhoramento, por apresentar potencial de burlar o estreitamento da base genética das populações e consequentemente atender as diretrizes de programas de melhoramento, que compreendem elevar a produtividade (ASHOK; JYOTHULA; RATNABABU, 2017).

A cada ano novas cultivares são lançadas no mercado, principalmente aquelas mais produtivas e que apresentam melhor resposta a estresses bióticos e abióticos. No entanto, a qualidade dos grãos muitas vezes é deixada em segundo plano (BIRLA et al., 2017; PANG et al., 2016).

No Brasil, com a criação de padrões de qualidade de arroz, sendo esses baseados em atributos físicos e químicos dos grãos, levaram ao estabelecimento de estratégias específicas de melhoramento, com o objetivo de lançamento de genótipos que atendam as diferentes demandas de mercado (FERREIRA et al., 2005). No entanto, o desenvolvimento de novos genótipos com características superiores que possuam máxima produtividade, mas também elevada qualidade é o maior desafio

para os melhoristas, não existindo ainda técnicas consolidadas de melhoramento genético relacionadas a qualidade, principalmente pela pressão de seleção sobre esses caracteres ser recente nos programas (STRECK et al., 2018). De fato, a qualidade dos grãos do arroz é um fator determinante do preço de mercado e da aceitação pelo consumidor, sendo atualmente alvo de estudos/pesquisas.

1.3. Qualidade de grãos de arroz

A qualidade do arroz é uma característica peculiar aos padrões estabelecidos nos diferentes países, dependente dos padrões culturais e da sua forma de utilização na culinária (CALINGACION et al., 2014). Além disso, a qualidade do arroz, por ser dependente da aceitabilidade do consumidor, afeta o valor de mercado, dado que um arroz com maior qualidade é capaz de obter maior preço (PANG et al., 2016). A preferência do consumidor por esse cereal está associada a aspectos econômicos e tradicionais, variando de país a país e podendo variar até mesmo dentro de um mesmo país. No Brasil, o consumo de arroz pigmentado ocorre em pequenas áreas semiáridas nordestinas, sendo que a preferência nacional é pelo arroz branco (CONAB, 2015).

O conceito de qualidade do arroz apresenta-se como amplo e diferenciado, por depender da finalidade de consumo e do grupo étnico envolvido. Sendo assim, na determinação de qualidade de um genótipo devem-se considerar as demandas de todos os segmentos da cadeia produtiva. Desta forma, torna-se importante o conhecimento das características físico-químicas do grão do arroz e suas relações quanto a cocção e aparência, por definirem os padrões de qualidade no mercado (MINGOTTE et al., 2012). De maneira geral, a qualidade de grãos em arroz pode ser dividida em quatro aspectos: valor nutritivo, qualidade industrial, adequação do produto aos padrões de comercialização e qualidade culinária e sensorial (ANACLETO et al., 2015; BAO, 2014).

Para o consumidor, além das propriedades texturais do arroz, como por exemplo, maciez, cor, brilho e volume de expansão, outros aspectos importantes são considerados, e relacionam-se com a translucidez e a aparência do grão, sendo esses referentes a presença de áreas opacas, manchas e imperfeições, que depreciam o produto (FERREIRA et al., 2005; NIRMALADEVI et al., 2015). Em cenário nacional, devido a globalização da economia, o consumidor é muito exigente quanto à qualidade nos produtos em geral e nos alimentos de forma particular, e no caso específico do

arroz, não é diferente. A preferência é pelo branco polido, da classe longo-fino (subespécie *indica*), e que apresentem grãos macios e soltos após cozimento (STRECK et al., 2018).

Os atributos relacionados a qualidade do grão do arroz estão relacionados não apenas a fatores genéticos, mas também ambientais (CAMERON et al., 2008; HAKATA et al., 2012; LI et al., 2014; LYMAN et al. 2013; XU et al., 2015), e a interação desses atributos com o ambiente ainda é de difícil compreensão (SHI et al., 2002; ZHOU et al., 2009). Melhorar os atributos do grão é considerado um dos maiores obstáculos do melhoramento convencional. Para contornar esses problemas utilizando-se de métodos que facilitam e/ou aumentam a eficiência de seleção dentro dos programas de melhoramento, é necessário o conhecimento das características físico-químicas do grão do arroz referentes a qualidade culinária, bem como dos caracteres relacionados a qualidade industrial.

1.4. Características morfológicas e físico-químicas do grão de arroz

O arroz é composto por excelente fonte de energia, graças à alta concentração de amido, fornecendo também proteínas, vitaminas e minerais, além de possuir baixo conteúdo de lipídios (BASSINELLO; LUZ; FERREIRA, 2017). O grão de arroz evidencia diferentes propriedades físico-químicas, que é dependente do genótipo e da qualidade do amido, as quais influenciam nas suas propriedades culinárias (JULIANO; BECHTEL, 1985).

Morfologicamente, o grão do arroz constitui-se de uma camada protetora, a casca, que é composta de duas folhas modificadas, denominadas pálea e lema. A cariopse é formada por diferentes camadas, sendo a mais externa o pericarpo, seguidas do tegumento e da camada de aleurona. A camada de aleurona contém duas estruturas de armazenamento proeminentes, os grãos de aleurona (corpos proteicos) e os corpos lipídicos. O endosperma, maior constituinte do grão do arroz, apresenta células ricas em grânulos de amido e alguns corpos proteicos. O embrião ou gérmen está localizado na parte ventral na base do grão, apresenta estruturas denominadas: escutelo, epiblasto, plúmula e radícula, além disso, é rico em proteínas e lipídios (Figura 1.1) (WALTER; MAECHEZAN; AVILA, 2008).

O arroz é constituído principalmente por amido, apresentando quantidades menores de seus outros constituintes. A composição do grão está sujeita a diferenças devido à variação genotípica (CHAUDHARI et al., 2018), interação com o ambiente,

manejo da cultura, processamento no engenho e armazenamento (BASSINELLO; LUZ; FERREIRA, 2017; ZHOU et al., 2002), fazendo com que os grãos apresentem características diferenciadas. Além desses fatores, a não uniformidade de distribuição dos componentes químicos no grão é observada, sendo que as camadas externas apresentam maiores concentrações de lipídios, fibras, minerais, vitaminas e proteínas, enquanto que o centro é rico em amido.

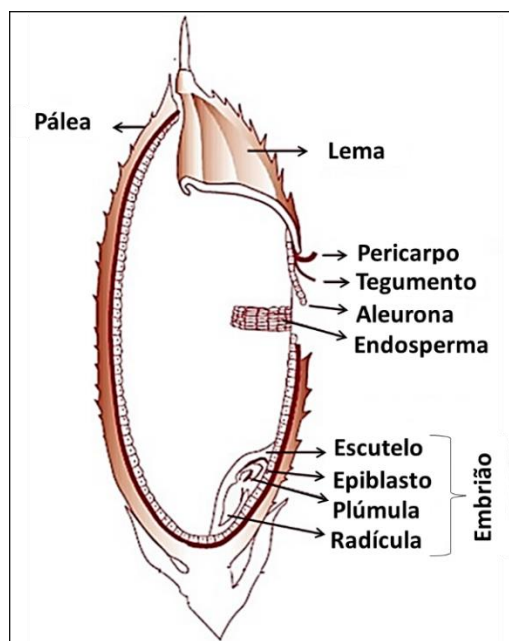


Figura 1.1. Estrutura do grão de arroz.

Fonte: Adaptado de MCLEAN et al., 2002.

Além das diferenças encontradas entre os genótipos de arroz em relação à composição química, as variadas formas de processamento também afetam os constituintes desse cereal (CHAUDHARI et al., 2018). As principais etapas do beneficiamento do arroz compreendem o descascamento, obtendo-se o arroz integral e posterior brunição e polimento, retirando-se parcial ou totalmente o embrião e a maior parte da camada de aleurona (CARVALHO et al., 2011). Sendo assim, o arroz branco é composto basicamente por amido, sendo esse a principal preferência do consumidor nacional.

1.5. Qualidade culinária do arroz

A qualidade de grãos de arroz está associada a diversos fatores, enquanto que qualidade culinária se reflete principalmente no perfil físico-químico do amido, por compreender cerca de 90% do total de matéria seca no grão polido (ANACLETO et

al., 2015), que influencia especialmente as transformações que ocorrem durante o cozimento e resfriamento dos grãos de arroz. Estas propriedades físico-químicas são influenciadas pelo conteúdo e estrutura dos dois essenciais constituintes do amido: amilopectina e amilose, e estão relacionadas com o teor de amilose aparente e temperatura de gelatinização do grão do arroz (KIM et al., 2018; PANG et al., 2016).

1.5.1. Teor de amilose aparente

A amilopectina é uma macromolécula altamente ramificada, a qual possui cadeias lineares mais curtas de ligações α -1,4 contendo de 10 a 60 unidades de glicose ligadas a cadeias laterais com 15 a 45 unidades de glicose com uma média de 5% de ligações α -1,6 nos pontos de ramificação (VAN DER MAAREL et al., 2002; WANG et al., 2015). A organização estrutural da amilopectina consiste em regiões sem ramificação alternadas com regiões altamente ramificadas, fazendo com que não apresente estrutura helicoidal. A amilopectina é o principal componente do endosperma do arroz, compondo de 70 a 80% do amido de estocagem, sendo esta estrutura responsável pela organização cristalina do amido granular (GALLANT et al., 1997).

Já a amilose é considerada um polímero linear, formada por uma cadeia de 250 a 300 unidades de glicose e unidas por ligações glicosídicas de α -1,4 (LIU, 2005; WANG et al., 2015). A molécula de amilose não possui ramificações, e assume no espaço, conformação helicoidal (BULÉON et al., 1998). No interior da hélice encontram-se átomos de hidrogênio, que a tornam hidrofóbica, permitindo que a amilose forme complexos com ácidos graxos livres e seus componentes glicerídicos, e também com alguns álcoois e iodo. A complexação da amilose com o iodo torna-se uma ferramenta importante de diagnóstico para caracterização do amido, e detecção e quantificação de amilose, cuja a reação revela coloração azul, pelo método colorimétrico, aferindo-se sobre o teor de amilose aparente (HU et al., 2015).

A diferença entre o teor de amilose aparente e o teor de amilose total resulta da quantidade de cadeias longas de amilopectina. Estas cadeias possuem a capacidade de se complexar com o iodo (BAO, 2019b) e também há a tendência da amilose se complexar com os ácidos graxos (KOALOUZU; BASSINELLO; CARVALHO, 2015; MORRISON; LAIGNELET, 1983). Isto faz com que não se consiga aferir sobre a amilose total, por esses fatores, define-se que o teor de amilose obtido é aparente.

O conteúdo de amilose não é um preditor direto de qualidade, uma vez que genótipos com o mesmo teor de amilose podem diferir neste quesito (BAO, 2019b; CHAMPAGNE et al., 1999). No entanto, a fração de amilose no grão do arroz é uma característica muito importante por estar relacionada com propriedades que conferem textura, cor, brilho, maciez, coesão, expansão e com o volume de absorção de água (MINGOTTE et al., 2012), determinando de forma indireta a qualidade culinária, uma vez que o arroz é consumido principalmente na forma cozida. O arroz pode ter diferentes quantidades de amilose de acordo com a seguinte classificação: grão ceroso (1-2%), baixo teor de amilose (3-19%), conteúdo intermediário de amilose (20-24%) e alto teor de amilose (>25%) (WANI et al., 2012).

O teor de amilose também difere entre as subespécies de arroz. A subespécie *indica* apresenta todos os tipos de classes de amilose, enquanto que a *japonica* geralmente evidencia teor de amilose baixo a intermediário. Ambas subespécies podem apresentar grãos cerosos, cujos grãos revelam endosperma opaco e, quando cozidos, apresentam-se úmidos, pegajosos, e com uma massa pastosa, sendo o amido quase totalmente formado por amilopectina. Além das variações genotípicas, o teor de amilose também varia devido a influência do ambiente, como local de cultivo do arroz, condições climáticas e do solo durante o desenvolvimento do grão, sendo o fator temperatura, durante a fase de enchimento de grãos, um dos mais importantes que afeta o teor de amilose (BAO, 2019b).

1.5.2. Temperatura de gelatinização

Além do teor de amilose, a temperatura de gelatinização, também conhecida como TG, é outro parâmetro utilizado como medida indireta da qualidade de arroz. É afetada pelo conteúdo de amilose do grão e refere-se à temperatura de cozimento necessária para a água ser absorvida e os grânulos de amido aumentarem irreversivelmente de tamanho, com simultânea perda de cristalinidade (BAO, 2019b). Geralmente a temperatura de gelatinização é estimada como o valor de dispersão dos grãos de arroz em solução alcalina, denominada digestão alcalina ou “*alkali-test*” (PANG et al., 2016), cujo o resultado expressa a temperatura de gelatinização, classificando-a como alta, intermediária e baixa (Figura 1.2).

A temperatura de gelatinização pode variar de 55°C a 79°C (BHATTACHARYA, 1979), e é nessa temperatura que os grãos de amido começam a absorver água durante o cozimento, iniciando o processo de amolecimento. A TG é o teste que avalia

a resistência do grão ao cozimento, sendo que o amido é o fator preponderante para determinar o tempo total deste processo (CUEVAS et al., 2010).

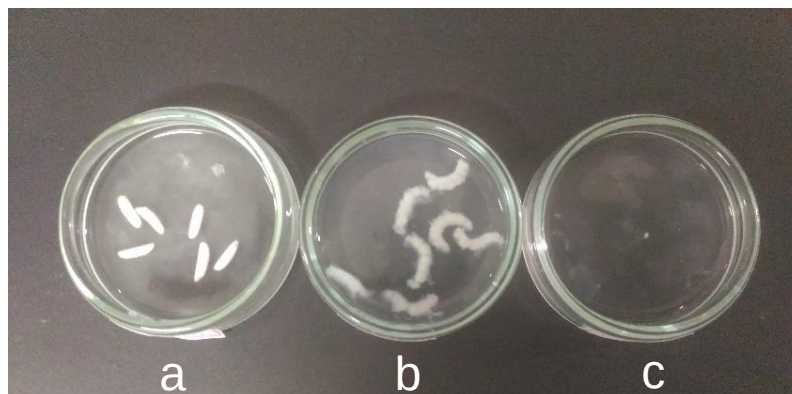


Figura 1.2. Dispersão dos grãos de arroz em solução alcalina. (a) alta, (b) intermediária e (c) baixa temperatura de gelatinização.

Fonte: Repositório pessoal.

Os grãos que apresentam amido com baixa TG (entre 55°C e 68°C) e intermediária (entre 69°C a 74°C) são cozidos por completo utilizando menor quantidade de água em um menor tempo de cocção. Já os grãos de arroz que revelam alta TG (em torno de 77°C e 80°C), iniciam a absorção e a dissolução em água sob altas temperaturas e requerem mais água e maior tempo de cocção do que aqueles com baixa TG. Quando a TG é alta, problemas de cocção, principalmente relacionados com o centro do grão mal cozido são mais facilmente encontrados, em geral permanecendo semiduros após o cozimento e causando certo desconforto quando mastigados (FERREIRA et al., 2005; PAGNAN; BASSINELLO; PRUDENCIO, 2015).

A temperatura de gelatinização é uma característica intrínseca de cada genótipo. Além disso, é influenciada por fatores ambientais (BAO, 2019b; MINGOTTE; HANASHIRO; FORNASIERI FILHO, 2012), tais como a temperatura, principalmente durante a fase de enchimento de grãos (SUZUKI et al., 2003). As mudanças na TG correspondem a mudanças na estrutura da amilopectina (BAO, 2019b; INOUCHI et al., 2000; UMEMOTO et al., 1999).

1.6. Qualidade industrial do arroz

A qualidade industrial dos grãos apresenta relação direta com o valor do produto no mercado brasileiro e preconiza o rendimento de grãos inteiros e a aparência dos grãos, que leva em conta os defeitos gerais (gessados e rajados) (BAO,

2014; CRUSCIOL et al., 2008). Para a comercialização do arroz necessita-se de um produto final com rendimento satisfatório de grãos inteiros, grãos translúcidos e sem manchas, sendo então, os parâmetros mais procurados pela indústria para atender as exigências do consumidor (FITZGERALD; MCCOUCH; HALL, 2009a).

1.6.1. Grãos vítreos e gessados

Um grão de arroz é composto da pálea e lema (casca), farelo (camadas que contém fibras, vitaminas, minerais e aminoácidos), embrião e endosperma. No processo de beneficiamento a casca do arroz é retirada, expondo o arroz integral, e após passar pela etapa de polimento, o farelo é retirado, evidenciando o endosperma do arroz, esse é denominado arroz branco, a principal forma consumida em muitos países, incluindo o Brasil. A partir desse procedimento e com o seu endosperma exposto é possível observar a forma e tamanho do grão e sua aparência, levando em conta a coloração e translucidez (ZHOU; YUN; HE, 2019). Sendo assim, a aparência dos grãos torna-se crucial para aceitabilidade do produto no mercado (BAO, 2014), pois causa o primeiro impacto, enquanto que a qualidade culinária envolve a satisfação final do consumidor pelo produto.

O arroz asiático cultivado (*Oryza sativa* L.) tem ampla variabilidade genética, e a aparência dos grãos é uma característica que reflete essa variabilidade. O arroz, inicialmente cultivado no continente Asiático, foi disseminado à várias áreas agricultáveis do globo terrestre, sendo naturalmente selecionado em diferentes ambientes, além da seleção artificial, fazendo com que se tenha grãos com aparência variável, principalmente em relação ao tamanho (ZHOU; YUN; HE, 2019). No arroz cultivado, o comprimento varia de 3 a 11 mm e a largura de 1,2 a 3,8 mm (FITZGERALD; MCCOUCH; HALL, 2009a; HUANG et al., 2013). Em relação a coloração, o arroz integral pode apresentar muitas cores, cujas a mais comum é o marrom, seguido pelo vermelho e o preto (FURUKAWA et al., 2007; OIKAWA et al., 2015; SWEENEY et al., 2006a).

A boa aparência dos grãos também está relacionada com grãos vítreos e a translucidez do endosperma, determinados de acordo com o arranjo das moléculas de amido e proteína, dispostas de maneira compacta e sem espaço de ar, e isso é uma característica desejável para maioria dos segmentos da indústria do arroz (BAO, 2014). Pontos opacos no endosperma depreciam o produto, exceto em genótipos com teor de amilose muito baixo (0% - 2%) e com gessamento em todo grão, que atende

um nicho diferenciado de mercado, o dos tipos especiais (BAO, 2014; ZHOU; YUN; HE, 2019).

Os grãos gessados são aqueles que apresentam parte opaca do endosperma do arroz (LONDERO et al., 2015). Grãos nesta condição possuem diferente morfologia celular, que é decorrente de um distúrbio proveniente no momento do arranjo das moléculas de amido e proteínas, que se organizam de maneira não compacta, tendo o espaço entre as moléculas preenchido com ar (CHUN et al, 2009). Estes espaços difratam a luz, o que torna o grão com aspecto opaco. Além disto, os grãos gessados apresentam menor teor de amilose, e consequentemente maior teor de amilopectina, porém menor proporção de amilopectina de cadeia longa ramificada (PATINDOL; WANG, 2003), o que pode interferir na qualidade culinária do produto.

Em termos de qualidade culinária, o gessamento proporciona nos grãos menor consistência de gel (relacionado a textura do arroz cozido e o seu comportamento após resfriamento), e temperatura de gelatinização superior quando comparada ao arroz translúcido e vítreo. Além disso, pesquisadores observaram que o gessamento no grão está relacionado com a diminuição do sabor, o que faz com que seja uma característica desfavorável tanto para a produção quanto para as demandas de mercado (ZHOU; YUN; HE, 2019).

O gessamento é uma característica controlada por muitos genes, regulado através de vias metabólicas complexas e facilmente afetadas por condições ambientais (PENG et al., 2014). A área gessada e a transparência final são fatores determinados pelos fotoassimilados acumulados durante todo o ciclo de desenvolvimento da planta de arroz, que por sua vez é afetado por condições climáticas adversas, como por exemplo elevadas temperaturas (LONDERO et al., 2015). Ademais, há a dependência de efeitos genéticos no acúmulo de fotoassimilados durante a fase de enchimento de grãos, o que é inerente a cada genótipo (SHI et al., 2002).

Os grãos gessados geralmente são encontrados nas ráquis secundárias das panículas (LISLE et al., 2000), que por sua vez iniciam o desenvolvimento tardiamente quando comparados aos grãos presentes na ráquis primária (MOHAPATRA et al., 1993; YANG et al., 2006). Isto implica num enchimento de grãos mais lento e faz com que a síntese do amido cesse antes da conclusão, o que resulta em grânulos de amido pequenos, sem o completo desenvolvimento, e com espaço de ar entre eles, resultando em grãos gessados (FITZGERALD; RESURRECCION, 2009b). Além disto,

os espaços de ar nos grãos gessados possibilitam que esses sejam facilmente quebrados no beneficiamento (BAO, 2019a).

1.6.2. Grãos rajados

Para facilitar a comercialização do arroz beneficiado, bem como proteger o consumidor, a aparência dos grãos torna-se um parâmetro de suma importância por levar em consideração fatores de qualidade associados à limpeza, uniformidade, condições sanitárias e pureza do produto. O arroz para comercialização é classificado em classes e tipos. As classes enquadram os grãos do arroz com base nas dimensões dos grãos inteiros após o descasque e polimento. Os tipos são expressos numericamente e definidos a partir dos percentuais de defeitos e de grãos quebrados. Os defeitos são classificados como graves (contaminação do produto por matérias estranhas, grãos mofados e ardidos) ou gerais (grãos manchados, picados, amarelos, gessados e rajados) (CASTRO et al., 1999; FERREIRA et al., 2005).

O arroz vermelho é uma das principais plantas daninhas que limitam o potencial produtivo do arroz nas áreas orizícolas no Rio Grande do Sul (OLIVEIRA et al., 2014), e a presença de sementes desta planta daninha junto aos grãos colhidos do arroz é responsável pelos grãos rajados no produto industrializado. Já que mesmo após as etapas de brunimento e polimento, estes grãos polidos apresentam estrias vermelhas, e apesar de possuírem essa característica peculiar, não há facilidade de separação nas etapas seguintes da linha beneficiamento, comprometendo o visual do produto final.

O arroz vermelho pode ser dividido em dois grupos distintos, arroz vermelho cultivado e o daninho ou espontâneo. As diferenças entre esses dois grupos são sutis, enquanto que o cultivado passou por longo processo de seleção, o daninho passou por processo de seleção negativa. Com isso observa-se características agrônômicas superiores no cultivado, como panículas maiores e maior quantidade de grãos, enquanto que o espontâneo apresenta longas aristas, dormência e degrane (PEREIRA; MORAIS, 2014). Atualmente esse tipo de arroz ainda é cultivado e consumido, por exemplo, por pequenos agricultores no nordeste brasileiro (MENEZES et al., 2011).

O arroz vermelho daninho, morfologicamente, assemelha-se em alguns aspectos com os genótipos de arroz branco, o que dificulta sua identificação a campo (MALONE et al., 2007), além de possuir necessidades fisiológicas por água, luz e

nutrientes muito similares. O arroz vermelho daninho, a campo, apresenta degrane natural e maior rusticidade o que permite melhor resistência a condições climáticas adversas, e isso, possibilita que lotes de arroz branco se contaminem com o arroz vermelho, depreciando a qualidade comercial dos lotes. O arroz vermelho daninho possui a pálea e a lema muito aderidas no grão, o que desencadeia elevadas percentagens de quebra no processo de beneficiamento, o que não é interessante para a indústria e consumidor (MENEZES et al., 2011).

Além de prejudicar na aparência dos grãos e na alta percentagem de grãos quebrados após o beneficiamento, comprometendo a qualidade industrial, as características de natureza culinária também são afetadas pela presença do arroz vermelho daninho. O arroz vermelho possui menor teor de amilose, levando a uma grande absorção de água, o que vai contra as exigências do consumidor brasileiro, além de requerer um tempo maior para o cozimento (PEREIRA, 2004; PEREIRA et al., 2007). Isto atrapalha na uniformidade do produto final destinado ao consumidor.

1.6.3. Grãos inteiros e quebrados

A maior parte do arroz comercializado e consumido está na forma de grãos polidos, sendo, portanto, a integridade física dos grãos o primeiro aspecto visualizado pelos consumidores (FITZGERALD, 2017). A principal causa da quebra dos grãos durante o processo de beneficiamento não é o processo em si, e sim os defeitos presentes no grão quando este entra no moinho, sendo o fator preponderante as fissuras. O grão de arroz, devido a sua estrutura física, é mecanicamente forte, porém suscetível a estresses que podem ocorrer no campo ou no processo de secagem, induzindo a ocorrência de fissuras (BHATTACHARYA, 2013).

A quebra de grãos está associada a dinâmica da umidade no processo de hidratação e desidratação, umidade do grão na colheita, processo de secagem na pós-colheita, maturação dos grãos e gessamento (grãos imaturos e gessados são mais propensos a quebra durante o processo de beneficiamento) (BALINDONG et al., 2018). A quebra dos grãos também tem influência das condições climáticas adversas como a temperatura durante a fase de enchimento (LIN et al., 2010), assim como a adubação nitrogenada, que reduz percentagem de grãos quebrados (GU et al., 2015). O teor de proteína, segundo maior componente do grão de arroz, depois do amido, bem como os outros fatores, participa no desempenho no beneficiamento de grãos, e interfere no percentual de inteiros e quebrados (BALINDONG et al., 2018;

LEESAWATWONG et al., 2005). Além da quebra dos grãos estar relacionada a fatores genéticos, associados ao comprimento de panícula e número de afilhos por planta (IKEDA et al., 2010; LONDERO et al., 2015).

O grão de arroz quebra devido as linhas de fraqueza formadas dentro dele (SWAMY; BHATTACHARYA, 1982). Quando estes são submetidos a forças mecânicas há a formação de fraturas ao longo das fissuras existentes, fazendo com que haja quebra no grão (CNOSSEN; JIMENEZ; SIEBENMORGEN, 2003). A transição vítrea é o processo que mais contribui para que ocorram as fissuras (CNOSSEN; SIEBENMORGEN, 2000; PERDON; SIEBENMORGEN; MAUROMOUSTAKOS, 2000), e é conceituada como transição de segunda ordem, de um estado sólido (vítreo), para um estado emborrachado, mais fluido, sendo sua principal consequência o aumento da mobilidade molecular (AZEREDO, 2005). Um grão de arroz é composto principalmente de amido, que apresenta estrutura semicristalina, e a temperatura ambiente irá influenciar nessa estrutura, principalmente se estiver acima da temperatura de transição vítrea. Caso ocorra, o amido estará em estado elástico e as macromoléculas terão maior volume livre e maior velocidade de difusão de água para a parte externa do grão, e este gradiente de concentração de água pode causar estresses e levar a fissuras e quebras (CNOSSEN; SIEBENMORGEN, 2000; PERDON; SIEBENMORGEN; MAUROMOUSTAKOS, 2000).

O grão quebrado interfere de forma negativa no visual de uma amostra de arroz, isso porque a quebra ocorre através das células (SWAMY; BHATTACHARYA, 1982), graças a isso, o amido se desprende facilmente dos grãos quebrados durante o cozimento formando uma “cola” ao redor dos grãos cozidos, o que posteriormente torna-se difícil a remoção da camada pegajosa do fundo da panela (FITZGERALD, 2017). Com isso, a proporção de grãos inteiros torna-se um traço chave na qualidade de grãos, sendo indispensável sua avaliação e estudo em programas de melhoramento genético, pois a diminuição de grãos quebrados irá contribuir para a comercialização e a aceitabilidade do consumidor.

1.7. ANÁLISES ESTATÍSTICAS

No melhoramento genético a obtenção de genótipos superiores é considerada uma tarefa árdua e de suma importância. Apresenta-se por ser onerosa e com elevado custo. De modo a otimizar a obtenção dos genótipos superiores, a seleção precoce

de plantas, até mesmo no campo, sendo estas com elevada qualidade de grãos, agiliza os processos e etapas do melhoramento genético de plantas. Diante disto, ferramentas estatísticas são utilizadas para fornecer ao melhorista resultados que auxiliarão na busca dos melhores genótipos.

Diante do exposto, a seleção de genótipos superiores apresenta o objetivo de identificação simultânea de vários caracteres. O conhecimento das correlações fenotípicas e genéticas torna-se importante por auxiliar a seleção de um ideótipo de planta mais adequado às exigências de uma agricultura moderna e competitiva (COIMBRA et al., 2000). A correlação genética prediz o nível de expressão para uma característica através da estimativa de outra, sendo importante, no entanto, para a construção de índices de seleção e o entendimento da ação gênica (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Além de amparar a seleção simultânea dos caracteres, as correlações, são primordiais quando o caráter de interesse revela baixa herdabilidade ou apresenta difícil mensuração. O estudo dos caracteres correlacionados maximiza a eficiência dos programas de melhoramento, pois possibilita ao melhorista obter progressos mais rápidos pela seleção indireta do caráter desejado (NARDINO et al., 2016).

Já análise de correlação canônica é utilizada para verificar as interrelações existentes entre dois grupos caracteres (CRUZ; REGAZZI, 1997), sejam eles fenológicos, morfológicos, produtivos, nutricionais e de qualidade de grãos (ALVES et al., 2016). A grande vantagem desta técnica é o suporte cedido ao melhorista, principalmente em estudos que envolvam mais de uma variável dependente. Isto, de certa forma, permite que os esforços sejam dirigidos para caracteres de alta herdabilidade, fácil mensuração e menos complexos, na produção de grãos (COIMBRA et al., 2000).

A correlação canônica tem por finalidade determinar uma correlação linear para cada grupo de variáveis que maximize a correlação entre os dois grupos (WITTEN; TIBSHIRANI, 2009). É uma técnica adequada quando o objetivo é analisar muitos caracteres ao mesmo tempo, e apresenta, também, alto potencial para fins preditivos (HAIR et al., 2009). A análise de correlação canônica caracteriza-se por avaliar relações entre dois grupos, influenciados, por no mínimo dois caracteres em cada grupo, considerando que o primeiro grupo é estabelecido por p caracteres e o segundo por q . O número de correlações canônicas é igual ao menor número de caracteres que constitui um dos grupos (p ou q) e a magnitude representada de forma

decrecente com a ordem em que são estimadas. O primeiro coeficiente, em valor absoluto, é sempre maior ou igual a qualquer coeficiente de correlação múltipla ou simples, entre os caracteres do primeiro e do segundo grupo. No entanto, as inferências de preferência devem ser realizadas com base no primeiro par canônico significativo (CRUZ; REGAZZI, 1997; ALVES et al., 2016).

O uso de modelos mistos vem ganhando mais espaço na avaliação estatística de genótipos em ensaios de melhoramento genético. Estas técnicas permitem uma estimativa mais robusta e precisa dos parâmetros genéticos e ambientais, bem como a predição de valores genotípicos de uma forma menos tendenciosa (SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005).

A predição dos valores genotípicos é essencial em programas de melhoramento, por ampararem a seleção de genótipos superiores em várias espécies cultivadas. Para isso o RELM/BLUP (do inglês, *Residual or Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction*) apresenta-se como excelente ferramenta estatística, por lidar principalmente com dados desbalanceados, e por revelar as estimativas e previsões de forma mais precisa dos parâmetros genéticos e valores genotípicos, respectivamente (RESENDE, 2016).

Aponta-se, portanto, como um procedimento que permitem maior flexibilidade na modelagem estatística, tornando-se, deste modo, um procedimento padrão para análises estatísticas (DUARTE; VENCOSKY, 2001). Um dos obstáculos na seleção de genótipos superiores é a interação genótipo x ambiente, dificultando a obtenção de ganhos genéticos (VENCOSKY; BARRIGA, 1992). Com isso, BLUP (do inglês, *Best Linear Unbiased Prediction* – melhor predição linear não viesada) vêm sendo utilizado, principalmente por apresentar respostas com base nos valores genotípicos preditos livres dos efeitos de ambiente (NETO et al., 2013).

Os valores genéticos são variáveis aleatórias não observáveis, preditas a partir dos valores fenotípicos observáveis. A predição deste valor pode ser feita de forma pontual ou intervalar. A predição pontual proporciona os resultados dos valores genéticos preditos, enquanto a intervalar engloba os intervalos de confiança dos valores genéticos, proporcionando uma recomendação mais segura dos indivíduos envolvidos. A predição de valores genéticos exige a prévia estimação dos componentes de variância e de parâmetros genéticos. Atualmente os componentes de variância podem ser estimados diretamente com as variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto, através do REML (RESENDE, 2002).

O BLUP estima efeitos fixos (média de blocos) através do método dos mínimos quadrados generalizados (técnica que se estima parâmetros desconhecidos num modelo de regressão linear). Considera as variâncias, sendo esta razão da maior confiabilidade de que a estimativa seja próxima do valor verdadeiro (acuidade). Este procedimento prediz os valores genéticos dos efeitos genéticos aleatórios como também dos efeitos aleatórios não-correlacionados incluídos no modelo (RESENDE, 2002). Apresentando-se, portanto, como uma ferramenta estatística valiosa para a seleção de genótipos superiores em uma população segregante.

O sucesso de um programa de melhoramento reside na existência de variabilidade na população de trabalho. Neste sentido, emprega-se estudos que envolvem diversidade genética, de modo a identificar indivíduos promissores para compor blocos de cruzamentos em programas de melhoramento genético. Além disso, auxiliam em aumentar as chances na busca de indivíduos superiores nas gerações segregantes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A divergência genética, no entanto, pode ser avaliada por métodos multivariados, tais análise como de fatores e métodos aglomerativos (como aplicado por NARDINO et al., 2017), e redes neurais artificiais (utilizado por BARBOSA et al., 2011).

A Análise de Fatores é um método estatístico multivariado recentemente aplicado em estudos agronômicos, com diversas finalidades (GRANATE et al., 2001). Inicialmente esta técnica foi desenvolvida e aplicada para o estudo de correlações positivas entre os mais diversos testes mentais aplicados à mesma pessoa. Neste método as variáveis iniciais são substituídas por fatores (variáveis latentes) e cada fator corresponde a um grupo cujo as variáveis iniciais estejam fortemente relacionadas entre si (GOULD, 1996). Comparando um sistema de matriz de correlações com um espaço multidimensional, os fatores podem ser considerados eixos de influências comuns a vários conjuntos de variáveis independentes, presentes dentro do espaço multidimensional da matriz. Aplicando-se a análise de fatores, este espaço multidimensional pode ser reduzido a um espaço com menos dimensões e com perda mínima de informações e maior facilidade de interpretação (GRANATE et al., 2001). A análise de fatores, portanto, é utilizada para a identificação de grupos de variáveis inter-relacionadas e assim, para a redução do número dessas (ARSHAD et al., 2010; VICINI, 2005).

Técnicas multivariadas de análise de agrupamento são ferramentas estatísticas que permitem reunir indivíduos em um determinado número de grupos, obtendo-se,

portanto, grande homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre eles. Entre os métodos de agrupamento, os mais utilizados são os de otimização e os hierárquicos (CRUZ et al., 2011). Métodos de otimização formam grupos adequando-se a um critério de agrupamento. O método de Tocher utiliza de um critério de agrupamento da distância média intragrupo sempre menor que a distância média intergrupo (VASCONCELOS et al., 2007). Já nos métodos hierárquicos de agrupamento, os indivíduos são alocados em grupos por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido um dendrograma, sendo este considerado a representação simplificada da matriz de dissimilaridade. Um dos principais métodos é o UPGMA (do inglês, *Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic averages*) (CRUZ et al., 2011).

O método *k-means* é considerado não hierárquico, o qual procura alocar os elementos de dados em grupos preliminarmente definidos, que representam os centros (centroide) de cada grupo. Além disso, tem como vantagem minimizar a soma dos quadrados residuais dentro de cada grupo que é formado, isto aumenta a homogeneidade dentro de cada grupo e simultaneamente aumenta a diferença entre eles (ALENCAR et al., 2013). O centroide de cada grupo formado pode ser a média ou a mediana de um conjunto de pontos. O objetivo do *k-means* é reduzir a distância entre cada ponto e o seu respectivo centroide (HAIR et al., 2009).

As redes neurais de Kohonen ou mapas auto-organizáveis (SOM, do inglês, *Self Organized Maps*), são utilizadas principalmente para análises de agrupamentos e possuem a vantagem de trabalhar com dados não lineares. Devido à sua estrutura não linear podem capturar características mais complexas dos dados. Apresentam-se, portanto, como um diferencial quando comparadas com as técnicas estatísticas tradicionais (GALVÃO et al., 1999; TIWARI; MISRA, 2011). Técnicas de análise de agrupamento, como as redes neurais artificiais, tem por objetivo dividir um grupo original de observações em vários grupos. Possibilita a homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. A maior vantagem deste método está no fato de as redes neurais artificiais não requererem informações detalhadas sobre os processos físicos do sistema a ser modelado (PEIXOTO et al., 2015; SUDHEER et al., 2003).

1.8. Melhoramento genético visando a qualidade de grãos

Com o constante crescimento populacional há a necessidade, por conseguinte também constante, do incremento da produção de alimentos. O melhoramento genético é uma das principais ciências com potencial de contribuir frente a este cenário, o qual também inclui escassez de áreas de cultivo e as correntes mudanças climáticas. De fato, o melhoramento genético vegetal tem auxiliado para aprimorar o padrão de nutrição da população, ampliar as exportações, e consequentemente, reduzir a necessidade de importação de alimentos (PEIXOTO; VILELA, 2018).

Assim, como os programas de melhoramento de diversas culturas cerealistas, o melhoramento genético de arroz tem por objetivo a incessante busca por genótipos mais produtivos, com tolerância a estresses bióticos e abióticos, e com melhor qualidade de grãos, visando a qualidade industrial e culinária, de modo a atender às necessidades da indústria, satisfazendo os padrões de consumo. Até os anos 80 a qualidade de grãos era uma característica denominada varietal, e, portanto, com pouca prevalência nos programas de melhoramento (BRESEGHELLO, 1995; RANGEL et al., 1996). De modo a atender as exigências internas e externas do mercado consumidor, o melhoramento da qualidade tornou-se tão importante quanto o aumento de produtividade, sendo atualmente decisivo para o registro e lançamento de uma cultivar comercial (RANGEL et al., 2000).

Com o estabelecimento dos padrões de qualidade do arroz ao longo dos anos, principalmente baseados nas propriedades físicas e químicas dos grãos, constata-se a necessidade do desenvolvimento de estratégias de melhoramento. A hibridação entre genitores contrastantes e a exploração da variabilidade genética mediada pela seleção de genótipos promissores continuam sendo estratégias utilizadas nos programas de melhoramento genético de arroz. Isto, devido ao sucesso considerável no desenvolvimento de genótipos produtivos e com qualidade de grãos e com isso, atendendo às demandas do consumidor. Entretanto, abordagens inovadoras devem ser encorajadas (BRESEGHELLO, 2013; JANWAN; SREEWONGCHAI; SRIPICHITT, 2013; LAU et al., 2016).

Sendo assim, a melhoria na qualidade do arroz, foco deste trabalho, visando especialmente os parâmetros principais exigidos para a comercialização do produto final, torna-se, portanto, extremamente notável para que nos programas de

melhoramento, sejam selecionados novos genótipos com alto rendimento industrial e aceitação dos padrões culinários de consumo do Brasil.

1.9. Referências Bibliográficas

ALENCAR, B. J. de; BARROSO, L. C.; ABREU, J. F. de. Análise Multivariada de Dados no Tratamento da Informação Espacial: uma abordagem com análise de Agrupamentos. **Revista Iberoamericana de Sistemas, Cibernética e Informática**, v.10, n.2, p.6-12, 2013.

ALVES, B. M.; FILHO, A. C.; BURIN, C.; TOEBE, M. Correlações canônicas entre caracteres agrônômicos e nutricionais proteicos e energéticos em genótipos de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.15, n.2, p.171-185, 2016.

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. **Theoretical and Applied Genetics**, v.128, n.8, p.1449-1466, 2015.

ARSHAD, M.; AYUB KHAN, M.; JADOON, S. A.; MOHMAND, A. S. Factor analysis in sunflower (*Helianthus annuus* L.) to investigate desirable hybrids. **Pakistan Journal of Botany**, v.42, n.6, p.4393-4402, 2010.

ASHOK, S.; JYOTHULA, D. P. B.; RATNABABU, D. Genetic divergence studies for yield, yield components and grain quality parameters in rice (*Oryza sativa* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, v.8, n.4, p.1240-1246, 2017.

AZEREDO, H. M. C. Encapsulação: aplicação à tecnologia de alimentos. **Alimentos e Nutrição**, v.16, n.1, p.89-97, 2005.

BALINDONG, J. L.; WARD, R. M.; ROSE, T. J.; LIU, L.; RAYMOND, C. A.; SNELL, P. J.; OVENDEN, B. W.; WATERS, D. L. E. Rice grain protein composition influences head rice yield. **Cereal Chemistry**, v.95, n.2, p.253-263, 2018.

BAO, J. Genes and QTLs for rice grain quality improvement. In: WENGUI, Y. (org.). **Rice-Germoplasm, Genetics and Improvement**. Vienna: InTech, 2014. p.239-278.

BAO, J. Rice milling quality. In: BAO, J (org.). **Rice Chemistry and Technology**. United States: Elsevier Science Publishing Co Inc., 2019. p.339-369.

BAO, J. Rice Starch. In: BAO, J (org.). **Rice Chemistry and Technology**. United States: Elsevier Science Publishing Co Inc., 2019. p. 55-108.

BASSINELLO, P. Z.; LUZ, T. C. L. A.; FERREIRA, C. M. **Farinha de arroz: alternativa alimentar e econômica**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2017. 28p.

BHATTACHARYA, K. R. Gelatinization temperature of rice starch and its determination. In: BHATTACHARYA, K. R. (org.). **Chemical Aspects of Rice Grain Quality**. Los Baños, Laguna, Philippines: International Rice Research Institute, 1979. p.231-249.

BHATTACHARYA, K. R. Milling quality of rice. In: BHATTACHARYA, K. R. (org.). **Rice quality - a guide to rice properties and analysis**. India: Woodhead Publishing, 2013. p.61-99.

BIRLA, D. S.; MALIK, K.; SAINGER, M.; CHAUDHARY, D.; JAIWAL, R.; JAIWAL, P. K. Progress and challenges in improving the nutritional quality of rice (*Oryza sativa* L.). **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, v.57, n.11, p.2455-2481, 2017.

BORGES, V.; SOARES, A. A.; RESENDE, M. D. V.; REIS, M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de Minas Gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, v.27, n.3, p.478-490, 2009.

BRESEGHELLO, F. Ganhos para produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. **Dissertação de Mestrado**. Goiânia: UFG, 1995. 93p.

BRESEGHELLO, F. Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v.61, p.8277-8286, 2013.

BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. de. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no nordeste do Brasil. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.34, n.3, p.399-407, 1999.

BULÉON, A.; COLONNA, P.; PLANCHOT, V.; BALL, S. Starch granules: structure and biosynthesis. **International Journal of Biological Macromolecules**, v.23, n.2, p. 85-112, 1998.

BUSO, G. S. C.; RANGEL, P. H.; FERREIRA, M. E. Analysis of genetic variability of South American wild rice populations (*Oryza glumaepatula*) with isozymes and RAPD markers. **Molecular Ecology**, v.7, n.1, p.107-117, 1998.

CALINGACION, M.; LABORTE, A.; NELSON, A.; RESURRECCION, A.; CONCEPCION, J. C.; DAYGON, V. D.; MUMM, R.; REINKE, R.; DIPTI, S.; BASSINELLO, P. Z.; MANFUK, J.; SOPHANY, S.; LARA, K. C.; BAO, J.; XIE, L.; LOAIZA, K.; EL-HISSEWY, A.; GAYIN, J.; SHARMA, N.; RAJESWARI, S.; MANONMANI, S.; RANI, N. S.; KOTA, S.; INDRASARI, S. D.; HABIBI, F.; HOSSEINI, M.; TAVASOLI, F.; SUZUKI, K.; UMEMOTO, T.; BOUALAPHANH, C.; LEE, H. H.; HUNG, Y. P.; RAMLI, A.; AUNG, P. P.; AHMAD, R.; WATTOO, J. I.; BANDONILL, E.; ROMERO, M.; BRITES, C. M.; HAFEEL, R.; LUR, H.; CHEAUPUN, K.; JONGDEE, S.; BLANCO, P.; BRYANT, R.; LANG, N. T.; HALL, R. D.; FIZGERALD, M. Diversity of global rice markets and the science required for consumer-targeted rice breeding. **PLoS ONE**, n.9, v.1, p.e85106, 2014.

CAMERON, D.K.; WANG, Y.J.; MOLDENHAUER, K.A. Comparison of physical and chemical properties of medium-grain rice cultivars grown in California and Arkansas. **Journal of Food Science**, v.73, p.72-78, 2008.

CARVALHO, W. T.; REIS, R. C.; VELASCO, P.; SOARES JÚNIOR, M. S.; BASSINELLO, P. B.; CALIARI, M. Características físico-químicas de extratos de arroz integral, quirera de arroz e soja. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 41, n.3, p.422-429, 2011.

CASTRO, E. M.; VEIRA, R. A.; RABELO, R. R.; SILVA, S. A. **Qualidade de grãos em arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1999. 30p.

CHAMPAGNE, E.T.; BETT, K. L.; VINYARD, B. T.; MCCLUNG, A. M.; BARTON II, F. E.; MOLDENHAUER, K.; LINScombe, S.; MCKENZIE, K. Correlation between cooked rice texture and rapid visco analyser measurements. **Cereal Chemistry**, v.76, n.5, p.764-771, 1999.

CHAUDHARI, P. R.; TAMRAKAR, N.; SINGH, L.; TANDON, A.; SHARMA, D. Rice nutritional and medicinal properties: A review article. **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, v.7, n.2, p.150-156, 2018.

CHAVES, J. S.; MIRANDA, A. F. M.; SANTANA, A. S.; RODRÍGUEZ, C. A.; SILVA, E., S. Eficiência da inoculação na cultura do arroz (*Oryza sativa* L.) no sul do estado de Roraima. **Revista Ambiente: Gestão e Desenvolvimento**, v.9, n.2, 2016.

CHENG, S. H.; WU, J. G.; LOU, X. B.; ZHU, J.; WU, P. Genetic analysis of transparency and chalkiness area at different filling stages of rice (*Oryza sativa* L.). **Field Crops Research**, v.76, p.1-9, 2002.

CHUN, A.; SONG, J.; KIM, K.; LEE, H. Quality of head and chalky rice and deterioration of eating quality by chalky rice. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v.12, n.4, p.239-244, 2009.

CNOSSEN, A. G.; JIMENEZ, M. J.; SIEBENMORGEN, T. J. Rice fissuring response to high drying and tempering temperatures. **Journal of Food Engineering**, v.59, n.1, p.61-69, 2003.

CNOSSEN, A.G.; SIEBENMORGEN, T. J. The glass transition temperature concept in rice drying and tempering: Effect on milling quality. **Transactions of the ASAE**, v.43 n.6, p.1661-1667, 2000.

COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; CARVALHO, F. I. F.; AZEVEDO, R. correlações canônicas: II - análise do rendimento de grãos de feijão e seus componentes. **Ciência Rural**, v.30, n.1, p.31-35, 2000.

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

CRUSCIOL, C. A. C.; ARF, O.; SORATTO, R. P.; MATEUS, G. P. Grain quality of upland rice cultivars in response to cropping systems in the Brazilian tropical savanna. **Scientia Agricola**, v.65, n.5, p.468-473, 2008.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo de divergência genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

CUEVAS, R. P.; DAYGON, V. D.; CORPUZ, H. M.; NORA, L.; REINKE, R. F.; WATERS, D. L. E.; FITZGERALD, M. A. Melting the secrets of gelatinization temperature in rice. **Functional Plant Biology**, v.37, p.439-447, 2010.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agrícola**, v.58, n.1, p.109-117, 2001.

FERREIRA, C. M.; PINHEIRO, B. S.; SOUSA, I. S.; MORAIS, O. P. **Qualidade do arroz no Brasil: evolução e padronização**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 61p.

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.

FITZGERALD, M. A.; RESURRECCION, A. P. Maintaining the yield of edible rice in a warming world. **Functional Plant Biology**, v.36, n.12, p.1037-1045, 2009.

FITZGERALD, M. Rice: grain-quality characteristics and management of quality requirements. In: WRIGLEY, C.; BATEY, I.; MISKELLY, D. (org.). **Cereal Grains**. Austrália: Woodhead Publishing, 2017. p.291-315.

FURUKAWA, T.; MAEKAWA, M.; OKI, T.; SUDA, I.; IIDA, S.; SHIMADA, H.; TAKAMURE, I.; KADOWAKI, K. The *Rc* and *Rd* genes are involved in proanthocyanidin synthesis in rice pericarp. **The Plant Journal**, v.49, n.1, p.91-102, 2007.

GALLANT, D. J.; BOUCHET, B.; BALDWIN, P. M. Microscopy of starch: evidence of a new level of granule organization. **Carbohydrate Polymers**, v.32, n.3, p.177-191, 1997.

GOULD, S.J. **The mismeasure of man**. New York: W. W Norton, 1996.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; CECON, P. R.; PACHECO, C. A. P. A análise de fatores na predição de ganhos por seleção em milho (*Zea mays* L.). **Acta Scientiarum**, v.23, n.5, p.1271-1279, 2001.

GU, J.; CHEN, J.; CHEN, L.; WANG, Z.; ZHANG, H.; YANG, J. Grain quality changes and responses to nitrogen fertilizer of japonica rice cultivars released in the Yangtze River Basin from the 1950s to 2000s. **Crop Journal**, v.3, n.4, p.285-297, 2015.

HAIR, J. F.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J. **Análise multivariada de dados**. Porto Alegre: Bookman, 2009. 688p.

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**, v.10, p.1110-1117, 2012.

HEMAMALINI, G. S.; SHASHIDHAR, H. E.; HITTALMANI, S. Molecular marker assisted tagging of morphological and physiological traits under two contrasting moisture regimes at peak vegetative stage in rice (*Oryza sativa* L.). **Euphytica**, v.112, p.69-78, 2000.

HU, X.; LU, L.; FANG, C.; DUAN, B.; ZHU, Z. Determination of apparent amylose content in rice by using paper-based microfluidic chips. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v.63, n.44, p.9863-9868, 2015.

HUANG, R.; JIANG, L.; ZHENG, J.; WANG, T.; WANG, H.; HUANG, Y.; HONG, Z. Genetic bases of rice grain shape: so many genes, so little known. **Trends in Plant Science**, v.18, p.218-226, 2013.

IKEDA, M.; HIROSE, Y.; TAKASHI, T.; SHIBATA, Y.; YAMAMURA, T.; KOMURA, T.; DOI, K.; ASHIKARI, M.; MATSUOKA, M.; KITANO, H. Analysis of rice panicle traits and detection of QTLs using an image analyzing method. **Breeding Science**, v. 60, n.1 p. 55-64, 2010.

INOUCHI, N.; ANDO, H.; ASAOKA, M.; OKUNO, K.; FUWA, H. The effect of environmental temperature on distribution of unit chains of rice amylopectin. **Starch**, v.52, p.8-12, 2000.

JANWAN, M.; SREEWONGCHAI, T.; SRIPICHITT, P. Rice breeding for high yield by advanced single seed descent method of selection. **Journal of Plant Sciences**, n.8, v.1, p.24-30, 2013.

JULIANO, B. O.; BECHTEL, D. B. The rice grain and its gross composition. In: JULIANO, B.O. (org.). **Rice: Chemistry and technology**. Minnesota: American Association of Cereal Chemists, 1985. p.17-57.

KATO, S.; KOSAKA, H. HARA. S. On the affinity of rice varieties as shown by the fertility of rice plants. **Central Agricultural Institute of Kyushu Imperial University**, v.2, p.241-276, 1928.

KIM, H. J.; YOON, M.; CHUN, A.; TAI, T. H. Identification of novel mutations in the rice starch branching enzyme I gene via TILLING by sequencing. **Euphytica**, v.214, n.94, p.1-12, 2018.

KOAKUZU, S. N.; BASSINELLO, P. Z.; CARVALHO, R. N. Procedimento para determinação do teor de amilose em arroz por cromatografia de exclusão por tamanho (SEC). (**Comunicado técnico 226/** Embrapa Arroz e Feijão) Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2015, 6p.

KUSH, G. S. Green revolution: the way forward. **Nature Reviews Genetics**, v.2, p.815-822, 2001.

LAU, W. C. P.; LATIF, M. A.; RAFII, M. Y.; ISMAIL, M. R.; PUTEH, A. Advances to improve the eating and cooking qualities of rice by marker-assisted breeding. **Critical Reviews in Biotechnology**, v.36, n.1, p.87-98, 2016.

LEESAWATWONG, M.; JAMJOD, S.; KUO, J.; DELL, B.; RERKASEM, B. Nitrogen fertilizer increases seed protein and milling quality of rice. **Cereal Chemistry Journal**, v.82, n.5, p.588-593, 2005.

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, p.398-404, 2014.

LIN, C. J.; LI, C. Y.; LIN, S. K.; YANG, F. H.; HUANG, J. J.; LIU, Y. H.; LUR, H. S. Influence of high temperature during grain filling on the accumulation of storage proteins and grain quality in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agriculture and Food Chemistry**, v.58, n.19, p.10545-10552, 2010.

LISLE, A. J.; MARTIN, M.; FITZGERALD, M. A. Chalky and translucent rice grains differ in starch composition and structure and cooking properties. **Cereal Chemistry**, v.77, n.5, p.627-632, 2000.

LIU, Q. Starch Modifications and Applications. In: CUI, S. W (org.). **Food Carbohydrates: Chemistry, Physical Properties, and Applications**. United States: CRC Press, 2005. p.357-406.

LONDERO, G. P.; MARCHESAN, E.; PARISOTTO, E.; COELHO, L. L.; SOARES, C. F.; SILVA, A. L.; ARAMBURU, B. B. Qualidade industrial de grãos de arroz decorrente da supressão da irrigação e umidade de colheita. **Irriga**, v.20, n.3, p.587-601, 2015.

LYMAN, N.B.; JAGADISH, K.S.; NALLEY, L.L.; DIXON, B.L.; SIEBENMORGEN, T. Neglecting rice milling yield and quality underestimates economic losses from high-temperature stress. **PLoS One**, v.8, e72157, 2013.

MACKILL, D. J.; COFFMAN, W. R.; GARRITY, D. P. Rainfed lowland rice improvement. Los Baños, Laguna. 1996. 242 p.

MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; MORAES, O. P.; FAGUNDES, P.; FRANCO, D. F.; NUNES, C. D. M.; NEVES, P.; RAMGEL, P. H.; COLOMBARI, J. M.; CASTRO, A.; MOURA, F.; STRECK, E. A.; AGUIAR, G. Desenvolvimento de Cultivares de Arroz Irrigado Subtropical do Programa de Melhoramento Genético da Embrapa - Ensaios de VCU no RS, Safras 2010/11 a 2013/14. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento** / Embrapa Clima Temperado, 227. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2015, 29p.

MAGALHÃES JÚNIOR, A.; TERRES, A. L.; FAGUNDES, P. R.; FRANCO, D. F.; ANDRES, A. Aspectos genéticos, morfológicos e de desenvolvimento de plantas de arroz irrigado. In: GOMES, A. S.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. (org.). **Arroz irrigado no Sul do Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2004. p. 143-159.

MALONE, G.; ZIMMER, P. D.; CASTRO, M. A. S.; ARIAS, L. N.; MENEGHELLO, G. E.; PESKE, S. T. Caracterização bioquímica e molecular de acessos de arroz vermelho coletados no Estado do Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 2, p.77-85, 2007.

MAO, T.; XU, L.; JIANG, S.; TANG, L.; WANG, J.; XU, H.; XU, Z. Discussion on strategy of grain quality improvement for super high yielding japonica rice in Northeast China. **Journal of Integrative Agriculture**, v.16, n.15, p.1075-1083, 2017.

MCLEAN, J.; DAWE, D.; HARDY, B.; HETTEL, G. The rice plant and its ecology. In: MCLEAN, J.; DAWE, D.; HARDY, B.; HETTEL, G. (org.). **Rice almanac: source book for the most important economic activity on earth**. Los Baños: IRRI, 2002. p. 11-31.

MENEZES, B. R. S.; MOREIRA, L. B.; LOPES, H. M.; PEREIRA, M. B. Caracterização morfoagronômica em arroz vermelho e arroz de sequeiro. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.41, n.4, p.490-499, 2011.

MINGOTTE, F. L. C.; HANASHIRO, R. K.; FORNASIERI FILHO, D. F. Características físico-químicas do grão de cultivares de arroz em função da adubação nitrogenada. **Ciências Agrárias**, v.33, n.1, p.2605-2618, 2012.

MOHAPATRA, P. K.; PATEL, R.; SAHU, S. K. Time of flowering affects grain quality and spikelet partitioning within the rice panicle. **Australian Journal of Plant Physiology**, v.20, n.2, p.231-241, 1993.

MOREIRA, J. R. Darwin e a teoria da evolução. In: MOREIRA, J. R.; MEDEIROS, M. B. **O legado de Darwin e a pesquisa agropecuária**. Brasília: Embrapa, 2014, p. 17-63.

MORRISON, W. R.; LAIGNELET, B. An improved colorimetric procedure for determining apparent and total amylose in cereal and other starches. **Journal of Cereal Science**, v.1, n.1, p.9-20, 1983.

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

NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION. **Database resources taxonomy rice information**. Disponível em: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Acesso em 27 de junho de 2019.

NETO, A. R.; JUNIOR, E. U. R.; GALLO, P. B.; FREITAS, J. G.; AZZINI, L. E. Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. **Revista Ciência Agronômica**, v.44, n.3, p.512-519, 2013.

NIRMALADEVI, G.; PADMAVARHI, 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.

NOBREGA, F. G. Mendel e a fundação genética. In: ARAGÃO, F. J. L.; MOREIRA, J. R. (org.). **Mendel das leis da hereditariedade à engenharia genética**. Brasília: Embrapa, 2017, p.79-83.

OIKAWA, T.; MAEDA, H.; OGUCHI, T.; YAMAGUCHI, T.; TANABE, N.; EBANA, K.; YANO, M.; EBITANI, T.; IZAWA, T. The birth of a black rice gene and its local spread by introgression. **The Plant Cell**, v.27, p.2401-2414, 2015.

OKA H.; MORISHIMA H. Wild and cultivated rice. In: MATSUO, T.; FUTSUHARA, Y.; KIKUSHI, F.; YAMAGUCHI, H. (org.). **Science of the rice plant physiology**. Tokio: *Nobunkyo*, p 88-111, 1997.

OKA, H. I. Indica-japonica differentiation of rice cultivars. In: OKA, H. I. (org.). **Origin of cultivated rice**. Tokyo/Amsterdam: Japan Science Society Press/Elsevier, 1988, p.141-179.

OLIVEIRA, A. M.; DIAS, L. W.; BRUNES, A. P.; OLIVEIRA, S.; ELEMES, E. S.; AGOSTINETTO, D.; MENEGHELLO, G. E. Identificação de biótipos de arroz-vermelho resistente a herbicidas por bioensaio. **Revista de la Facultad de Agronomia**, v.113, n.2, p.114-122, 2014.

OLSEN, K. M.; CAICEDO, A. L.; POLATO, N.; MCCLUNG, A.; MCCOUCH, S.; PURUGGANAN, M. D. Selection under domestication: Evidence for a sweep in the rice *waxy* genomic region. **Genetics**, v.173, p.975-983, 2006.

PAGNAN, M. F.; BASSINELLO, P. Z.; PRUDENCIO, S. H. Características sensoriais, físicas e químicas e aceitação de arroz irrigado ou de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.50, n.10, p.979-988, 2015.

PANG, Y.; ALI, J.; WANG, X.; FRANJE, N. J.; REVILLEZA, J. E.; XU, J.; LI, Z. Relationship of rice grain amylose, gelatinization temperature and pasting properties for breeding better eating and cooking quality of rice varieties. **PLoS ONE**, v.11, n.12, p. e0168483, 2016.

PATINDOL, J.; WANG Y. J. Fine structures and physicochemical properties of starches from chalky and translucent rice kernels. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v.51, n.9, p.2777-2784, 2003.

PATRA, B. C.; RAY, S.; NGANGKHAM, U.; MOHAPATRA. Rice. In: SINGH, M.; UPADHYAYA, H (org.). **Genetic and Genomic Resources for Grain Cereals Improvement**. London: Academic Press, 2016, p.1-80.

PEIXOTO, R. F.; VILELA, M. S. Visão empresarial de um produtor rural/melhorista sobre o mercado de sementes. In: AMABILE, R. F.; VILELA, M. S.; PEIXOTO, J. R. (org.). **Melhoramento de plantas: variabilidade genética, ferramentas e mercado**. Brasília: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2018. p.13-27.

PENG, B.; WANG, L.; FAN, C.; JIANG, G.; LUO, L.; LI, Y.; HE, Y. Comparative mapping of chalkiness components in rice using five populations across two environments. **BMC Genetics**, v.15, v.49, p.1-14, 2014.

PERDON, A.; SIEBENMORGEN, T. J.; MAUROMOUSTAKOS, A. Glassy state transition and rice drying: development of a brown rice state diagram. **Cereal Chemistry**, n.77, v.6, p.708-713, 2000.

PEREIRA, J. A. Propriedades culinárias e valor nutritivo. In: PEREIRA, J. A. (org.). **O arroz vermelho cultivado no Brasil**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2004. p.58-63.

PEREIRA, J. A.; BASSINELLO, P. Z.; FONSECA, J. R.; RIBEIRO, V. Q. Potencial genético de rendimento e propriedades culinárias do arroz vermelho cultivado. **Caatinga**, v.20, p.43-48, 2007.

PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P. As Variedades de Arroz Vermelho Brasileiras. (**Documentos 229**/ Embrapa Meio-Norte) Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2014, 39p.

RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, B. L.; ABREU, A. F. B. Mendel e a produção de grãos no Brasil. In: ARAGÃO, F. J. L.; MOREIRA, J. R. (org.). **Mendel das leis da hereditariedade à engenharia genética**. Brasília: Embrapa, 2017, p.85-101.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; PINTO, J. C. S. B. P. Importância da genética. In: PINTO, C. A. B. P.; SANTOS, J. B.; RAMALHO, M. A. P. **Genética na Agropecuária**. Lavras: UFLA, 2012. p.13-15.

RANGEL, P. H. N.; GUIMARÃES, E. P.; NEVES, P. de C. F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.31, n.5, p.349-357, 1996.

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

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

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

SHI, C. H.; WU, J. G.; LOU, X. B.; ZHU, J.; WU, P. Genetic analysis of transparency and chalkiness area at different filling stages of rice (*Oryza sativa* L.). **Field Crops Research**, v.76, p.1-9, 2002.

SINGH, P. K.; VENKATESAN, K.; SWARNAM, T. P. Rice genetic resources in tropical islands. In: SIVAPERUMAN, C.; SINGH, A. K.; VELMURUGAN, A.; JAISANKAR, I. **Biodiversity and climate change adaptation in tropical islands**. Port Blair: Academic Press, 2018, p.355-384.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, v.143, p.449-462, 2005.

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

STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; FACCHINELLO, H. K.; COSTA DE OLIVEIRA, A. 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 JÚNIOR, A. M.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; PERIN, L.; FAGUNDES, P. R. R.; COSTA DE OLIVEIRA, A. 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.

SUZUKI, Y.; SANO, Y.; ISHIKAWA, T.; SASAKI, T.; MATSUKURA, U.; HIRANO, H. Starch characteristics of the rice mutant du2-2 Taichung 65 highly affected by environmental temperatures during seed development. **Cereal Chemistry**, v.80, p.184-187, 2003.

SWAMY, Y. M. I.; BHATTACHARYA, K. R. Breakage of rice during milling. I. Types of cracked and immature grains. **Journal of Food Science and Technology**, v.19, n.3, p.106-111, 1982.

SWEENEY, M. T.; THOMSON, M. J.; PFEIL, B. E.; MCCOUCH, S. Caught red-handed: *Rc* encodes a basic helix-loop-helix protein conditioning red pericarp in rice. **The Plant Cell**, v.18, p.283-294, 2006.

SWEENEY, M.; MCCOUCH, S. The Complex History of the Domestication of Rice. **Oxford journals**, v.100, p.951-957, 2006.

TERRA, T. G. R.; LEAL, T. C. A. B.; BORÉM, A.; RANGEL, P. H. N. Tolerância de linhagens de arroz de terras altas à seca. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.43, n.2, p.201-208, 2013.

TERRES, A. L. S.; FAGUNDES, P. R. R.; MACHADO, M. O.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; NUNES, C. D. M. Melhoramento genético e cultivares de arroz irrigado. In: GOMES, A. S.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. (org.). **Arroz irrigado no Sul do Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2004. p. 161-235.

UMEMOTO, T.; NAKAMURA, Y.; SATOH, H.; TERASHIMA, K. Differences in amylopectin structure between two rice varieties in relation to the effects of temperature during grain filling. **Starch**, v.51, p.58-62, 1999.

VAN DER MAAREL, M.J.E.C.; VAN DER VEEN, J.C.M.; UITDEHAAG, H.; LEEMHUIS, L. DIJKHUIZEN, Properties and applications of starch converting enzymes of the α -amylase family. **Journal of Biotechnology**, v.94, p.137-155, 2002.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.10, p.1421-1428, 2007.

VAUGHAN, D. A.; CHANG, T. T. Collecting the rice gene pool. In: GUARINO, L.; RAMANATHA RAO, V.; REID, R. (org.). **Collecting plant genetic diversity: technical guidelines**. Wallingford: CAB International, 1995, p.659-675.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VICINI, L. **Análise multivariada da teoria à prática**. Santa Maria: UFSM, CCNE, 2005. 215p.

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

WANG, K.; WAMBUGU, P. W.; ZHANG, B.; WU, A. C.; HENRY, R. J.; GILBERT, R. G. The biosynthesis, structure and gelatinization properties of starches from wild and cultivated African rice species (*Oryza barthii* and *Oryza glaberrima*). **Carbohydrate Polymers**, v.129, p.92-100, 2015.

WANI, A. A.; SINGH, P.; SHAH, M. A.; SCHWEIGGERT-WEISZ, U.; GUL, K.; WANI, I. A. Rice starch diversity: effects on structural, morphological, thermal, and physicochemical properties - a review. **Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety**, v.11, p.417-436, 2012.

WITTEN, D. M.; TIBSHIRANI, R. J. Extensions of sparse canonical correlation analysis with applications to genomic data. **Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology**, v.8, n.1, p.1-27, 2009.

XU, Q.; CHEN, W.; XU, Z. Relationship between grain yield and quality in rice germplasms grown across different growing areas. **Breeding Science**, v.65, p.226-232, 2015.

YANG, J. C.; ZHANG, J.; WANG, Z.; LIU, K.; WANG, P. Post-anthesis development of inferior and superior spikelets in rice in relation to abscisic acid and ethylene. **Journal of Experimental Botany**, v.5, n.1, p.149-160, 2006.

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

ZHOU, H.; YUN, P.; HE, Y. Rice appearance quality. In: BAO, J (org.). **Rice Chemistry and Technology**. United States: Elsevier Science Publishing Co Inc., 2019. p.371-383.

ZHOU, L. J.; JIANG, L.; ZHAI, H. Q.; WAN, J. M. Current status and strategies for improvement of rice grain chalkiness. **Hereditas**, v.31, p.563-572, 2009.

ZHOU, Z.; ROBARDS, K.; HELLIWELL, S.; BLANCHARD, C. Composition and functional properties of rice. **International Journal of Food Science and Technology**, v.37, p.849-868, 2002.

**Capítulo 2: Correlações lineares e canônicas em caracteres de qualidade de
grãos e agronômicos em linhagens endogâmicas recombinantes de arroz
irrigado**

2.1. Introdução

O Brasil apresenta destaque na produção mundial de arroz, liderando no continente americano o ranking de produção, com 11,2 milhões de toneladas na safra de 2018/2019 (USDA, 2018). Dentre os estados brasileiros, o Rio Grande do Sul destaca-se como o principal produtor com 7,8 milhões de toneladas de arroz produzidos na última safra sob sistema de irrigação por inundação (CONAB, 2018). Para alimentar a população mundial que apresenta crescimento exponencial, a produção de arroz terá que aumentar em cerca de 40% até 2030 (KHUSH et al., 2005; MACOVEI et al., 2012). Esta demanda deverá ser atendida com a mesma quantidade de terra que vem sendo utilizada atualmente, e, provavelmente com menos água e menos insumos químicos (BIRLA et al., 2017).

A cada ano novos genótipos são lançados no mercado, principalmente mais produtivos, com melhor resposta a estresses bióticos e abióticos. No entanto, a qualidade dos grãos muitas vezes não é foco principal (BIRLA et al., 2017; PANG et al., 2016). Entretanto, o consumidor brasileiro é muito exigente quanto à qualidade do arroz. A preferência é pelo branco polido, da classe longo-fino (subespécie *indica*), e que apresentem grãos macios e soltos após cozimento. Além disso, busca-se um produto uniforme, com baixo conteúdo de grãos quebrados e/ou danificados e grãos vítreos (STRECK et al., 2018). Sendo assim, a qualidade dos grãos do arroz é um fator determinante no preço de mercado e da aceitação por parte do consumidor, justificando maiores esforços neste sentido, por parte do melhoramento genético.

A pesquisa na área agrícola faz uso de diversas áreas do conhecimento, e na da experimentação o embasamento estatístico para atribuir precisão aos resultados é também auxiliado por meio da utilização de modelos biométricos, subsidiando a tomada de decisão nos programas de melhoramento vegetal (CRUZ; CARNEIRO, 2003). O estudo sobre as correlações entre caracteres de interesse agrônomo no melhoramento de culturas, apresenta relevância por auxiliar na identificação das modificações que a seleção sobre um caráter proporciona em outros caracteres.

A correlação fenotípica mede o grau de associação entre dois caracteres provenientes dos efeitos genéticos e ambientais, enquanto que a correlação genética

é capaz de captar a fração herdável da constituição genética dos genitores na progênie (COIMBRA et al., 2000; FALCONER, 1987). Verificar estas associações por meio de correlação linear é extremamente útil aos melhoristas, pois o processo de seleção poderá ser conduzido de modo a se obter ganhos de forma simultânea em mais de um caráter (CRUZ et al., 2012). Além disso, a correlação genética auxilia na escolha de procedimentos mais adequados de seleção (RIBEIRO et al., 2001; SANTOS; VENCOVSKY, 1986).

É comum em programas de melhoramento a mensuração de grupos de caracteres relacionados com morfologia, qualidade e rendimento de grãos, sendo que muitos dos caracteres morfológicos são avaliados à campo, e boa parte dos caracteres de rendimento e os de qualidade de grãos em laboratório. A análise de correlação linear permite o estudo do comportamento de pares de variáveis, porém quando se almeja a seleção indireta de caracteres de interesse entre grupos, para planejar uma estratégia de seleção e associar fenotipicamente vários caracteres em diferentes unidades, as correlações canônicas mostram-se como alternativa de análise (CRUZ et al., 2012; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014; SANTOS et al., 2017).

Diante do exposto o objetivo do trabalho foi identificar as correlações lineares fenotípicas e genotípicas e avaliar as correlações canônicas entre grupos de caracteres de qualidade de grãos e caracteres agrônômicos em linhagens de arroz irrigado, provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (*Oryza sativa* sp. *indica*) e Nipponbare (*Oryza sativa* sp. *japonica*).

2.2. Material e Métodos

2.2.1. Constituições genéticas

A pesquisa teve início em 2010, com os cruzamentos entre os genótipos BRS Querência (*Oryza sativa* sp. *indica*) X Nipponbare (*Oryza sativa* sp. *japonica*), o qual foi feito de modo recíproco. O método de condução utilizado foi o SSD (*Single Seed Descent*) para avançar gerações até F₆. No total, 121 linhas endogâmicas recombinantes (RILs – do inglês *Recombinant Inbred Lines*) foram obtidas.

2.2.2. Manejo e delineamento experimental

A condução dessas gerações em um mesmo ambiente de cultivo foi realizada na safra agrícola de 2014/2015 na Estação Experimental Terras Baixas, pertencente a Embrapa Clima Temperado, localizada nas coordenadas geográficas, 31°48'49" de latitude Sul e 52°28'20" de longitude Oeste, no município do Capão do Leão, no estado do Rio Grande do Sul. A população de RILs e os genitores foram semeados seguindo um delineamento de blocos incompletos com testemunhas intercalares, sendo essas os genitores (BRS Querência e Nipponbare) dispostos em quatro repetições (RAMALHO et al., 2012).

A parcela experimental consistiu-se em uma linha de 1,5 metros de comprimento, espaçada de 0,30 metros, sendo cada RIL e os genitores (testemunhas) compostos por 15 plantas. A adubação básica foi de 300 kg ha⁻¹ de NPK (05-20-20) e 60 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma de ureia, aplicada em cobertura no início do afilamento. A altura da lâmina de água variou entre 7,5 e 10 cm, sendo o início da submersão do solo aos 30 dias após a emergência das plântulas. Práticas de manejo cultural, como controle de plantas daninhas, doenças e insetos-praga foram realizadas de acordo com as recomendações para o arroz irrigado no Sul do Brasil (SOSBAI, 2014).

2.2.3. Caracteres avaliados

Um total de oito caracteres agronômicos e morfológicos foram avaliados e sete de qualidade de grãos, conforme descrito a seguir.

2.2.3.1. Morfológicos (de campo)

No campo foram realizadas as avaliações de estatura de plantas (AP, em cm), obtido através da aferição individual das plantas utilizando uma régua graduada, medindo a distância do solo até a espiguetas mais alta da planta. Também foram avaliados dias para o florescimento (DF, em dias), número de dias da semeadura até o florescimento de 50% das panículas de cada linha.

2.2.3.2. Componentes de rendimento (laboratório)

Ao final do ciclo reprodutivo, dez plantas de cada família foram colhidas individualmente. Mensurou-se os caracteres: comprimento da panícula (CP, em cm),

obtida através de uma régua graduada; número de panículas por planta (NPP, em unidades), obtido através da contagem do número de panículas viáveis por planta; número de espiguetas férteis por panícula (NEF, em unidades), mensurou-se o número de espiguetas férteis contidas em cada panícula; número de espiguetas estéreis por panícula (NEE, em unidades), obtido através da contagem do número de espiguetas estéreis em cada panícula. Também foi determinada a massa de cem grãos (MCG, em g), obtida a partir da contagem do número de sementes por planta onde mensurou-se sua massa, posteriormente ajustou-se para massa de cem grãos; massa total de grãos produzidos por planta (MTG, em g), obtida através da aferição da massa dos grãos contidos nas espiguetas férteis da planta.

2.2.3.3 Qualidade de grãos (laboratório)

Selecionou-se 40 linhagens mais produtivas, avaliando também os genitores. Os grãos de cada linhagem passaram pelo processo de beneficiamento em um mini-engenho de provas (Suzuki – MT) para o descascamento e polimento. De modo a realizar a aferição dos atributos físicos de qualidade intrínsecos dos grãos, utilizou-se o analisador estatístico de grãos S21, baseado na análise de imagens digitais de cada amostra, revelando os seguintes parâmetros: grãos quebrados (GQ, em %); grãos gessados (GG, em %); grãos barriga branca (GB, em %), grãos rajados (GR, em %), brancura vítrea (BV, em %).

Para atributos intrínsecos à qualidade culinária, a temperatura de gelatinização (TG) foi determinada utilizando-se metodologia indireta adaptada de Martínéz e Cuevas (1989). Para cada linhagem foram feitas três repetições, avaliando seis grãos (inteiros, sadios e polidos) de cada amostra distribuindo-os uniformemente em uma placa de petri de vidro, contendo 10 mL da solução de hidróxido de potássio (KOH) 1,7%. As placas foram tampadas e incubadas em estufa, à 30°C, por 23 horas. Após este período observou-se visualmente o quanto os grânulos de arroz se dissolveram. Os graus de dispersão correspondem a três categorias: Alta (1, 2 e 3), intermediária (4 e 5) e baixa (6 e 7) (MARTINÉZ; CUEVAS, 1989).

O teor de amilose aparente (TA) foi determinado pelo método colorimétrico com iodo, conforme o protocolo de McGrane, Cornell e Rix (1998) com modificações sugeridas por Hoover e Ratnayake (2001). Para preparo da farinha de arroz, 10g de grãos inteiros sem defeitos foram selecionados e moídos em moinho tipo Willey (Marconi, Piracicaba, Brasil), com peneira de 0,5 mm de abertura. O teor de amilose

foi determinado através de curva de calibração elaborada com amilose de batata. A interpretação dos resultados foi baseada nas seguintes classes: Amilose Alta (teor de amilose entre 25 e 33%), Amilose Intermediária (teor de amilose entre 20 e 25%) e Amilose Baixa (teor de amilose entre 9 e 20%), conforme Coffman e Juliano (1987). O resultado foi expresso em % de amilose aparente.

2.2.4. Análises estatísticas

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância pelo teste F a 5% de probabilidade de erro. Posteriormente, realizou-se análise de correlação linear fenotípica, pelo método de Pearson, e genotípica, pelo método de Mantel, com o intuito de estudar as tendências de associações entre os grupos de caracteres. A partir da matriz de correlação fenotípica foi realizada a análise de correlações canônicas.

As correlações canônicas foram utilizadas para estimar a máxima correlação entre combinações lineares de caracteres distribuídos em dois grupos: (1) caracteres de qualidade de grãos – BV, GQ, GG, GB, GR, TA e TG; (2) caracteres agronômicos – CP, NEF, NEE, AP, NPP, MCG, MTG e DF. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software estatístico Genes (CRUZ, 2013).

2.3. Resultados e discussão

Na análise de correlação linear fenotípica (Tabela 2.1), observou-se a formação de 26 correlações significativas entre os caracteres. Os componentes que determinam a produtividade (MTG) da cultura do arroz, e que foram incluídos neste estudo, são: número de panículas por planta (NPP) ou por área, comprimento de panícula (CP) – ainda que não de forma direta, número de espiguetas férteis por panícula (NEF) e massa de cem grãos (MCG) (FORNASIERI FILHO; FORNASIERI, 1993; SORATTO et al., 2010). A correlação fenotípica demonstrou associação significativa positiva e de alta magnitude entre os pares MTG x NPP ($r=0,715$), assim NPP pode ser utilizado para seleção indireta de genótipos produtivos (ABREU et al., 2016). Também foi verificada correlação positiva entre MTG x MCG ($r=0,377$), sendo conhecido que o MCG é um dos componentes do rendimento que mais influenciam a produtividade do arroz (ALVAREZ et al., 2012). Resultados semelhantes já foram descritos (RASHEED et al., 2002; BORBA et al., 2005; RASHID et al., 2013), reforçando os resultados obtidos neste estudo.

A produtividade de grãos (MTG) apresenta herança quantitativa, controlada por grande número de genes (BOLDIERI et al., 2010) e é altamente influenciada pelo ambiente, assim como também são os parâmetros de aparência e qualidade dos grãos (YANG; WANG, 2019). O peso dos grãos do arroz é definido na fase reprodutiva, e depende da quantidade de fotoassimilados que são translocados para o enchimento destes (WALTER et al., 2010). Estudos demonstraram que a taxa e a duração do enchimento de grãos foram significativamente encurtadas por efeitos ambientais adversos, revelando menor enchimento e diminuição da translucidez (BV) e o aparecimento de grãos gessados (GG) (YANG et al., 2007). Estes mesmos fatores ambientais afetam algumas fases da síntese de amido, que podem modificar o conteúdo de amilose (TA) no grão (PATINDOL; WANG, 2003). Sendo assim, observou-se que a correlação fenotípica revelou associação significativa positiva entre os caracteres MTG x GG ($r=0,406$) e MTG x TA ($r=0,541$) e associação negativa entre os caracteres MTG x BV ($r=-0,352$).

Pela preferência dos consumidores de arroz no Brasil ser por um produto branco polido, fica evidente a importância da aparência dos grãos (MONTEIRO et al., 2016), sendo a translucidez (BV) uma propriedade física relacionada a qualidade destes (EDWARDS et al., 2017). A correlação fenotípica demonstrou associação negativa entre os pares BV x GB (grãos barriga branca) ($r=-0,397$). A translucidez nos grãos de arroz é, de fato, interrompida por áreas opacas no endosperma, chamadas de centros brancos GB (SMIDERLE; DIAS, 2008). Correlação negativa também foi evidenciada para BV x TA ($r=-0,329$) e BV x TG ($r=-0,418$). Sendo a amilose reduzida com o aumento da área gessada e a maior abundância de amilopectina de cadeias longas (EDWARDS et al., 2017; PATINDOL e WANG, 2003), isto influencia a temperatura de gelatinização (TG), e justifica os resultados encontrados (JANE et al., 1999; DENARDIN e SILVA, 2008).

Tabela 2.1. Coeficientes das correlações fenotípicas (diagonal superior) e das correlações genotípicas (diagonal inferior) entre caracteres agrônômicos e de qualidade de grãos, avaliados em linhagens de arroz provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência e Nipponbare. CGF-FAEM/UFPel, Pelotas – RS, 2020.

	CP	NEF	NEE	AP	NPP	MCG	MTG	DF	BV	GQ	GG	GB	GR	TA	TG
CP	-	0,292	0,429*	0,472*	-0,102	0,176	0,176	0,136	-0,147	-0,149	-0,062	-0,087	-0,035	0,201	-0,119
NEF	0,279	-	0,572*	0,141	-0,128	-0,445*	0,285	-0,177	-0,385*	-0,041	0,128	0,113	0,047	0,472*	0,334*
NEE	0,498 ⁺	0,685 ⁺	-	0,377*	-0,175	-0,286	0,092	0,027	-0,427*	-0,038	0,003	0,003	-0,06	0,345*	0,178
AP	0,521 ⁺	0,13	0,413 ⁺	-	-0,086	0,18	0,156	0,194	-0,098	0,053	-0,22	-0,339*	-0,127	0,028	0,058
NPP	-0,186	-0,293	-0,253	-0,161	-	-0,001	0,715*	-0,132	-0,015	0,083	0,247	0,084	0,194	0,264	-0,103
MCG	0,214	-0,491 ⁺	-0,3	0,194	0,015	-	0,377*	0,164	-0,01	0,08	0,064	0,133	0,008	-0,041	-0,196
MTG	0,173	0,221	0,11	0,147	0,635 ⁺	0,228	-	-0,047	-0,352*	0,179	0,406*	0,259	0,411*	0,541*	0,075
DF	0,171	-0,192	0,023	0,206	-0,167	0,354 ⁺	-0,054	-	-0,199	-0,355*	0,008	0,343*	-0,132	-0,09	0,16
BV	-0,172	-0,437 ⁺	-0,467 ⁺	-0,108	-0,037	-0,013	-0,447 ⁺	-0,213	-	-0,152	-0,221	-0,397*	-0,303*	-0,329*	-0,418*
GQ	-0,169	-0,04	-0,039	0,06	0,126	0,087	0,243	-0,375 ⁺	-0,145	-	0,234	-0,146	0,163	0,086	-0,01
GG	-0,073	0,147	0,007	-0,242	0,357 ⁺	0,075	0,531 ⁺	0,01	-0,191	0,238	-	0,538*	0,269	0,306*	0,009
GB	-0,101	0,133	0,004	-0,367 ⁺	0,117	0,142	0,323	0,370 ⁺	-0,398 ⁺	-0,166	0,547 ⁺	-	0,379*	0,124	0,009
GR	-0,034	0,063	-0,079	-0,135	0,275	0,008	0,553 ⁺	-0,133	-0,321	0,177	0,297	0,386 ⁺	-	0,135	-0,004
TA	0,248	0,643 ⁺	0,431 ⁺	0,018	0,419 ⁺	-0,057	0,808 ⁺	-0,1	-0,408 ⁺	0,119	0,393 ⁺	0,159	0,166	-	0,205
TG	-0,134	0,449 ⁺	0,237	0,056	-0,142	-0,225	0,106	0,192	-0,498 ⁺	-0,015	0,003	0,01	0,01	0,207	-

*, ** significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste t; *significativo a 5% pelo teste de Mantel pelo método de *bootstrap* com 5000 simulações, respectivamente. CP = comprimento de panícula; NEF = número de espiguetas férteis; NEE = número de espiguetas estéreis; AP = altura de planta; NPP = número de panículas por planta; MCG = massa de cem grãos; MTG = massa total de grãos por planta; DF = dias para o florescimento; BV = brancura vítrea; GQ = grãos quebrados; GG = grãos gessados; GB = grãos barriga branca; GR = grãos rajados; TA=teor de amilose aparente; TG = temperatura de gelatinização.

Na correlação genotípica verificou-se 27 associações significativas entre os pares de caracteres analisados (Tabela 2.1). O caráter MTG apresentou alta correlação positiva com TA ($r=0,808$) e com NPP ($r=0,635$). Isso indica que estes caracteres são os de maior importância na seleção de genótipos de arroz mais produtivos, quando provenientes do cruzamento entre genótipos contrastantes (subespécie *indica* e *japonica*) através da seleção indireta. Pois, se dois ou mais caracteres apresentam correlação genética favorável, sendo a principal causa dessa correlação a ligação gênica, é possível alcançar ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro associado. Em alguns casos, o progresso genético é obtido mais rápido com a seleção indireta com base na resposta correlacionada, do que com a seleção direta do caráter desejado (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2003).

Com a existência de dois grupos de variáveis em um conjunto de dados, a aplicação da técnica de correlações canônicas possibilita identificar a máxima correlação entre estes grupos, que são compostos por combinações lineares dos vários caracteres que os constituem (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Analisando os resultados obtidos na tabela 2.2 verificou-se que os grupos formados não são independentes, logo existe relação entre os caracteres dos dois grupos, além disso foi possível observar a formação de cinco pares canônicos significativos pelo teste Qui-quadrado.

Tabela 2.2. Significância do teste Qui-Quadrado para a formação dos pares canônicos. CGF-FAEM/UFPel, Pelotas – RS, 2020.

Par canônico	Correlação	Qui-quadrado	Graus de liberdade	Probabilidade
1°	0,817	1070,361	56	<0,01
2°	0,714	617,152	42	<0,01
3°	0,561	323,698	30	<0,01
4°	0,432	168,253	20	<0,01
5°	0,326	83,506	12	<0,01

O primeiro par canônico (Tabela 2.3) apresentou correlação de $r=0,817$ entre os grupos. O caráter brancura vítrea (BV), juntamente com caracteres grãos gessados (GG) e grãos barriga branca (GB) estiveram diretamente relacionados com produtividade por planta (MTG) e o número de espiguetas férteis e inférteis (NEF e NEE). Edwards et al. (2017) estudando a estrutura genética do gessamento em arroz com uma população de RILs, provenientes de um cruzamento de subespécies

diferentes, observou variação transgressiva para o incremento desse caráter, encontrando quatro QTL associados com largura e comprimento de grãos e sugeriu que pequenas diferenças na largura dos grãos estão associadas com o gessamento. Experimentos de mapeamento de QTL confirmaram que o tamanho, forma e peso das sementes estão sob controle poligênico no arroz (FITZGERALD et al., 2009) e que o peso do grão é determinado pelo tamanho (ZHANG et al., 2012), apresentando então influência na produtividade.

Quando genótipos geneticamente contrastantes para gessamento, como é o caso dos genitores utilizados neste trabalho, são cruzados para que haja a recombinação de alelos de interesse para o melhoramento genético, existe um potencial de presença e eventualmente até aumento da área gessada e redução da brancura vítrea na progênie (EDWARDS et al., 2017). Estudos relacionados com análises químicas da parte gessada e translúcida do endosperma do arroz, demonstraram que a parte gessada contém maior quantidade de amido em comparação com a parte vítrea (LIN et al., 2016; LISLE et al., 2000). Sendo assim, a maior quantidade de amido nos grãos influencia na massa total destes, tornando-os mais pesados. Portanto torna-se essencial conhecer os fatores genéticos que afetam a translucidez para realizar o desenvolvimento de novos genótipos produtivos e com alta qualidade.

Ainda sobre o primeiro par canônico, observa-se que o aumento no teor de amilose (TA) foi determinante para o aumento da produtividade por planta (MTG) e seus componentes de produção. O gene *Waxy* (*Wx*) está envolvido na síntese de amilose no endosperma do arroz (ZHANG et al., 2017), apresentando dois alelos funcionais principais, *Wx^a* e *Wx^b*. O alelo *Wx^a* está presente em genótipos da subespécie *indica* e o *Wx^b* na subespécie *japonica*. Uma mutação no alelo *Wx^b* faz com que esse produza menos proteína *Waxy* e consequentemente apresente menor conteúdo de amilose (CROFTS, 2012).

Genótipos da subespécie *indica* apresentam grãos com maior relação comprimento/largura, e consequentemente revelam maior peso de grãos, afetando a produtividade de forma positiva. O cruzamento entre os genótipos BRS Querência e Nipponbare (subespécies diferentes) possibilitou evidenciar esta relação positiva entre esses caracteres.

Tabela 2.3. Cargas canônicas entre caracteres de qualidade de grãos (grupo 1) e caracteres agrônômicos (grupo 2), analisados linhagens de arroz provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência e Nipponbare. CGF-FAEM/UFPel, Pelotas – RS, 2020.

Caráter	Pares canônicos				
	1°	2°	3°	4°	5°
Grupo 1					
BV ¹	-0,717	-0,190	0,286	-0,283	-0,136
GQ	-0,032	-0,623	0,107	0,325	0,690
GG	0,558	-0,222	0,353	-0,192	0,085
GB	0,696	0,298	0,533	-0,289	0,135
GR	0,319	-0,573	0,453	0,010	-0,322
TA	0,716	-0,312	-0,360	-0,017	-0,003
TG	0,346	0,250	-0,008	0,875	-0,187
Grupo 2					
CP	0,129	-0,066	-0,658	-0,418	-0,338
NEF	0,566	0,014	-0,444	0,404	-0,192
NEE	0,405	0,042	-0,776	0,170	0,462
AP	-0,153	-0,121	-0,663	0,330	-0,069
NPP	0,237	-0,368	0,052	-0,342	-0,136
MCG	0,020	-0,007	0,107	-0,412	0,564
MTG	0,676	-0,529	-0,382	-0,092	-0,105
DF	0,248	0,708	0,072	-0,800	-0,121
r	0,817	0,714	0,561	0,431	0,326
p	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01	<0,01

¹ BV = brancura vítrea; GQ = grãos quebrados; GG = grãos gessados; GB = grãos barriga branca; GR = grãos rajados; TA = teor de amilose aparente; TG = temperatura de gelatinização; CP = comprimento de panícula (cm); NEF = número de espiguetas férteis; NEE = número de espiguetas estéreis; AP = altura de planta; NPP = número de panículas por planta; MCG = massa de cem grãos; MTG = massa total de grãos por planta; DF = dias para o florescimento; r = coeficiente de correlação; p = nível de significância.

O segundo par canônico revelou correlação de $r=0,714$ entre os grupos de variáveis analisadas. Observou-se que a percentagem de grãos quebrados (GQ) esteve diretamente relacionada com dias para o florescimento (DF). O aumento na fase vegetativa no arroz permite que a planta produza maior quantidade de biomassa, o que contribui para incrementar as reservas de fotoassimilados no colmo, que poderão ser translocados para o enchimento de grãos (STRECK et al., 2006). Por outro lado, colheitas realizadas tardiamente levam a maiores percentuais de grãos quebrados, por estes estarem mais expostos às condições climáticas adversas,

aumentando a quantidade de grãos malformados no período de enchimento de grãos, afetando a etapa do beneficiamento (MARCHEZAN, 1991).

A diminuição de grãos quebrados (GQ) teve alta relação com a diminuição no número de panículas por planta (NPP) e produtividade por planta (MTG), no segundo par canônico. Os grãos em uma panícula de arroz florescem em um intervalo de aproximadamente sete dias, e os grãos na ráquis primária da panícula passam mais rápido pelo período de enchimento do que os localizados em posição secundária (MOHAPATRA et al., 2009). Quando se tem grande quantidade de panículas por planta, maior é o intervalo de floração (KUNZE; CALDERWOOD, 1985). Isto significa que quando os grãos são colhidos, o período entre a maturidade fisiológica e a colheita difere para cada grão, resultando em um conteúdo de umidade variável nos grãos recém-colhidos, o que leva a maior quantidade de quebrados (FITZGERALD, 2017). O número de panículas por planta é fortemente relacionado à produtividade de grãos no arroz, sendo um dos principais componentes de produção (DALCHIAVON et al., 2012), quanto maior o número de panículas por planta, maior tende a ser a produtividade dessa, porém, não quer dizer melhor qualidade de grãos.

O terceiro par canônico evidenciou correlação de $r=0,561$ em relação aos grupos de caracteres analisados. Através deste par canônico foi possível verificar que o aumento da percentagem de grãos barriga branca (GB) teve alta relação com a diminuição de comprimento de panícula (CP), altura de planta (AP), produtividade por planta (MTG) e seus componentes de produção (NEF e NEE). O tamanho da panícula influencia na variação do peso e da qualidade dos grãos contidos nela (WANG et al., 2008), sendo assim, panículas mais compactas apresentam maior variação na aparência dos grãos, devido a maturidade desses (CHENG et al., 2007). Além disso, os grãos totalmente gessados ou com barriga branca são encontrados geralmente na ráquis secundária da panícula, por iniciar o desenvolvimento mais tarde que aqueles posicionados em posições primárias (LISLE et al., 2000).

A altura de plantas apresenta relação com eficiência de fotoassimilados que serão translocados para os grãos na fase de enchimento. Plantas mais altas apresentam muitas vezes maior acúmulo de biomassa e tornam-se mais competitivas por luz e conseqüentemente podem ser mais eficientes na síntese de fotoassimilados (SHEN et al., 2014). Dentro do endosperma do arroz, a formação de tecidos gessados é relacionada ao suprimento insuficiente de metabólitos produzidos na fase vegetativa do desenvolvimento do arroz, havendo perturbação no crescimento de grânulos de

amido, levando ao surgimento de áreas gessadas (LIN et al., 2016), podendo desta forma estar relacionado à menor altura de planta.

A formação de grãos gessados, caráter quantitativo (SREENIVASULU et al., 2015), é altamente influenciada pelas condições de ambiente impostas no período de enchimento de grãos (FITZGERALD, 2017). Principalmente por ser também um caráter quantitativo, controlado por grande número de genes e determinado por seus componentes de produção (BOLDIERE et al., 2010), em que diversas condições adversas podem ocasionar menor produção de espiguetas por panícula e consequentemente levando a menor produtividade por planta.

O segundo e terceiro par canônico revelaram a influência da percentagem de grãos rajados (GR) sobre o grupo de caracteres agronômicos. No segundo par canônico a diminuição de GR apresentou relação com o aumento do caráter DF e diminuição do NPP e MTG, e o aumento de GR no terceiro par canônico revelou associação com a diminuição dos caracteres CP, NEF, NEE, AP e MTG. A pureza genética do arroz destinado a comercialização interfere na qualidade do produto, sendo que a presença do arroz vermelho agrava ainda mais a situação por comprometer o enquadramento em tipo comercial, pela ocorrência de rajados (CASTRO et al., 1999). Estudos vêm avaliando a hipótese de fluxo gênico de cultivares normais para o arroz vermelho, e vice-versa, havendo também forte seleção para a fixação de caracteres que dificultam na identificação a campo, tornando-o morfologicamente mais semelhantes às cultivares (MALONE et al., 2007).

Pela existência do fluxo gênico, há a transferência de alelos para o arroz branco, sendo que esses podem apresentar características agronômicas do arroz vermelho daninho tais como: menor número de panícula por planta e número de espiguetas, menor produtividade e ciclo mais curto (MENEZES et al., 2011; PEREIRA; MORAIS, 2014; SCHWANKE et al., 2008), principalmente pelos caracteres presentes no arroz vermelho serem controlados por alelos de ação dominante sobre os alelos presentes no arroz branco (CRAIGMILES, 1978). Ecótipos de arroz vermelho normalmente apresentam altura superior à dos genótipos comerciais (SCHWANKE et al., 2008; MENEZES et al., 2011), porém, estudos com genótipos de arroz contrastantes para a altura revelaram que esse caráter apresenta distribuição contínua e segregação transgressiva no sentido do genitor mais baixo (SERAFIM, 2003).

No quarto par canônico observou-se que a correlação entre os grupos analisados foi de $r=0,431$. Além disso foi possível verificar que o aumento do caráter temperatura de gelatinização (TG) teve relação com a diminuição dos caracteres CP, DF e MCG e no aumento do caráter NEF. A temperatura de gelatinização é aquela quando os grânulos de amido perdem a ordem cristalina de forma irreversível durante o cozimento dos grãos de arroz (LIU et al., 2017). A alta temperatura de gelatinização indica a presença de amidos com menor conteúdo de amilose no endosperma do arroz, sendo sua síntese afetada por condições climáticas adversas (BECKLES; THITISAKSAKUL, 2014). Estudos relatam que grãos bem desenvolvidos apresentaram maior conteúdo de amilose do que aqueles menos desenvolvidos dentro de uma panícula (CHENG et al., 2007), estando relacionado com a menor produção de carboidratos, que pode ser proporcionado por um curto período vegetativo, e consequentemente, grãos mal formados apresentam menor peso (MCG), apresentando correlação positiva com o teor de amilose (MATSUE et al., 1994). Além disso, o teor de amilose nos grãos de arroz é dependente do tamanho da panícula, variando em relação à estrutura dessa, onde panículas mais compactas apresentam maior quantidade de espiguetas, o que aumenta a competição entre elas pela mobilização de carboidratos, fazendo com que apresente grãos com teores diferenciados de amilose dentro de uma mesma panícula (CHENG et al., 2007), influenciando na qualidade de grãos.

O quinto par canônico revelou correlação de $r= 0,326$ entre os grupos, e a partir disso foi possível verificar que o aumento do GQ teve relação com o aumento de NEE e MCG. Os grãos de arroz quebram devido a fissuras que ocorrem dentro deles, sendo essas fissuras o resultado de linhas de fraqueza que são agravadas durante o beneficiamento (FITZGERALD, 2017). Os grãos gessados estão associados com a percentagem de grãos quebrados, pois estes são provenientes de um distúrbio no momento do arranjo das moléculas de amido e proteínas que se organizam de forma não compacta, tendo espaços entre as moléculas preenchidos com ar, que possibilita ao grão ser facilmente quebrado na hora do beneficiamento (LIU et al., 2009). Além disso os grãos gessados estão negativamente correlacionados com o tamanho do grão, sendo que grãos pequenos e finos tem menor frequência de gessamento (HORI et al., 2013), e consequentemente revelam menor massa de 100 grãos.

A legislação brasileira exige uma renda base de 68% para o rendimento de benefício, sendo 40% de grãos inteiros e 28% de grãos quebrados e quirera, valores

abaixo desses estão fora dos padrões para comercialização do produto (BRASIL, 2009). Portanto, essas exigências estão correlacionadas às características genéticas de cada cultivar e ambientais como: condições climáticas, práticas culturais e manejo durante todo o desenvolvimento da cultura do arroz (BHATTACHARYA, 1980). Condições essas que influenciam também na formação dos grãos, desde a fertilidade das espiguetas à maturação dos grãos.

O cruzamento entre subespécies *indica* e *japonica* de arroz leva à divergência de fenótipos e adaptações em relação ao ambiente devido aos caracteres contrastantes que existem entre essas duas (KOSTYLEV et al., 2017). Portanto, a hibridação *indica-japonica* tornou-se uma importante estratégia de melhoramento de arroz para integrar as características desejadas das duas subespécies (MAO et al., 2017). Há diferenças substanciais em relação aos caracteres de qualidade de grãos entre as subespécies, quanto a forma e tamanho dos grãos, percentagem de gessamento e brancura vítrea, teor de amilose e temperatura de gelatinização (CHENG et al. 2002; OLSEN et al. 2006). Mao et al. (2010) estudaram as interações entre características das subespécies sob influência de condições climáticas e observaram certos efeitos sobre a qualidade dos grãos.

Verificar a relação entre grupos de caracteres de qualidade e produtividade em cruzamentos com genótipos contrastantes auxilia na seleção indireta desses, no planejamento de estratégias de seleção, além de facilitar a identificação de linhagens promissoras que podem ser utilizadas em programas de melhoramento genético de arroz.

2.4. Conclusões

Os grupos de caracteres de qualidade de grãos e agronômicos não são independentes. Os caracteres número de panículas por planta e teor de amilose têm maior correlação fenotípica e genética com o caráter produtividade por planta, devendo ser priorizados na seleção indireta. Há uma tendência dos caracteres relacionados ao teor de amilose (grãos gessados, barriga branca e temperatura de gelatinização) e grãos quebrados estarem associados à produtividade de grãos e/ou aos seus componentes, de acordo com a análise dos pares canônicos.

2.5. Referências Bibliográficas

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

ALVAREZ, R. C. F.; CRUSCIOL, C. A. C.; NASCENTE, A. S. Análise de crescimento e produtividade de cultivares de arroz de terras altas dos tipos tradicional, intermediário e moderno. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.42, n.4, p.397-406, 2012.

BECKLES, D. M.; THITISAKSAKUL, M. How environmental stress affects starch composition and functionality in cereal endosperm. **Starch/Stärke**, v.66, p.58-71, 2014.

BHATTACHARYA, K. R. Breakage of rice during milling: a review. **Tropical Science**, v.22, n.2, p.225-276, 1980.

BIRLA, D. S.; MALIK, K.; SAINGER, M.; CHAUDHARY, D.; JAIWAL, R.; JAIWAL, P. K. Progress and challenges in improving the nutritional quality of rice (*Oryza sativa* L.). **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, v.57, n.11, p.2455-2481, 2017.

BOLDIERI, F. M.; CAZETTA, D. A.; FILHO, D. F.; Adubação nitrogenada em cultivares de arroz de terras altas. **Revista Ceres**, v.57, n.3, p.421-428, 2010.

BORBORA, T. K.; HAZARIKA, G. N.; MEDHI, A. K. Correlation and path analysis for plant and panicle characters in rice (*Oryza sativa*). **Agricultural Biotechnology**, v.30, n.20, p.215-220, 2005.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Instrução Normativa no 06, de 16 de fevereiro de 2009. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF, 17 fev. 2009. Seção 1.

CASTRO, E. M.; VEIRA, R. A.; RABELO, R. R.; SILVA, S. A. **Qualidade de grãos em arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1999. 30p.

CHENG, F. M.; ZHANG, Q. F.; ZHU, H. J.; ZHAO, N. C.; WANG, F.; CHEN, K. M. ZHANG, G. P. The difference in amylose content within a panicle as affected by the panicle morphology of rice cultivars. **Journal of Cereal Science**, v. 46, p. 49-57, 2007.

CHENG, S. H.; WU, J. G.; LOU, X. B.; ZHU, J.; WU, P. Genetic analysis of transparency and chalkiness area at different filling stages of rice (*Oryza sativa* L.). **Field Crops Research**, v.76, p.1-9, 2002.

COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; CARVALHO, F. I. F. Correlações canônicas: II – Análise do rendimento de grãos de feijão e seus componentes. **Ciência Rural**, v.30, n.1, p.31-35, 2000.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Produção de arroz.** Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>. Acessado em: 22 de janeiro de 2019.

CRAIGMILES, J. P. **Red rice: research and control.** Proceedings of a symposium held a Texas A&M University agricultural research and extension center at Beaumont Beaumont, Texas: A&M University, 1978. 56p.

CROFTS, N.; ABE, K. AIHARA, S.; ITOH, R.; NAKAMURA, Y.; ITOG, K. FUJITA, N. Lack of starch synthase IIIa and high expression of granule-bound starch synthase I synergistically increase the apparent amylose content in rice endosperm. **Plant Science**, v.193, n.194, p.62-69, 2012.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** v.2. ed. Viçosa: UFV, 2003. 585p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3. ed. Viçosa: UFV, v.1, 2014. 480p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 2. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.

DALCHIAVON, F. C.; CARVALHO, M. P.; COLETTI, A. J.; CAIONE, G.; SILVA, A. F.; ANDREOTTI, M. Linear correlation between components production and yield of rice upland in no-tillage. **Ciências Agrárias**, v.33, n.5, p.1629-1642, 2012.

DENARDIN, C. C.; SILVA, L. P. Estrutura dos grânulos de amido e sua relação com propriedades físico-químicas. **Ciência Rural**, v.39, n.3, p. 945-954, 2008.

EDWARDS, J.; 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.

FALCONER, D.S. **Introdução à Genética Quantitativa.** Viçosa: Imprensa Universitária da Universidade Federal de Viçosa: Viçosa, 1987. 279 p.

FITZGERALD, M. A. Rice: Grain-Quality Characteristics and Management of Quality Requirements. In. **Cereal Grains.** 2. ed. Meadowbank, Austrália: Woodhead Publishing, 2017, p.291-315.

FITZGERALD, M. A.; MCCOUCH, S. R.; HALL, R. D. Not a just a grain of rice: the quest for quality. **Trends in Plant Science**, v.14, n.3, p.133-139, 2009.

FORNASIERI FILHO, D.; FORNASIERI, J.L. **Manual da cultura do arroz.** Jaboticabal: Funep, 1993. 220p.

HOOVER, R.; RATNAYAKE, W. S. Determination of total amylose content of starch. **Current Protocols in Food Analytical Chemistry** (CPFA), p. E2.3.1-E2.3.5, 2001.

HORI, K.; YANO, M. Genetic improvement of grain quality in japonica rice. In: **Translational Genomics for Crop Breeding: Abiotic Stress, Yield and Quality**. 2. ed. Iowa, USA: Wiley Blackwell, p.143-160, 2013.

JANE, J.; CHEN, Y. Y.; LEE, L. F.; McPHERSON, A. E.; WONG, K. S.; RADOSAVLJEVIC, M.; KASEMSUWAN, T. Effects of Amylopectin Branch Chain Length and Amylose Content on the Gelatinization and Pasting Properties of Starch. **Cereal Chemistry**, v.76, n.5, p.629-637, 1999.

KHUSH, G. S. What it will take to feed 5.0 billion rice consumers in 2030? **Plant Molecular Biology**, v.59, p.1-6, 2005.

KOSTYLEV, P. I.; ALABUSHEV, A. V.; KRASNOVA, E. V.; REDKIN, A. A.; KOSTYLEVA, L. M. A study of F1 rice hybrids from crossing two subspecies: *indica* and *japonica*, in south Russia's climate. **Biosciences Biotechnology Research Asia**, v.14, n.1, p.209, 2017.

KUNZE, O. R.; CALDERWOOD, D. L. Rough rice drying. In: **Rice Chemistry and technology**. St Paul, MN: American Association of Cereal Chemistry, 1985, p.223-268.

LIN, Z.; ZHENG, D.; ZHANG, X.; WANG, Z.; LEI, J.; LIU, Z.; LI, G.; WANG, S.; DING, Y. Chalky part differs in chemical composition from translucent part of japonica rice grains as revealed by a notched-belly mutant with white-bell. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v.96, p.3937-3943, 2016.

LISLE, A. J.; MARTIN, M.; FITZGERALD, M. A. Chalky and Translucent Rice Grains Differ in Starch Composition and Structure and Cooking Properties. **Cereal Chemistry**, v.77, n.5, p.627-632, 2000.

LIU, J.; ZHAO, Q.; ZHOU, L.; CAO, Z.; SHI, C.; CHENG, F. Influence of environmental temperature during grain filling period on granule size distribution of rice starch and its relation to gelatinization properties. **Journal of Cereal Science**, v.76, p.42-55, 2017.

LIU, Q. H.; ZHOU, X.; YANG, L.; LI, T. 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.

MACOVEI, A.; GILL, S. S.; TUTEJA, N. microRNAs as promising tools for improving stress tolerance in rice. **Plant Signaling & Behavior**, v.7, p.1-6, 2012.

MALONE, G.; ZIMMER, P. D.; CASTRO, M. A. S.; ARIAS, L. N.; MENEGHELLO, G. E.; PESKE, S. T. Caracterização bioquímica e molecular de acessos de arroz vermelho coletados no estado do Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n.2, p.77-85, 2007.

MAO, T.; XU, H.; GUO, Y. H.; ZHU, C. J.; CHEN, K.; WANG, J. Y.; XU, Z. J. Relationship between subspecies differentiation and rice quality traits in RILs population from *indica-japonica* cross. **Chinese Journal of Rice Science**, v.24, p.474-478, 2010.

MAO, T.; XU, L.; JIANG, S.; TANG, L.; WANG, J.; XU, H.; XU, Z. Discussion on strategy of grain quality improvement for super high yielding japonica rice in Northeast China. **Journal of Integrative Agriculture**, v.16, n.15, p.1075-1083, 2017.

MARCHEZAN, E. Grãos inteiros em arroz. **Lavoura Arrozeira**, Porto Alegre, v. 44, n. 398, p.3-8, 1991.

MARTINÉZ, C.; CUEVAS, F. Evaluación de la calidad culinaria y molinera del arroz. In. **Guía de estudio para ser usada como complemento de la unidad auditutorial sobre el mismo tema**. 3. ed. Cali: CIAT, 1989. 73p.

MATSUE, Y.; ODAHARA, K.; HIRAMATSU, M. Differences in protein content, amylose content and palatability in relation to location of grains within rice panicle. **Japanese Journal of Crop Science**, v.63, n.2, p.271-277, 1994.

MCGRANE, S.; CORNELL, H.; RIX, C.A. Simple and rapid colourimetric method for the determination of amylose in starch products. **Starch: International Journal for the Investigation, Processing and Use of Carbohydrates and Their Derivatives**, v.50, n.4, p.158-163, 1998.

MENEZES, B. R. S.; MOREIRA, L. B.; LOPES, H. M.; PEREIRA, M. B. Caracterização morfoagronômica em arroz vermelho e arroz de sequeiro. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.41, n.4, p.490-499, 2011.

MOHAPATRA, P. K.; SARKAR, R. K.; KUANAR, S. R. Starch synthesizing enzymes and sink strength of grains of contrasting rice cultivars. **Plant Science**, v.176, p.256-263, 2009.

MONTEIRO, M. A. M.; MONTEIRO, A. J. A.; COSTA, E. M. V.; GARCIA, M. A. V. T. Classificação do arroz (*Oryza sativa* L.) utilizado em restaurantes do município de Belo Horizonte-MG. **Brazilian Journal of Food Technology**, v.19, p. e2015004, 2016.

OLSEN, K. M.; CAICEDO, A. L.; POLATO, N.; MCCLUNG, A.; MCCOUCH, S.; PURUGGANAN, M. D. Selection under domestication: Evidence for a sweep in the rice waxy genomic region. **Genetics**, v.173, p.975-983, 2006.

PANG, Y.; ALI, J.; WANG, X.; FRANJE, N. J.; REVILLEZA, J. E.; XU, J.; LI, Z. Relationship of Rice Grain Amylose, Gelatinization Temperature and Pasting Properties for Breeding Better Eating and Cooking Quality of Rice Varieties. **PLoS ONE**, v.11, n.12, p.e0168483, 2016.

PATINDOL, J.; WANG, Y. J. Fine structures and physicochemical properties of starches from chalky and translucent rice kernels. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v.51, n.9, p.2777-2784, 2003.

PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P. As Variedades de Arroz Vermelho Brasileiras. (**Documentos 229**/ Embrapa Meio-Norte) Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2014, 39 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; PINTO, J. C. S. B. P. **Genética na Agropecuária**. 5 ed. Lavras, Minas Gerais: UFLA, 2012, 565p.

RASHEED, M. S.; SADAQAT, H. A; BABAR. M. Correlation and path analysis for yield and its components in Rice. **Asian Journal of Plant Sciences**, n.1, v.3, p.241-244, 2002.

RASHID, K.; KHALIC, I.; FAROOQ, M. O.; AHSAN, M. Z. Correlation and cluster analysis of some yield and yield related traits in rice (*Oryza sativa*). **International Journal of Agricultural Science and Research**, v.3, n.4, p.25-30, 2013.

RIBEIRO, N. D.; MELLO, R. M.; DALLA COSTA, R.; SLUSZZ, T. Correlações genéticas de caracteres agromorfológicos e suas implicações na seleção de genótipos de feijão carioca. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.7, n.2, p.93-99, 2001.

SANTOS, J. B.; VENCOSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agrônômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Prática**, v.103, n.3, p.265-272, 1986.

SANTOS, P. R.; PREISIGKE, S. C.; PIO VIANA, A.; CAVALCANTE, N. R.; BEZERRA DE SOUSA, C. M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Associations between vegetative and production traits in guava tree full-sib progenies. **Pesquisa agropecuária brasileira** v.52, p.303-310, 2017.

SCHWANKE, A. M. L.; NOLDIN, J. A.; ANDRES, A.; PROCÓPIO, S.O.; CONCENÇO, G. Caracterização morfológica de ecótipos de arroz daninho (*Oryza sativa*) provenientes de áreas de arroz irrigado. **Planta Daninha**, v.26, n.2, p.249-260, 2008.

SERAFIM, D. C. S. **Mapeamento de QTLs para tolerância ao frio e características de importância agrônômica em arroz**. 2003. 68 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2003.

SHEN, G.; ZHAN, W.; CHEN, H.; XING, Z. Dominance and epistasis are the main contributors to heterosis for plant height in rice. **Plant science**, v.215, n. 216, p.11-18, 2014.

SMIDERLE, O. J.; DIAS, C. T. dos S. Época de colheita e qualidade fisiológica de sementes em arroz irrigado (*Oryza sativa* L. cv. BRS Roraima). **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.38, p.188-194, 2008.

SORATTO, R. P.; CRUSCIOL, C. A. C.; MELLO, F. F. C. Componentes da produção e produtividade de cultivares de arroz e feijão em função de calcário e gesso aplicados na superfície do solo. **Bragantia**, v.69, n.4, p.965-974, 2010.

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

STRECK, E. A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; PERIN, L.; FAGUNDES, P. R. R.; COSTA DE OLIVEIRA, A. 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.

STRECK, N. A.; BOSCO, L. C.; MICHELON, S.; WALTER, L. C.; MARCOLIN, E. Duration of developmental cycle of rice cultivars as a function of main stem leaf appearance. **Ciência Rural**, v.36, n.4, p.1086-1093, 2006.

USDA - UNITED STATE DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **World Agricultural Production**. Disponível em: <http://usda.library.cornell.edu/concern/publications/5q47rn72z?locale=en>. Acessado em: 22 de janeiro de 2019.

WALTER, L. C.; STRECK, N. A.; ROSA, H. T.; KRÜGER, C. A. M. B. Mudança climática e seus efeitos na cultura do arroz. **Ciência Rural**, v.40, n.11, p.2411-2418, 2010.

WANG, F.; CHENG, F.; ZHANG, G. Impact of cultivar variation in grain density of rice panicle on grain weight and quality. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v.88, p.897-903, 2008.

YANG, L.; WANG, Y.; DONG, G.; GU, H.; HUANG, J.; ZHU, J.; HAN, Y. The impact of free-air CO₂ enrichment (FACE) and nitrogen supply on grain quality of rice. **Field Crops Research**, v.102, n.2, p.128-140, 2007.

YANG, L.; WANG, Y. Impact of climate change on rice grain quality. In. **Rice Chemistry and Technology**, 4. ed. Hangzhou: AACC International Press, 2019, p.427-441.

ZHANG, J.; ZHANG, H.; BOTELLA, J. R.; XHU, J. Generation of new glutinous rice by CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of the *Waxy* gene in elite rice varieties. **Journal of Integrative Plant Biology**, v.60, n.5, p.369-375, 2018.

ZHANG, X.; WANG, J.; HUANG, J.; LAN, H.; WANG, C.; YIN, C.; WU, Y.; TANG, H.; QIAN, Q.; LI, J.; ZHANG, H. Rare allele of *OsPPKL1* associated with grain length causes extra-large grain and a significant yield increase in rice. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v.109, n.52, p. 21534-21539, 2012.

Capítulo 3: Seleção de linhagens promissoras de arroz irrigado utilizando modelos mistos

3.1. Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais consumidos do mundo, sendo a maior taxa de consumo observada nos países em desenvolvimento, constituindo a base alimentar de mais de três bilhões de pessoas (SOSBAI, 2018). É cultivado em mais de 160 milhões de hectares (USDA, 2018), nos mais variados ecossistemas, fato este, permitido pelo processo evolutivo natural e dirigido pelo homem, através do melhoramento genético, que tem levado à sua adaptação às diferentes condições edafoclimáticas (TERRA et al., 2013). O arroz apresenta papel importante na segurança alimentar, a qual vem sendo ameaçada pelas condições ambientais adversas resultantes das mudanças climáticas, devido aos impactos negativos gerados na natureza por práticas humanas impróprias (QUIAN et al., 2016).

Além de genótipos mais produtivos, com melhores respostas a estresses bióticos e abióticos, visando garantir a segurança alimentar, os programas de melhoramento de arroz nas últimas décadas têm também levado em consideração a melhoria de caracteres relacionados a qualidade de grãos (STRECK et al., 2018), sendo necessário para isso, variabilidade genética. O arroz apresenta duas subespécies de importância econômica, *indica* e *japonica*, sendo bem distintas entre si, tanto em características agrônômicas quanto para caracteres relacionados à qualidade de grãos, destacando o tamanho e forma de grãos, percentagem de gessamento, brancura vítrea e teor de amilose (CHENG et al., 2002; OLSEN et al., 2006), apresentando-se como os principais caracteres relacionados com a aceitabilidade do produto pelo consumidor.

Uma das estratégias utilizadas para a ampliação da variabilidade genética em programas de melhoramento, é a hibridação. Em arroz, o cruzamento entre subespécies diferentes (*indica-japonica*) é um método importante para integrar caracteres de interesse na formação de genótipos superiores (MAO et al., 2017). Estes genótipos podem compor blocos de cruzamento para a obtenção de uma população segregante, com variabilidade genética e elevada probabilidade de identificação de indivíduos transgressivos. Para auxiliar na seleção destes, os modelos mistos tornam-se uma ferramenta estatística valiosa.

Desde a década de 1990, os métodos de modelos mistos vêm ganhando mais espaço na avaliação estatística de genótipos em ensaios de melhoramento genético. Estas técnicas permitem uma estimativa mais robusta e precisa dos parâmetros genéticos e ambientais, bem como a predição de valores genotípicos de uma forma menos tendenciosa (SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005).

Uma das dificuldades para a seleção de genótipos superiores é a interação genótipo x ambiente, dificultando a obtenção de ganhos genéticos (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Para isso, o BLUP (do inglês, *Best Linear Unbiased Prediction* – melhor predição linear não viesada) vêm sendo utilizado, principalmente por apresentar respostas com base nos valores genotípicos preditos livres dos efeitos de ambiente (NETO et al., 2013). Em decorrência disto, tem-se observado um número crescente de trabalhos que avaliam o comportamento de culturas anuais e a realização da seleção de genótipos através desta abordagem, como em arroz irrigado (REIS et al., 2015), arroz de terras altas (BORGES et al., 2010; NETO et al., 2013), milho (MENDES et al., 2012), trigo (PIMENTEL et al., 2014), algodão (CARVALHO et al., 2016), dentre outros.

A partir do exposto, o objetivo do trabalho foi selecionar linhagens promissoras provenientes de um cruzamento entre os genótipos BRS Querência (*Oryza sativa* L. sp. *indica*) e Nipponbare (*Oryza sativa* L. sp. *japonica*), com o auxílio do método de modelos mistos BLUP, buscando caracteres de interesse agrônomo e de qualidade de grãos.

3.2. Material e Métodos

3.2.1. Genótipos, manejo e delineamento experimental

O experimento foi iniciado em 2010 com o cruzamento entre os genótipos BRS Querência (*Oryza sativa* sp. *indica*) X Nipponbare (*Oryza sativa* sp. *japonica*), que deu origem a uma população segregante de linhagens endogâmicas recombinantes (RILs, do inglês, *Recombinant Inbreed Lines*), sendo que cada linha constitui uma família. Utilizou-se o método de condução SSD (*Single Seed Descent*) para avançar gerações, sendo obtidas 131 famílias na geração F₆ e 128 em F₇.

A condução dessas gerações em um mesmo ambiente de cultivo foi realizada nas safras agrícolas de 2014/2015 e 2015/2016, na Estação Experimental Terras Baixas, pertencente a Embrapa Clima Temperado, localizada nas coordenadas

geográficas, 31°48'49" de latitude Sul e 52°28'20" de longitude Oeste, no município do Capão do Leão, no estado do Rio Grande do Sul. A semeadura na safra de 2014/2015 foi realizada no mês de dezembro, enquanto que a semeadura da safra 2015/2016 foi feita no mês de novembro. Os dados de temperatura média mensal, média das temperaturas mínimas e média das temperaturas máximas dos meses de cultivo apresenta-se na figura 3.1.

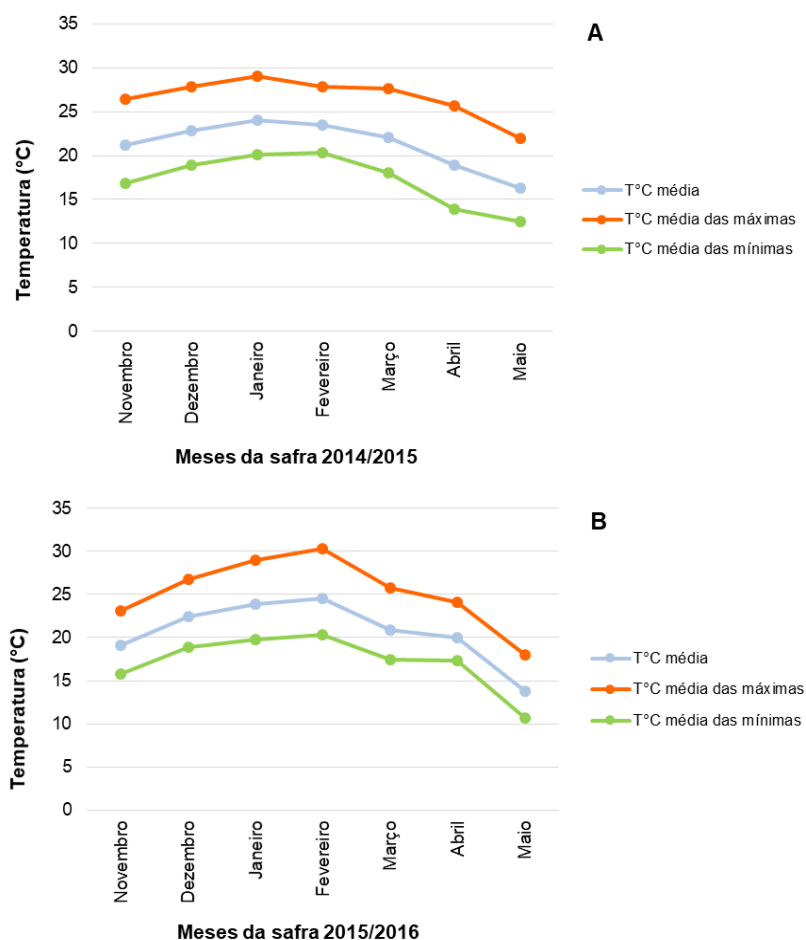


Figura 3.1. Dados climáticos referentes a temperatura do ar, com a temperatura média do ar (T°C média), média das temperaturas máximas do ar (T°C média das máximas) e média das temperaturas mínimas do ar (T°C média das mínimas), para os meses da safra de cultivo 2014/2015 (A) e 2015/2016 (B), no município do Capão do Leão/RS. **Fonte:** Estação Agroclimatológica de Pelotas (Convênio EMBRAPA/UFPel/INMET) (ADAPTADO). CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020.

As linhagens e os genitores foram semeados seguindo um delineamento de blocos incompletos com testemunhas intercalares, sendo os genitores (BRS Querência e Nipponbare) dispostos em quatro repetições (RAMALHO et al., 2012). A parcela experimental consistiu-se em uma linha de 1,5 metros de comprimento, espaçada de 0,30 metros, sendo cada linhagem e os genitores (testemunhas) compostos por 15 plantas. A adubação básica foi de 300 kg.ha⁻¹ de NPK (05-20-20) e

60 kg.ha⁻¹ de nitrogênio na forma de ureia, aplicada em cobertura no início da fase de perfilhamento. A altura da lâmina de água variou entre 7,5 e 10 cm, sendo o início da submersão do solo aos 30 dias após a emergência das plântulas. Práticas de manejo cultural, como controle de plantas daninhas, doenças e insetos-praga foram realizadas de acordo com as recomendações para o arroz irrigado no Sul do Brasil (SOSBAI, 2014).

3.2.2. Caracteres avaliados

3.2.2.1. Agronômicos

Os caracteres agronômicos foram avaliados nas gerações F₆ e F₇. No campo foram realizadas as avaliações de estatura de plantas (AP, em cm), obtidas através da aferição individual de dez plantas utilizando uma régua graduada, medindo a distância do solo até a espiguetas mais alta da planta.

Ao final do ciclo reprodutivo, dez plantas de cada linhagem foram colhidas individualmente. Mensurou-se os caracteres: comprimento da panícula (CP, em cm), obtido através de uma régua graduada. Número de panículas por planta (NPP, em unidades), obtido através da contagem do número de panículas viáveis por planta. Número de espiguetas férteis por panícula (NEF, em unidades), mensurou-se o número de espiguetas férteis contidas em cada panícula. Número de espiguetas estéreis por panícula (NEE, em unidades), obtido através da contagem do número de espiguetas estéreis em cada panícula; e massa total de grãos produzidos por planta (MTG, em g), obtida através da aferição da massa dos grãos contidos nas espiguetas férteis da planta.

3.2.2.2. Qualidade de grãos

Foram selecionadas as 40 linhagens mais produtivas, em relação as médias fenotípicas, da geração F₆, para as análises de qualidade de grãos, avaliando-se também os genitores. Os grãos de cada linhagem passaram pelo processo de beneficiamento em um mini-engenho de provas (Suzuki – MT) para o descascamento e polimento. De modo a realizar a aferição dos atributos físicos de qualidade intrínsecos dos grãos, analisando-se uma amostra de 10 g de cada linhagem, utilizou-se o analisador estatístico de grãos S21, baseado na análise de imagens digitais de cada amostra, revelando os seguintes parâmetros: grãos quebrados (GQ, em %);

grãos gessados (GG, em %); grãos barriga branca (GB, em %), grãos rajados (GR, em %) e brancura vítrea (BV, em %).

Para atributos intrínsecos à qualidade culinária, o teor de amilose aparente (TA) foi determinado pelo método colorimétrico com iodo, conforme o protocolo de McGrane, Cornell e Rix (1998) com modificações sugeridas por Hoover e Ratnayake (2001). Para preparo da farinha de arroz, 10g de grãos inteiros sem defeitos foram selecionados e moídos em moinho tipo Willey (Marconi, Piracicaba, Brasil), com peneira de 0,5 mm de abertura. O teor de amilose foi determinado através de curva de calibração elaborada com amilose de batata. A interpretação dos resultados foi baseada nas seguintes classes: Amilose Alta (teor de amilose entre 25 e 33%), Amilose Intermediária (teor de amilose entre 20 e 25%) e Amilose baixa (teor de amilose entre 9 e 20%), conforme Coffman e Juliano (1987). O resultado foi expresso em % de amilose aparente.

3.2.3. Análises estatísticas

O modelo, $y = X_{PLANTA} + Z_{LIM} + e$, foi utilizado nas análises estatísticas, em que, y : é o vetor de dados;

$PLANTA$: é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

LIM : é o vetor dos efeitos genotípicos das linhagens (assumidos como aleatórios);

e : é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). Para os efeitos aleatórios das linhagens e dos resíduos assumiram-se os seguintes pressupostos das distribuições de probabilidade $IID \sim N(0, \sigma^2)$.

As letras maiúsculas X e Z representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Os dados foram submetidos à análise de modelos mistos utilizando o conjunto REML/BLUP. Todas as análises estatísticas foram realizadas no software SAS (SAS 9.4).

3.3. Resultados e discussão

O cruzamento intersubespecífico *indica-japonica*, em arroz, pode resultar em alto grau de polimorfismo na população originada, isso ocorre devido a elevada divergência genética entre os genitores (CHU et al., 2012). Uma população de linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) é constituída por grupos geneticamente

distintos entre si, mas com elevada homogeneidade entre os indivíduos pertencentes a cada linhagem. Isto ocorre devido aos sucessivos ciclos de autofecundação utilizados para a sua formação. As pequenas variações fenotípicas verificadas podem ser tanto relacionadas à heterozigosidade residual, quanto a efeitos ambientais ou mesmo eventuais mutações (VIEIRA et al., 2006).

A análise de BLUP possui propriedades que permitem predizer o valor genético dos indivíduos observados, além das variâncias e os erros preditos por essa abordagem serem menores em relação a outros métodos estatísticos (RESENDE, 2007), principalmente em condições com desbalanceamento. Isto torna possível a seleção de genótipos promissores dentro de um programa de melhoramento genético, com maior taxa de sucesso. Neste trabalho foi possível verificar diferenças entre as linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência e Nipponbare, para todos os caracteres avaliados, com as informações das médias genotípicas preditas.

A altura de plantas é um caráter imprescindível a ser avaliado em programas de melhoramento genético de diversas culturas de importância econômica, assim como no arroz. Apresenta influência na produtividade de grãos, pois plantas altas redirecionam a energia que seria utilizada na formação dos grãos para a manutenção e sobrevivência das estruturas vegetativas. Além disto, plantas altas tendem a ter um maior índice de acamamento, levando a perdas quantitativas e qualitativas de grãos (VAUBAM; SILVA; TABOSA, 2010).

A média genotípica predita para altura de planta através do BLUP permite sugerir que 29 linhagens poderiam ser descartadas deste conjunto, considerando terem apresentado altura superior aos dois genitores em ambas as gerações (Figuras 3.2A e 3.2B). Deve ser salientado, entretanto, que a altura de plantas não deve ser considerada isoladamente para a seleção ou descarte de famílias em um programa de melhoramento, especialmente no intervalo de valores observado para as famílias em análise, mas sim, considerada em conjunto com caracteres de produtividade ou qualidade de grãos. Ainda, ressalta-se que a redução em altura deve ser buscada com certa cautela, mantendo a capacidade das plantas de competir, acumular nutrientes e produzir fotoassimilados (KHUSH et al., 1995). Em relação aos intervalos de confiança para o caráter, observou-se na geração F₆ (Figura 3.2A) maior amplitude de valores quando comparado com a geração F₇ (Figura 3.2B), algo que se repete em diversas variáveis desse estudo. Sugere-se que isto tenha se dado devido ao fato de que a

heterozigosidade tende a diminuir ao longo de cada ciclo de autofecundação, assim aumentando a homogeneidade entre as plantas de cada linhagem. A predição da média genotípica com a análise que inclui os intervalos de confiança dessas, propicia uma interpretação mais segura do desempenho das linhagens envolvidas no estudo (RESENDE, 2002).

O número de panículas por planta é um caráter que está altamente relacionado com a produtividade de grãos no arroz. É utilizado, inclusive, em estratégias de seleção indireta para obtenção de genótipos superiores (ABREU et al., 2016). O caráter depende de fatores genéticos, além de apresentar influência do ambiente (DALCHIAVON et al., 2012). Ao comparar os intervalos de confiança da geração F₆ (Figura 3.3A) e geração F₇ (Figura 3.3B), observou-se, novamente, menor variação na geração F₇. Somado às razões de ordem genética já discorridas, este resultado pode também ter sido proporcionado pela semeadura tardia na geração F₆, realizada no fim do mês de dezembro. Isto facilitou para que fases críticas do desenvolvimento do arroz, tais como a iniciação do primórdio floral e emergência da panícula, ocorressem no mês de abril, e fossem assim afetadas por temperaturas baixas. De fato, este mês revelou média das temperaturas mínimas menor que 15°C (Figura 3.1A), sendo que a faixa de temperatura ótima para o arroz nestas fases de desenvolvimento é de 15°C a 35°C (YOSHIDA, 1981).

Nenhuma linhagem superou os genitores em número de panículas em ambas gerações, sendo que um total de 17 linhagens foram superiores para número de panículas por planta na geração F₆, e somente a linhagem F40 mostrou-se com média genotípica superior na geração F₇, para a qual, salienta-se, os intervalos de confiança foram mais precisos. Assim, essa última família aponta-se como promissora quando o objetivo do melhorista é elevar o potencial produtivo. Uma ressalva, entretanto, deve também ser feita quanto a este caráter. Ainda que um elevado número de panículas seja desejável sob o ponto de vista de produtividade, plantas de arroz que possuem muitas panículas podem apresentar enchimento de grãos desuniforme. Isto ocorre pelo maior intervalo de floração entre as panículas, influenciando principalmente a qualidade culinária do arroz (MOHAPATRA; SARKAR; KAUANAR, 2009). Desta forma, o melhorista deve encontrar o equilíbrio ideal entre o número de panículas e a qualidade do arroz.

O comprimento de panícula apresenta relação indireta, na maioria das vezes, com a produtividade, mas direta com a qualidade de grãos, pois o seu tamanho pode

afetar a translocação de fotoassimilados produzidos pela planta até as estruturas reprodutivas (WANG; CHENG, 2004; DONG; BUHONG; XIAGZHOU, 2008). Panículas grandes podem ser desejadas sob o ponto de vista da produtividade, mas também podem resultar em desuniformidade na qualidade dos grãos produzidos (JONGKAEWWATTANA; GENG, 2002).

O genótipo BRS Querência apresentou entre os maiores valores genotípicos para a variável, variando de 24 a 27cm (Figuras 3.4A e 3.4B), sendo que essa alteração se deve, provavelmente, às condições climáticas de cada safra (FAGUNDES et al., 2005). Nenhuma linhagem foi superior à BRS Querência para este caráter, sendo que esta cultivar é, de fato, conhecida por apresentar longas panículas. Por outro lado, uma linhagem na geração F₆ (F64) e 28 na geração F₇ foram inferiores ao genitor de menor tamanho de panícula. Essas linhagens seriam passíveis de descarte, porém, somente no caso desta variação no tamanho de panícula de fato representar redução em potencial produtivo, o que nem sempre ocorre, devido à mecanismos compensatórios nas plantas.

O número de espiguetas férteis em arroz é um caráter de natureza quantitativa (MENDES et al., 2014). Condições impostas pelo ambiente durante a fase reprodutiva, mais precisamente no início dela, nos cinco dias que antecedem o florescimento (meiose do grão de pólen), influenciam na fertilidade das espiguetas (LIMA; CRUSCIOL; MATEUS, 2010). Além disso, a quantidade de espiguetas depende do comprimento e do número de ramificações da ráquis e dos pontos de diferenciação de espiguetas nas ramificações (GOES et al., 2016), sendo peculiar de cada genótipo. Este caráter apresenta correlação positiva com a produtividade, revelando-se como um dos componentes da produtividade que mais contribui para o incremento da produção de grãos (DALCHIAVON et al., 2012).

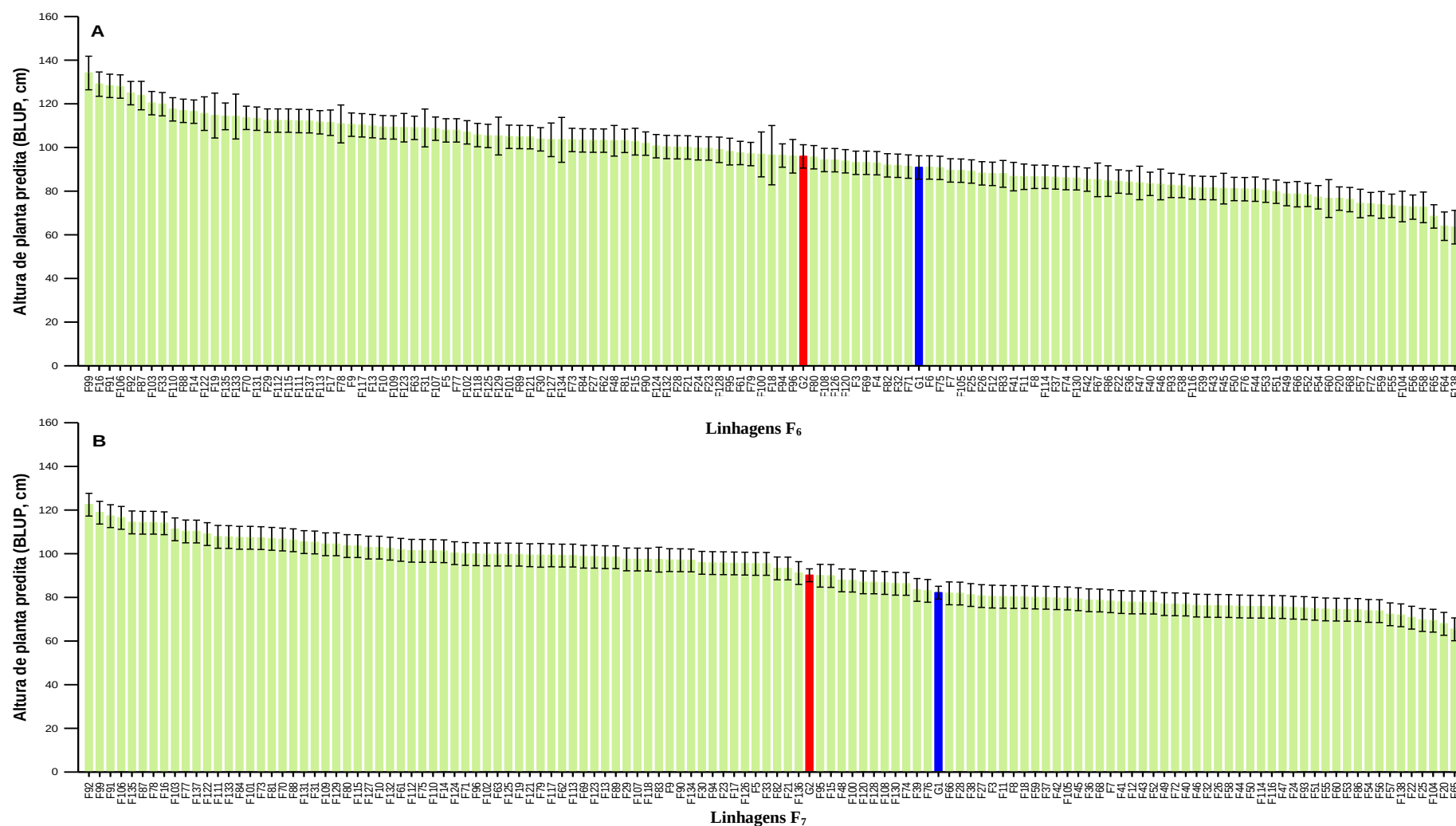


Figura 3.2. Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para o caráter altura de planta de 126 linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (barra vermelha) e Nipponbare (barra azul) para a geração F₆ (A) e geração F₇ (B). CGF, FAEM/UFPEL, RS, 2020.

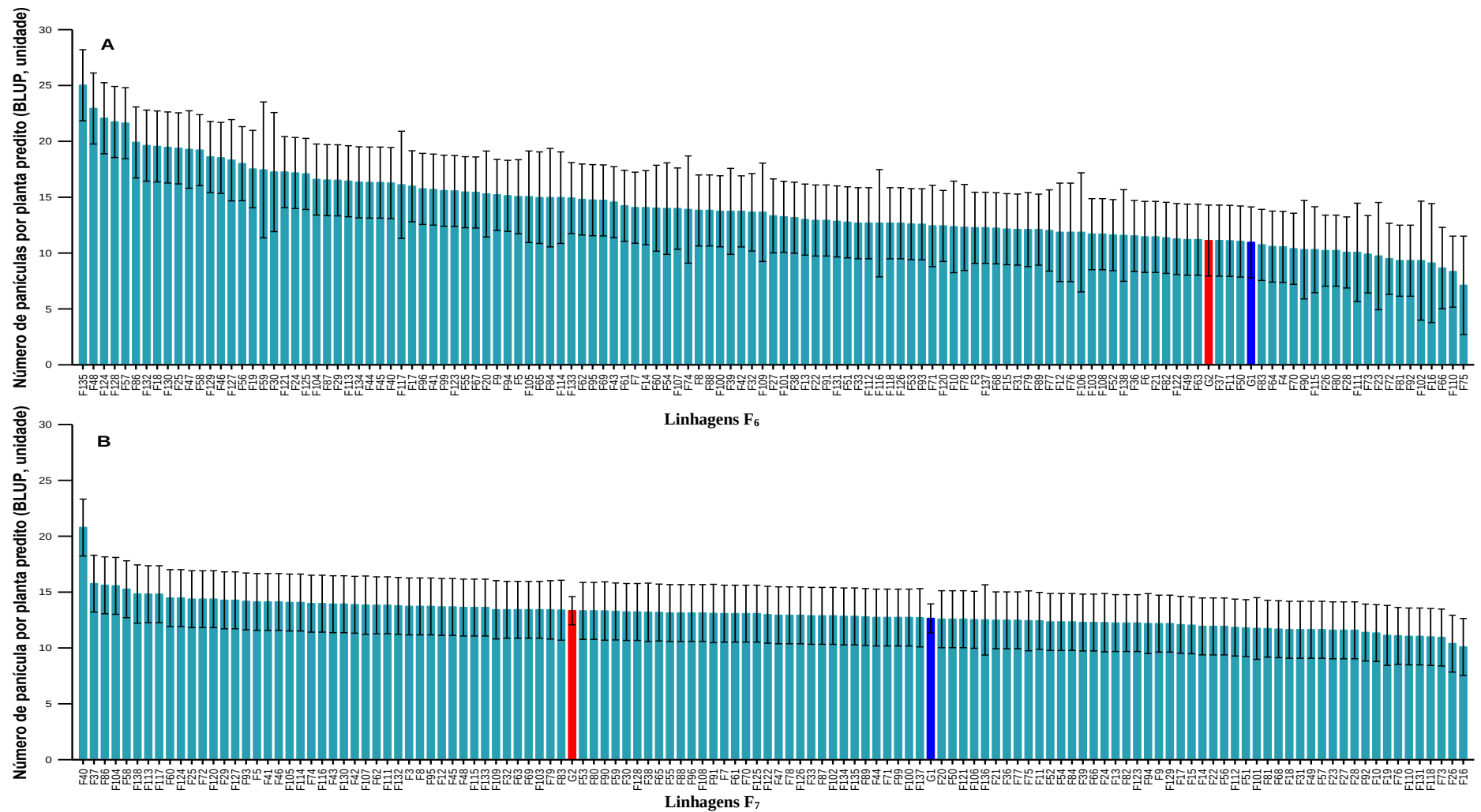


Figura 3.3. Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para o caráter número de panículas por planta de 126 linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (barra vermelha) e Nipponbare (barra azul) para a geração F₆ (A) e geração F₇ (B). CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020.

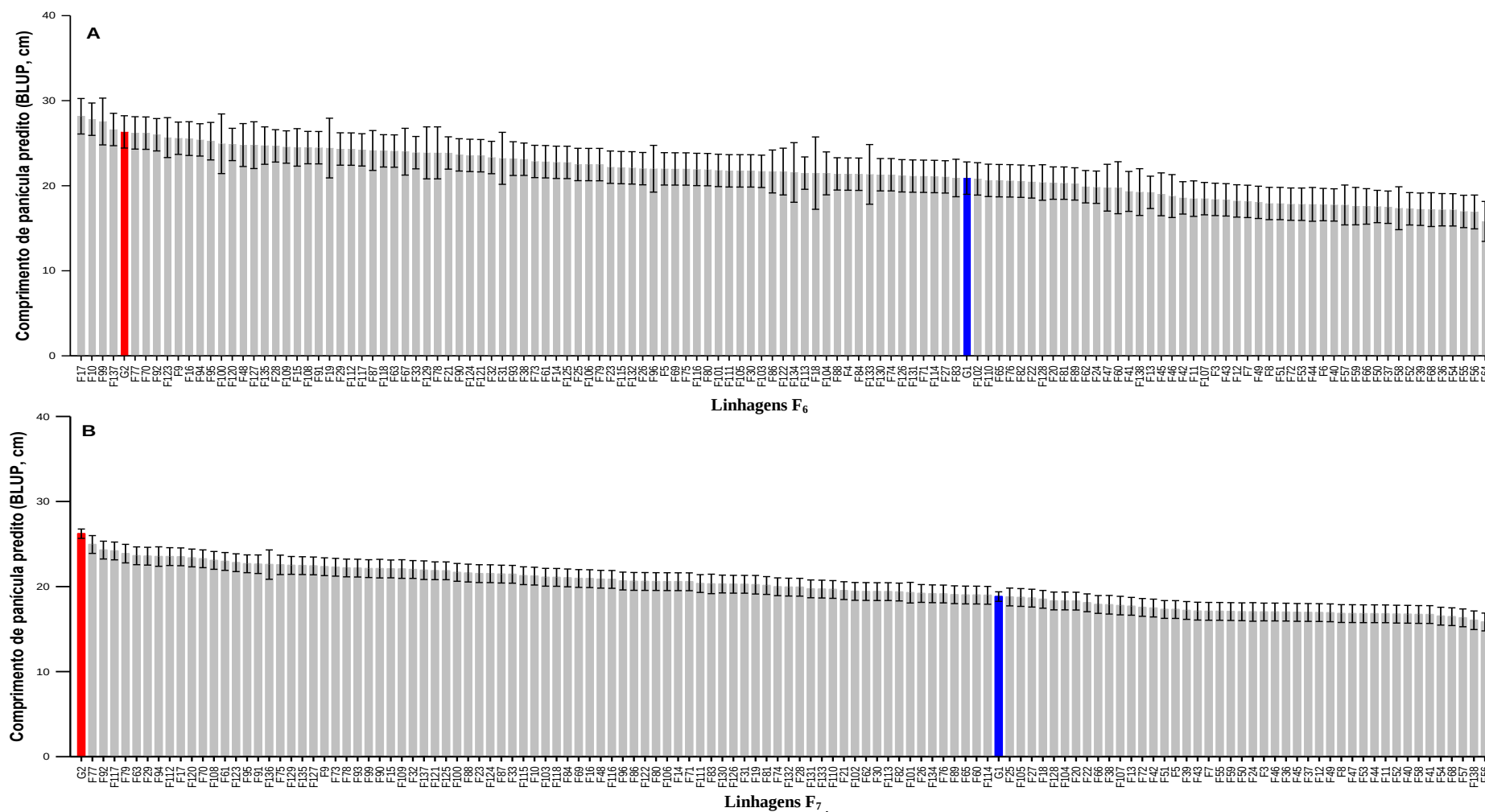
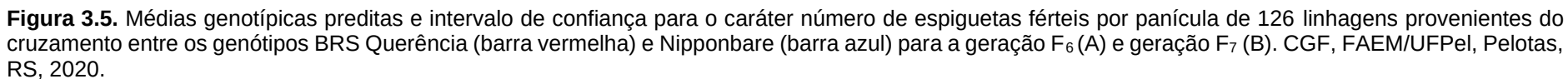


Figura 3.4. Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para o caráter comprimento de panícula de 126 linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (barra vermelha) e Nipponbare (barra azul) para a geração F₆ (A) e geração F₇ (B). CGF, FAEM/UFPeI, Pelotas, RS, 2020.

Nenhuma linhagem foi superior ao genitor BRS Querência para número de espiguetas férteis em nenhuma das gerações avaliadas (Figuras 3.5A e 3.5B). Já, 73 linhagens foram inferiores à BRS Querência na geração F_6 e outras 127 na geração F_7 . Essas linhagens estariam passíveis de descarte em um programa de melhoramento, especialmente caso também apresentem desempenho inferior para outros caracteres. É importante ressaltar que a maioria dos resultados neste estudo são expressos em comparação com o desempenho do genitor BRS Querência, a qual, de fato, representa o tipo de cultivar desenvolvida para as condições do Rio Grande do Sul, ambiente-alvo desta pesquisa. Nipponbare, por outro lado, é um genitor com função de melhorar as linhagens para uma série de características.

O caráter esterilidade das espiguetas é afetado principalmente por condições climáticas adversas, como alta e baixa temperatura, disponibilidade hídrica, condições de solos salinos e doses incorretas de adubos. Estas condições podem se manifestar durante todo o ciclo de desenvolvimento da planta, entretanto, a ocorrência das mesmas no período reprodutivo, torna os danos mais críticos, refletindo em perda na produtividade (ÁVILA et al., 2010). Por outro lado, existe também importante variabilidade genética no arroz para a tolerância aos fatores que causam a esterilidade de espiguetas. Além disto, a ocorrência de esterilidade é comum em progênies oriundas do cruzamento entre as subespécies *indica* e *japonica*. Isto ocorre devido ao fenômeno de isolamento pós-zigótico, um dos mecanismos genéticos (moleculares) de barreira reprodutiva no arroz (KOSTYLEV et al., 2017).

As figuras 3.6A e 3.6B revelam o comportamento das médias genotípicas das linhagens nas duas gerações de cultivo para o caráter esterilidade das espiguetas. É possível, de fato, constatar que o ambiente se mostra como importante influenciador na variação deste caráter, dado pela semeadura tardia em F_6 ter gerado valores mais altos de intervalo de confiança. Na geração F_6 um total de 38 linhagens apresentaram menos esterilidade que BRS Querência, já na geração F_7 , um total de 66 linhagens. É possível verificar que 36 linhagens estão em comum nas duas gerações, apresentando desempenho melhorado para o caráter, as quais poderiam, dessa forma, serem selecionadas.



A produtividade de grãos do arroz é definida pelos seus componentes do rendimento (TANG et al., 2013). Sendo o arroz um cereal importante para a segurança alimentar, o aumento da produtividade tem sido o principal objetivo dos programas de melhoramento (YU; HUANG; ZHANG, 2012). Observa-se na figura 3.7A, que na geração F₆ um total de quatro linhagens foram superiores à BRS Querência para massa total de grãos por planta, com especial destaque para F₁₃₅, com a maior média genotípica. Já na geração F₇, nenhuma linhagem foi superior a esse genitor.

A produtividade, assim como os demais caracteres agrônômicos avaliados nesse estudo, apresenta herança quantitativa e consequentemente são altamente influenciados por condições de ambiente (BOLDIERI et al., 2010; DALCHIAVON et al., 2012; MENDES et al., 2014; SHEN et al., 2014; XING e ZHANG, 2010; ZHANG et al., 2015). Assim, realizar seleção de qualquer linhagem baseado no desempenho superior em somente uma safra de cultivo traz o risco de uma seleção pouco efetiva. Desta forma, sugere-se que outro ano de avaliações seria necessário antes de se selecionar qualquer linhagem deste estudo para produtividade, especialmente porque também não houve diferença significativa entre famílias e o genitor BRS Querência para outros caracteres, tais como comprimento da panícula, por exemplo.

A qualidade de grãos, devido a sua importância, vem ganhando espaço nos programas de melhoramento. É um quesito imprescindível na aceitação do produto por parte do consumidor. A preferência nacional de consumo é pelo arroz branco polido, na classe longo-fino (subespécie *indica*), e que apresentam grãos soltos e macios após o cozimento (STRECK et al., 2018). Além de preconizar um produto final com rendimento satisfatório de grãos inteiros, grãos translúcidos e sem manchas (MONTEIRO et al., 2016).

A brancura vítrea é um caráter de acentuada relevância na qualidade de grãos de arroz (EDWARDS; JACKONS; MCCLUNG, 2017), sendo que, em muitos grãos a translucidez é interrompida por áreas opacas do endosperma. Esta opacidade é devido a um arranjo entre os grânulos de amido e proteína de forma não compacta, sendo o espaço entre as moléculas preenchidos com ar (FITZGERALD, 2017). Isto determina o valor de mercado e desempenha papel fundamental no desenvolvimento de novas cultivares (STRECK et al., 2018).

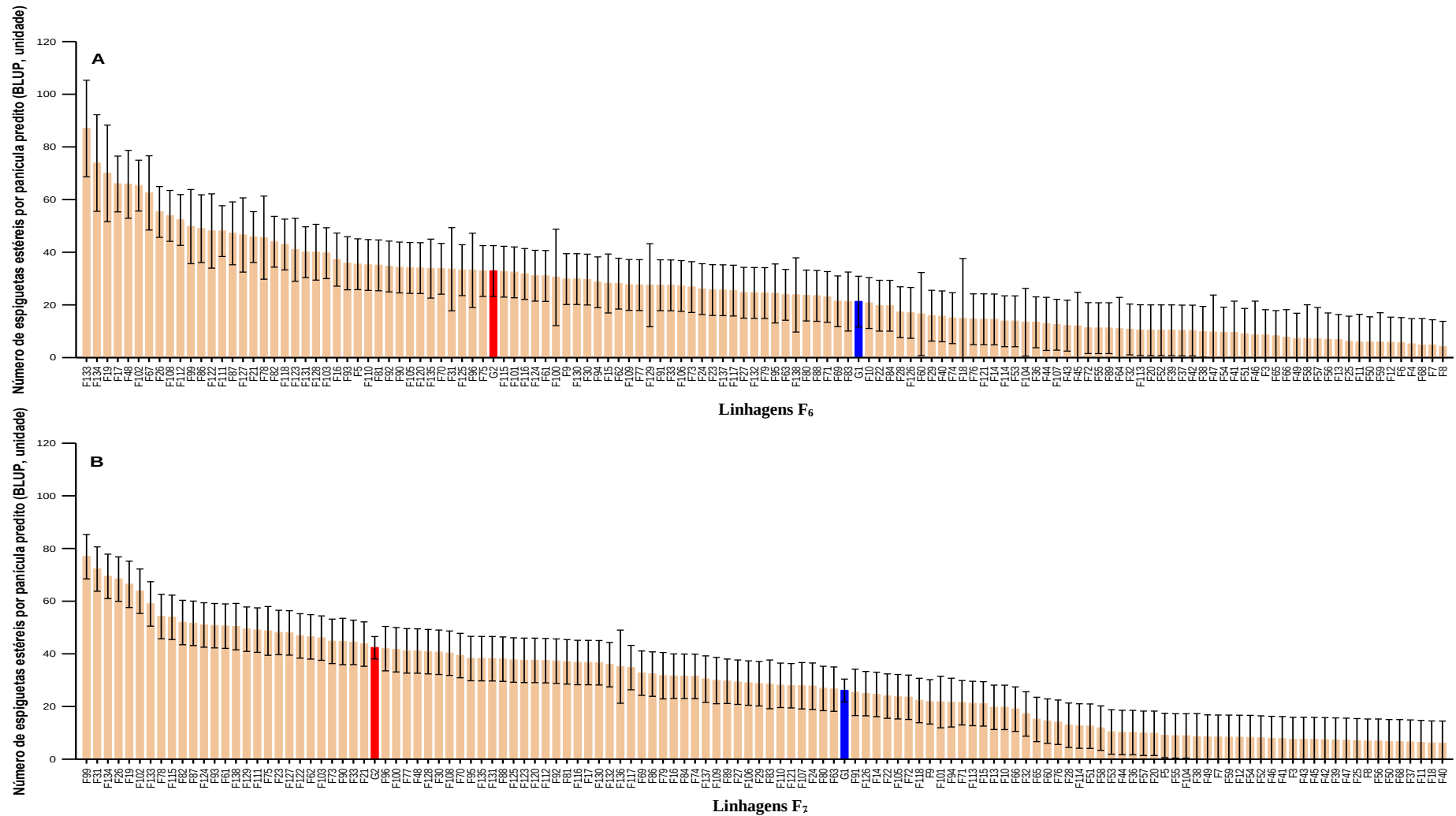


Figura 3.6. Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para o caráter número de espiguetas estéreis por panícula de 126 linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (barra vermelha) e Nipponbare (barra azul) para a geração F₆ (A) e geração F₇ (B). CGF, FAEM/UFPEL, Pelotas RS, 2020.

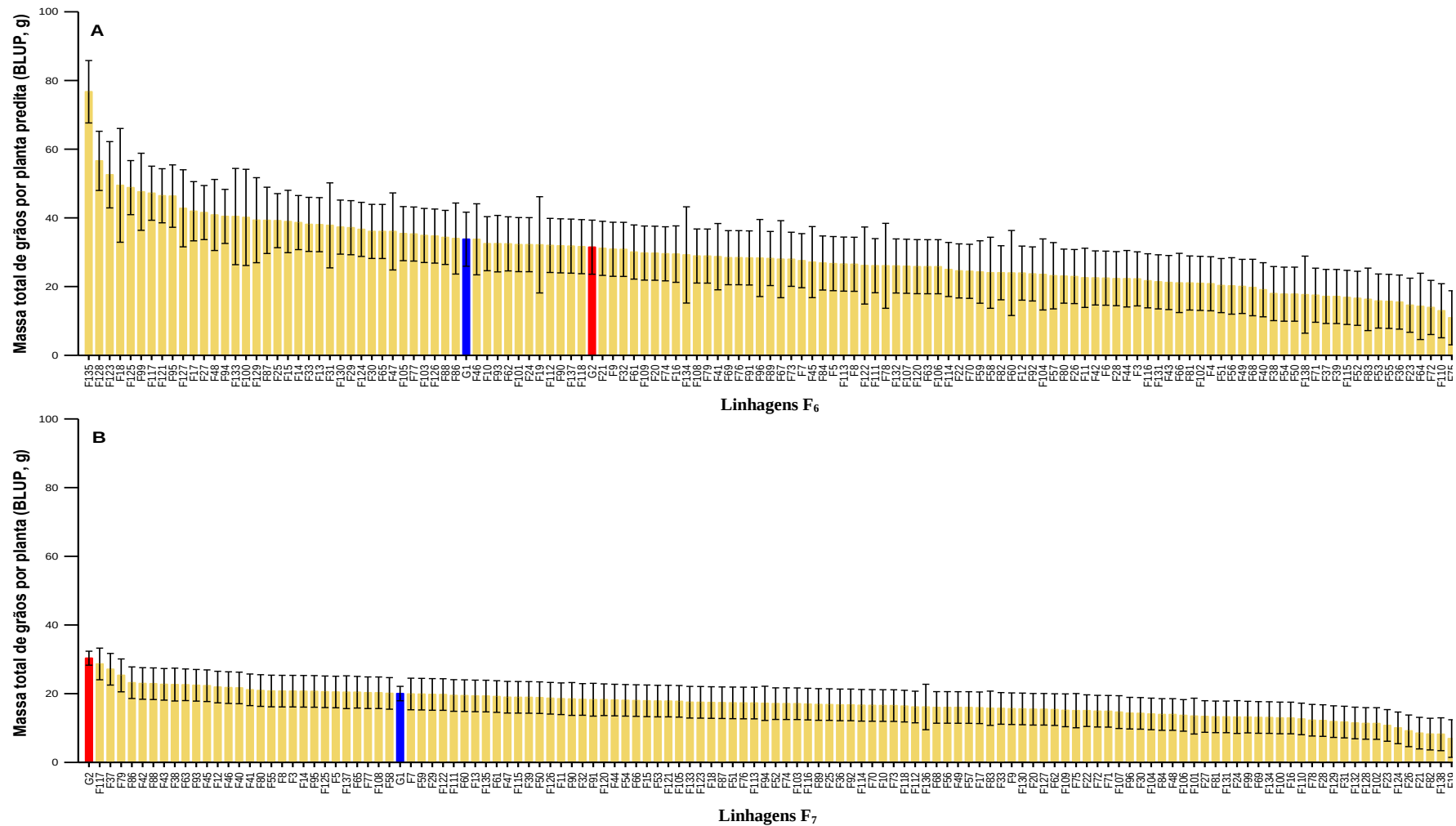


Figura 3.7. Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para o caráter massa total de grãos por planta de 126 linhagens provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (barra vermelha) e Nipponbare (barra azul) para a geração F₆ (A) e geração F₇ (B). CGF, FAEM/UFPEL, Pelotas, RS, 2020.

Ao analisar a figura 3.8A, observa-se que somente as linhagens F80, F90 e F103 não apresentaram médias genotípicas superiores à do genitor de maior translucidez (BRS Querência), sendo essas passíveis de descarte. Desta forma, todas as outras linhagens são promissoras candidatas a cultivares ou podem ser inseridas em blocos de cruzamentos, como genitores, para elevar a translucidez, destacando a linhagem F4, com a maior média genotípica.

Conforme a Instrução Normativa Nº 6, de 16 de fevereiro de 2009, o grão gessado pode ser definido como o grão descascado e polido, sendo inteiro ou quebrado, que apresente coloração totalmente opaca e semelhante ao gesso (BRASIL, 2009). São categorizados em centro branco, branco leitoso e barriga branca, dependendo da presença do gesso no grão (ISHIMARU et al., 2009). A transparência final e a área gessada são determinadas pelos fotoassimilados acumulados durante todo desenvolvimento do arroz (LONDERO et al., 2015). Existe elevada importância de efeitos genéticos na forma como ocorre o acúmulo desses fotoassimilados na fase de enchimento de grãos (SHI et al., 2002), o que permite que seleção seja realizada sobre o caráter.

Em relação ao caráter grãos gessados (Figura 3.8B), verifica-se que as linhagens F27, F65, F77, F105, F125, revelaram média genotípica superior ao genitor de maior média (Nipponbare), sendo estas passíveis de descarte, enquanto que as demais não diferiram de ambos os genitores. Para o caráter grãos barriga branca (Figura 3.9A), observa-se que nenhuma linhagem apresentou média genotípica superior ao genitor Nipponbare, e somente a linhagem F77 obteve média genotípica superior ao genitor BRS Querência, devendo essa ser descartada.

Para a comercialização do arroz observa-se a ocorrência de defeitos. Os defeitos são considerados como gerais ou graves, dependendo das consequências representadas no produto de consumo. Os defeitos graves referem-se à contaminação do produto por materiais estranhos, grãos mofados e ardidos. Os defeitos gerais referem-se a grãos manchados, picados, gessados, amarelos e rajados. Os grãos rajados mesmo depois de polidos, apresentam estrias vermelhas, e, para o caso de arroz branco, está relacionado com a pureza genética do genótipo, ou seja, se há a presença de arroz vermelho na amostra de grãos (CASTRO et al., 1999).

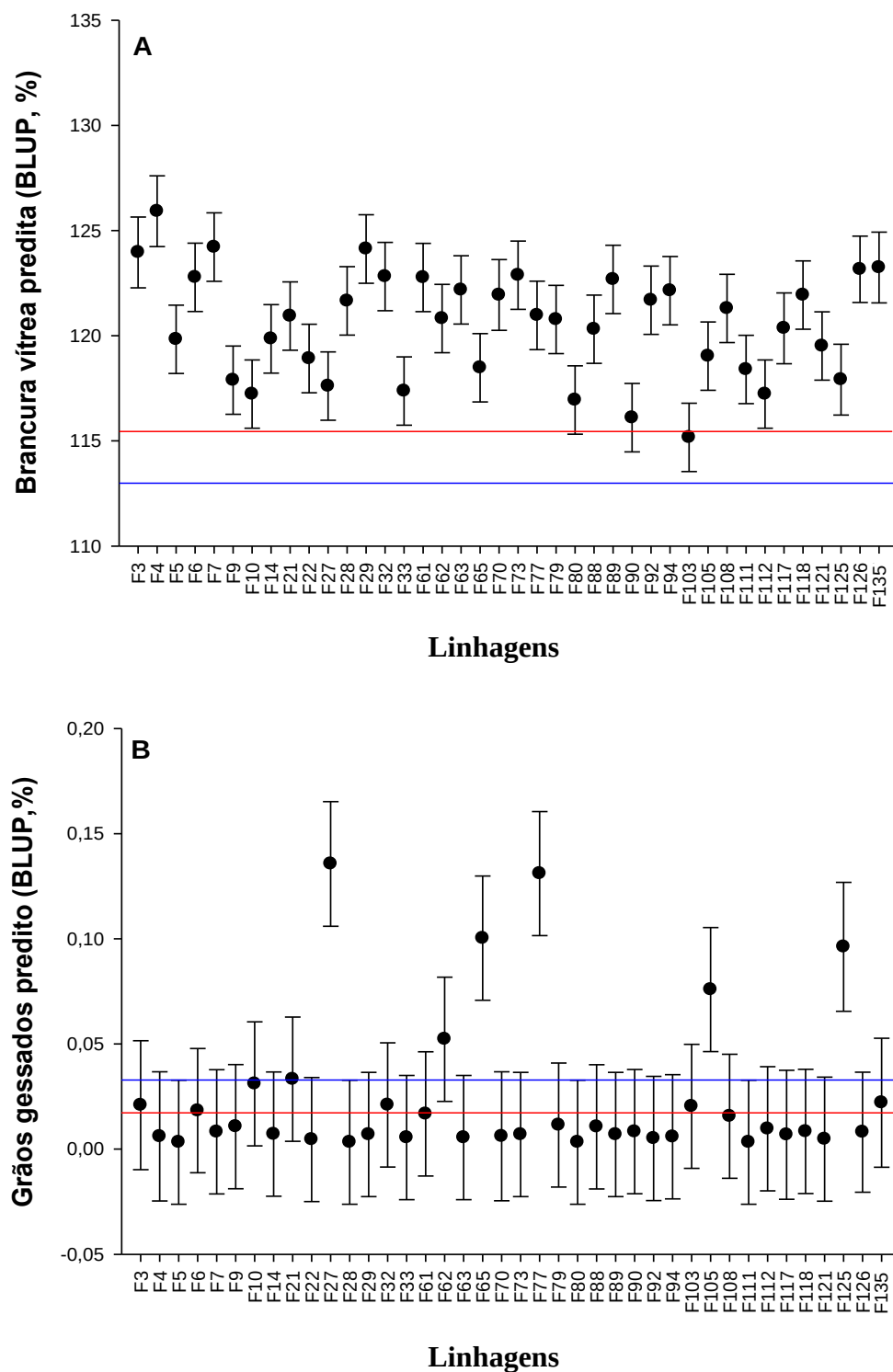


Figura 3.8. Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para 42 linhagens F_6 provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (linha vermelha) e Nipponbare (linha azul) para os caracteres brancura vítrea (A) e grãos gessados (B), referentes a qualidade de grãos. CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020.

Na figura 3.9B observa-se que os valores genotípicos preditos para os grãos rajados foram baixos para a maioria das linhagens, especialmente em relação à média genotípica do genitor BRS Querência. Ainda assim, a limpeza varietal de algumas linhagens, como a F27 que apresentou um valor maior, seria uma prática importante. Este é, de fato, um procedimento imprescindível a ser realizado em linhagens com maior contaminação genética e ao mesmo tempo mais promissoras e eventualmente candidatas a testes para lançamento como cultivar.

A ocorrência de grãos quebrados se dá devido à composição genética de cada genótipo, além de também apresentar resposta sob a influência das condições climáticas e práticas culturais, com grande destaque àquelas relacionadas à colheita, assim como os tipos de manejo pós colheita e beneficiamento. A presença de grãos quebrados em lotes de arroz é um caráter altamente indesejável, pois diminui a qualidade e, assim, o valor comercial do produto (ARTIGIANI et al., 2012). As linhagens F14, F21, F29, F32, F61, F62, F63, F65, F70, F73, F121, F126 obtiveram média genotípica menor que o genitor de menor média (Nipponbare) (Figura 3.10A), revelando-se como promissoras para serem selecionadas, por apresentarem maior rendimento de grãos inteiros.

O arroz destinado a comercialização como grão para consumo se enquadra em tipos, segundo a Instrução Normativa Nº 6, de 16 de fevereiro de 2009 (BRASIL, 2009). A definição dos tipos se embasa no percentual de ocorrência de defeitos e no percentual de grãos quebrados. Os tipos são expressos numericamente de um a cinco. Para que seja considerado arroz tipo um, em uma amostra de 1000 g a tolerância de gessados é de 2%, rajados de 1% e quebrados 7,5%. Considerando, portanto, neste trabalho a análise de 10 g de grãos de cada família, observa-se que a maioria das linhagens se enquadram no tipo um para os caracteres grãos gessados, rajados e quebrados.

O teor de amilose no grão de arroz está correlacionado com propriedades que conferem textura, cor, brilho, maciez, coesão, expansão e com o volume de absorção de água (MINGOTTE; HANASHIRO; FORNASIERI FILHO, 2012), estando, assim, diretamente relacionado com a aceitação do consumidor. Um alto teor de amilose no endosperma permite que os grãos se enquadrem na preferência brasileira de consumo após cozimento, ou seja, soltos e macios (BRUNO et al., 2017; JULIANO et al., 1981).

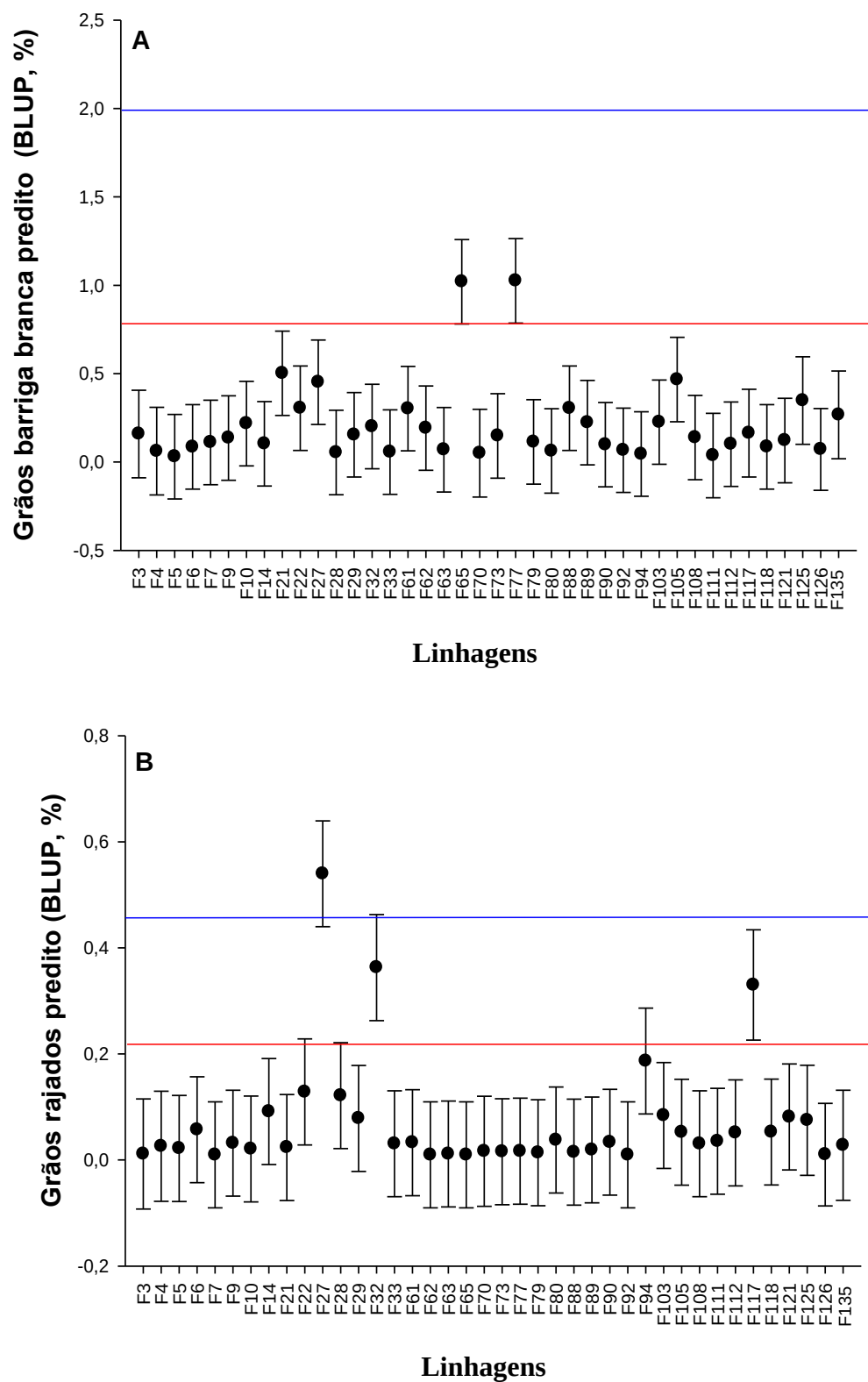


Figura 3.9. Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para 42 linhagens F_6 provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (linha vermelha) e Nipponbare (linha azul) para os caracteres grãos barriga branca (A) e grãos rajados (B), referentes a qualidade de grãos. CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020.

Na figura 3.10B observa-se que a linhagem F105, obteve o maior valor genotípico em relação a grande parte das demais, superando inclusive a cultivar BRS Querência, porém apresenta grãos curtos (Apêndice A), não atendendo a necessidade do consumidor brasileiro em relação à classe do grão. Por outro lado, as linhagens com médias genotípicas menores que o genitor de menor média (Nipponbare), em um total de 18 também se mostram como promissoras a serem selecionadas, isto é, quando se visa um nicho de mercado exclusivo, voltado para os tipos especiais. Destas 18 linhagens, sete apresentam grãos curtos e 11 apresentam grãos classificados como médios (Apêndice A). Os grãos que apresentam baixo teor de amilose, após cozimento tornam-se macios, mas aquosos e pegajosos (MINGOTTE; HANASHIRO; FORNASIERI FILHO, 2012), e podem ser utilizados na culinária japonesa, como também na preparação de risotos (MAGALHÃES JÚNIOR et al., 2012).

A seleção de genitores, para a posterior condução das gerações segregantes, constitui uma das etapas mais importantes em programas de melhoramento genético vegetal, sendo a primeira no processo. A partir desta é que poderá ser observado sucesso nas próximas etapas, e consequentemente a eficiência do programa como um todo, sendo, portanto, uma das decisões de maior importância a ser tomada pelo melhorista (PEREIRA et al., 2007).

A disponibilidade de variabilidade genética para uso em cruzamentos torna-se o ponto chave para o sucesso no subsequente processo de seleção. Apesar do contínuo esforço da pesquisa e incontáveis trabalhos publicados, permanecem ainda lacunas a serem elucidadas quanto ao alicerce científico da seleção de germoplasma-base para programas de melhoramento, o que mantém a escolha de genitores como um processo difícil e mesmo propenso ao insucesso ao final do ciclo de melhoramento (LORENCETTI et al., 2005; PIMENTEL et al., 2013). De acordo com os resultados desse estudo, o cruzamento *indica-japonica* em arroz resultou em uma progênie com expressiva variabilidade para diversas características, permitindo a seleção linhagens superiores.

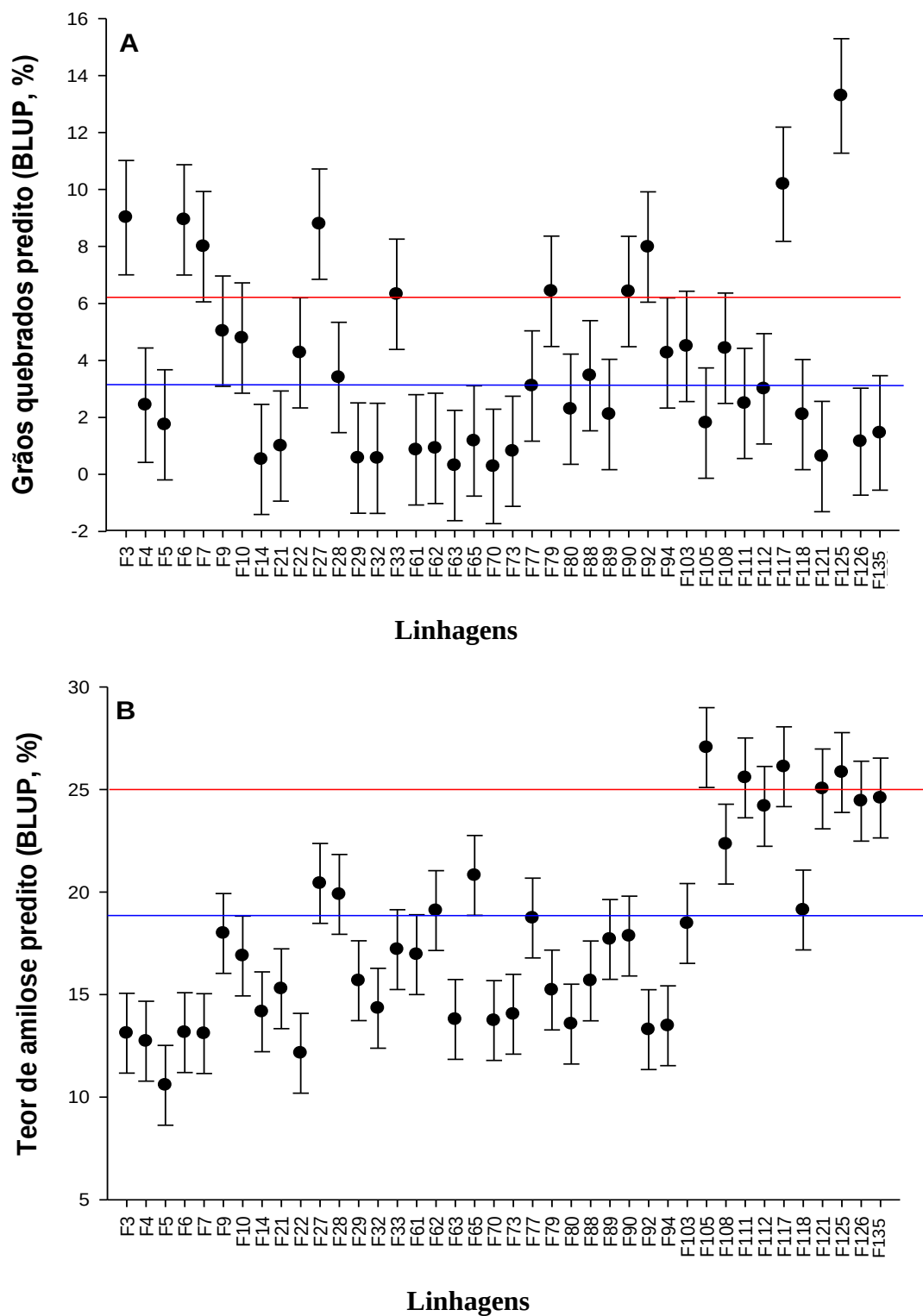


Figura 3.10. Médias genotípicas preditas e intervalo de confiança para 42 linhagens F_6 provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (linha vermelha) e Nipponbare (linha azul) para os caracteres grãos quebrados (A) e teor de amilose (B), referentes a qualidade de grãos. CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020.

Finalmente, a partir do exposto ao longo desse capítulo, e conhecendo-se a importância do arroz no setor econômico e social, e ainda considerando o desafio da seleção de genótipos superiores com simultaneamente elevado desempenho agrônomo e alta qualidade de grãos, tem-se clara a necessidade da aplicação de métodos acurados de seleção em programas de melhoramento. Nesse sentido, abordagens que utilizam das médias genotípicas pelo preditor BLUP, como a utilizada neste trabalho, têm se revelado como promissoras para o melhoramento genético de culturas de importância econômica (RESENDE, 2002).

3.4. Conclusões

As linhagens de arroz estudadas, obtidas através do cruzamento entre BRS Querência e Nipponbare, apresentam-se promissoras para melhoramento visando qualidade de grãos, porém merecem menor destaque quanto ao potencial produtivo. A família F5 apresenta a menor média genotípica para o teor de amilose, e a F105, maior teor de amilose que as demais, e ambas revelam menor percentagem de grãos barriga branca, grãos quebrados e maior brancura vítrea. Essas linhagens revelam potencial como candidatas a cultivares melhoradas ou para integrar blocos de cruzamentos visando a obtenção de indivíduos superiores.

3.5. Referências Bibliográficas

ARTIGIANI, A. C. C. A.; CRUSCIOL, C. A. C.; ARF, O.; ALVAREZ, R. C. F.; NASCENTE, A. S. Produtividade e qualidade industrial do arroz de terras altas em função da disponibilidade hídrica e adubação. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.42, n.3, p.340-449, 2012.

ÁVILA, F. W.; BALIZA, D. P.; FAQUIN, V.; ARAÚJO, J. L.; RAMOS, S. J. Interação entre silício e nitrogênio em arroz cultivado sob solução nutritiva. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 2, p. 184-190, 2010.

BOLDIERI, F. M.; CAZETTA, D. A.; FORNASIERI FILHO, D. Adubação nitrogenada em cultivares de arroz terras altas. **Revista Ceres**, v.57, n.3, p.421-428, 2010.

BORGES, V.; SOARES, A. A.; REIS, M. S.; RESENDE, M. D. V.; CORNÉLIO, V. M. O.; LEITE, N. A.; VIEIRA, A. R. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, v.69, n.4, p. 833-841, 2010.

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. 2009, Seção 1, p. 3.

BRUNO, E.; CHOI, Y.; CHUNG, I. K.; KIM, K. QTLs and analysis of the candidate gene for amylose, protein, and moisture content in rice (*Oryza sativa* L.). **Biotech**, v.7, n.40, p.1-8, 2017.

CARVALHO, L. P.; FARIAS, F. J. C.; MORELLO, C. L.; TEODORO, P. E. Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia**, v.75, n.3, p.314-321, 2016.

CASTRO, E. M.; VEIRA, R. A.; RABELO, R. R.; SILVA, S. A. **Qualidade de grãos em arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1999. 30p.

CHU, S.; JIANG, W.; LEE, J.; CHIN, J. H.; KOH, H. QTL analyses of heterosis for grain yield and yield-related traits in *indica-japonica* crosses of rice (*Oryza sativa* L.). **Genes & Genomics**, v.34, p.367-377, 2012.

COFFMAN, W.R.; JULIANO, B.O. **Rice**. In: Olson, R.A.; Frey, K.J. (Ed.). Nutritional quality of cereal grains: genetic and agronomic improvement. Madison: American Society of Agronomy, 1987. Cap.5, p.101-131.

DALCHIAVON, F. C.; CARVALHO, M. P.; COLETTI, A. J.; CAIONE, G.; SILVA, A. F.; ANDREOTTI, M. Linear correlation between components production and yield of rice upland in no-tillage. **Ciências Agrárias**, v.33, n.5, p. 1629-1642, 2012.

DONG, M.; BUHONG, Z.; XIAGZHOU, W. Difference in hormonal content and activities of key enzymes in the grains at different positions on a rice panicle during grain filling and their correlations with rice qualities. **Scientia Agricultura Sinica**, v.41, n.2, p.370-380, 2008

EDWARDS, J.; 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.

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

FERREIRA, C. M.; PINHEIRO, B. S.; SOUSA, I. S.; MORAIS, O. P. **Qualidade do arroz no Brasil: evolução e padronização**. 21 ed. Goiás, Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 61p.

FITZGERALD, M. A. Rice: Grain-Quality Characteristics and Management of Quality Requirements. In. **Cereal Grains**. 2. ed. Meadowbank, Austrália: Woodhead Publishing, 2017, p.291-315.

GOES, R. J.; RODRIGUES, R. A. F.; TAKASU, A. T.; ARF, O. Qualidade industrial do arroz sob efeito do manejo da fertilização nitrogenada de cobertura em plantio direto. **Revista Agrarian**, v.9, n.33, p.219-227, 2016.

HOOVER, R.; RATNAYAKE, W. S. Determination of total amylose content of starch. **Current Protocols in Food Analytical Chemistry** (CPFA), p. E2.3.1-E2.3.5, 2001.

ISHYMARU, T.; RORIGANE, A. K.; IDA, M.; IWASAWA, N.; SAN-OH, Y.; NAKASONO, N.; NISHISAWA, N. K.; MASUMURA, T.; KONDO, M.; YOSHIDA, M. Formation of grain chalkiness and changes in water distribution in developing rice caryopses grown under high temperature stress. **Journal of Cereal Science**, London, v. 50, n.2, p.166-174, 2009.

JONGKAEWWATTANA, S.; GENG, S. Inter-relationships amongst grain characteristics, grain-filling parameters and rice (*Oryza sativa* L.) milling quality. **Journal of Agronomy & Crop Science**, v.187, n.4, p.223-229, 2001.

JULIANO, B. Polysaccharides, proteins and lipids of rice. In: **Rice Chemistry and Technology**, 2. ed. St. Paul: American Association of Cereal Chemists, 1985, p. 59-174.

KHUSH, G. Breaking the yield frontier of rice. **GeoJournal**, v.35, n.3, p.329-332, 1995.

KIM, H. J.; YOON, M.; CHUN, A.; TAI, T. H. Identification of novel mutations in the rice starch branching enzyme I gene via TILLING by sequencing. **Euphytica**, v.214, n.94, p.1-12, 2018.

KOSTYLEV, P. I.; ALABUSHEV, A. V.; KRASNOVA, E. V.; REDKIN, A. A.; KOSTYLEVA, L. M. A study of F₁ rice hybrids from crossing two subspecies: *indica* and *japonica*, in South Russia's climate. **Biosciences Biotechnology Research Asia**, v.14, n.1, p.209-217, 2017.

LIMA, E. V.; CRUSCIOL, C. A. C.; MATEUS, G. P. Participação do colmo principal e dos afilhos na produtividade do arroz irrigado, em função da densidade de semeadura. **Bragantia**, v.69, n.2, p.387-393, 2010.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; VALÉRIO, I.P.; VIEIRA, E.A.; SILVA, J.A.G.; RIBEIRO, G. Estimativa do desempenho de progênies F₂ e F₃ com base no comportamento dos genitores e dos híbridos F₁ em aveia. **Bragantia**, v.65, p.207-214, 2006.

LONDERO, G. P.; MARCHESAN, E.; PARISOTTO, E.; COELHO, L. L.; SOARES, C. F.; SILVA, A. L.; ARAMBURU, B. B. Qualidade industrial de grãos de arroz decorrente da supressão da irrigação e umidade de colheita. **Irriga**, v. 20, n.3, p.587-601, 2015.

MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; FRANCO, D.; FAGUNDES, P. R. R.; MORAES, O. P.; PEREIRA, J. A.; CORDEIRO, A. C.; WICKERT, E.; NETO, F. M.; SEVERO, A. C. M. **Indicações de tipos especiais de arroz para diversificação de cultivo**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, circular técnica n.133, 2012. 8p.

MAO, T.; XU, L.; JIANG, S.; TANG, L.; WANG, J.; XU, H.; XU, Z. Discussion on strategy of grain quality improvement for super high yielding japonica rice in Northeast China. **Journal of Integrative Agriculture**, v.16, n.15, p.1075-1083, 2017.

MCGRANE, S.; CORNELL, H.; RIX, C.A. Simple and rapid colourimetric method for the determination of amylose in starch products. *Starch: International Journal for the Investigation, Processing and Use of Carbohydrates and Their Derivatives*, v.50, n.4, p.158-163, 1998.

MENDES, C. A.; BORBA, T. C. O.; BUENO, L. G.; CRUZEIRO, G. A. V.; MENDONÇA, J. A.; PANTALIÃO, G. F.; VIANELLO, R. P.; BRONDANI, C. Análise de associação quanto a produtividade e seus caracteres componentes em linhagens e cultivares de arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.49, n.10, p.771-782, 2014.

MENDES, F. F.; GUIMARÃES, L. J. M.; SOUZA, J. C.; GUIMARÃES, P. E. O.; PACHECO, C. A. P.; MACHADO, J. R. A.; MEIRELLES, W. F.; SILVA, A. R.; PARENTONI, S. N. Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.12, p.111-117, 2012.

MINGOTTE, F. L. C.; HANASHIRO, R. K.; FORNASIERI FILHO, D. F. Características físico-químicas do grão de cultivares de arroz em função da adubação nitrogenada. **Ciências Agrárias**, v.33, n.1, p.2605-2618, 2012.

MOHAPATRA, P. K.; SARKAR, R. K.; KUANAR, S. R. Starch synthesizing enzymes and sink strength of grains of contrasting rice cultivars. **Plant Science**, v.176, p.256-263, 2009.

MONTEIRO, M. A. M.; MONTEIRO, A. J. A.; COSTA, E. M. V.; GARCIA, M. A. V. T. Classificação do arroz (*Oryza sativa* L.) utilizado em restaurantes do município de Belo Horizonte-MG. **Brazilian Journal of Food Technology**, v.19, p.e2015004, 2016.

NETO, A. R.; JUNIOR, E. U. R.; GALLO, P. B.; FREITAS, J. G.; AZZINI, L. E. Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. **Revista Ciência Agronômica**, v.44, n.3, p.512-519, 2013.

PANG, Y.; ALI, J.; WANG, X.; FRANJE, N. J.; REVILLEZA, J. E.; XU, J.; LI, Z. Relationship of Rice Grain Amylose, Gelatinization Temperature and Pasting Properties for Breeding Better Eating and Cooking Quality of Rice Varieties. **PLoS ONE**, v.11, n.12, 2016. P. e0168483, 2016.

PEREIRA, H. S.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; COUTO, K. R. Informações fenotípicas e marcadores microsatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.707-713, 2007.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. P.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. A. S. C.; RIBEIRO, G.; PIMENTEL. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.49, n.11, p.882-890, nov. 2014.

PIMENTEL, A. J. B.; RIBEIRO, G.; SOUZA, M. A.; MOURA, L. M.; ASSIS, J. C.; MACHADO, J. C. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicado ao melhoramento de trigo. **Bragantia**, v.72, n.2, p.113-121, 2013.

QIAN, Q.; GUO, L.; SMITH, S. M.; LI, J. Breeding high-yield superior quality hybrid super rice by rational design. **National Science Review**, v.3, p.283-294, 2016.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; PINTO, J. C. S. B. P. **Genética na Agropecuária**. 5 ed. Lavras, Minas Gerais: UFLA, 2012, 565p.

REIS, G. G.; FRITSCHÉ-NETO, R.; SOARES, P. C.; CORNÉLIO, V. M. O.; REIS, M. S.; MORAIS, O. P.; MARQUES, T. S. Accuracy and genetic progress of agronomic traits in irrigated rice program in Brazil. **African Journal of Agricultural Research**, v.10, n.43, p.4032-4038, 2015.

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

SHEN, G.; ZHAN, W.; CHEN, H.; XING, Y. Dominance and epistasis are the main contributors to heterosis for plant height in rice. **Plant Science**, p.215-216, 2014.

SHI, C. H.; WU, J. G.; LOU, X. B.; ZHU, J.; WU, P. Genetic analysis of transparency and chalkiness area at different filling stages of rice (*Oryza sativa* L.). **Field Crops Research**, v.76, p.1-9, 2002.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, v.143, p.449-462, 2005.

SOSBAI- Sociedade Sul-Brasileira de Arroz Irrigado. **Arroz irrigado: Recomendações Técnicas da Pesquisa para o Sul do Brasil**. Santa Maria: SOSBAI, 2014. 192p.

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

STRECK, E. A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; PERIN, L.; FAGUNDES, P. R. R.; COSTA DE OLIVEIRA, A. 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.

TANG, S.; SHAO, G.; WEI, X.; CHEN, M.; SHENG, Z.; LUO, J.; JIAO, G.; XIE, L.; HU, P. QTL mapping of grain weight in rice and the validation of the QTL *qTGW3.2*. **Gene**, v.527, p.201-206, 2013.

TERRA, T. G. R.; LEAL, T. C. A. B.; BORÉM, A.; RANGEL, P. H. N. Tolerância de linhagens de arroz de terras altas à seca. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.43, n.2, p.201-208, 2013.

USDA - UNITED STATE DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **World Agricultural Production**. Disponível em: <http://usda.library.cornell.edu/concern/publications/5q47rn72z?locale=en>. Acessado em: 22 de janeiro de 2019.

VAUBAM, A. C.; SILVA, E. F.; TABOSA, J. N. Comportamento de genótipos de arroz de terras altas na Zona da Mata de Pernambuco. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.14, n.10, p.1030-1037, 2010.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VIEIRA, E. A.; NODARI, R. O.; CARVALHO, F. I. F.; FIALHO, J. F. Mapeamento genético de caracteres quantitativos e sua interação com o ambiente. **Embrapa Cerrados**. Planaltina, 2006, 28p.

XING, Y. Z.; ZHANG, Q. F. Genetic and molecular bases of rice yield. **Annual Review of Plant Biology**, v.61, p.421-442, 2010.

YOSHIDA, S. Climatic environment and its influence. In: YOSHIDA, S. **Fundamentals of rice crop science**. Los Baños, 1981. cap.2, p.65-110.

YU, Y.; HUANG, Y.; ZHANG, W. Changes in rice yields in China since 1980 associated with cultivar improvement, climate and crop management. **Field Crops Research**, v.136, p. 65-75, 2012.

WANG, F. CHENG, F. M. Research advances in the relationships between ABA and rice grain filling. **Seed**, v.23, n.1, p.31-35, 2004.

ZHANG, L.; WANG, J.; WANG, J.; WANG, L.; MA, B.; ZENG, L.; QI, Y.; LI, Q.; HE, Z. Quantitative trait locus analysis and fine mapping of the *qPL6* locus for panicle length in rice. **Theoretical and Applied Genetics**, v.128, n.6, p.1151-1161, 2015.

**Capítulo 4: Distância genética entre linhagens endogâmicas recombinantes
(RILs) de arroz irrigado**

4.1. Introdução

No Brasil, uma série de fatores limita a produtividade e a qualidade do arroz. Dentre eles, podem ser citados os estresses bióticos (ataque de insetos-praga e organismos fitopatogênicos) e abióticos (frio, seca, calor, inundação e salinidade). O país destaca-se como principal consumidor do cereal da América Latina, com 32 kg pessoa⁻¹ ano⁻¹ (SOSBAI, 2018). Assim, percebe-se a importância da cultura no cenário nacional. De modo a atender as crescentes demandas por arroz, e levando em consideração a exigência cada vez maior por grãos de elevada qualidade, é essencial a obtenção de ganhos genéticos por parte dos programas de melhoramento, seja via melhoramento convencional ou com auxílio da biotecnologia (STRECK et al., 2018).

Embora a utilização de um restrito grupo de genótipos geneticamente semelhantes como genitores, prática comum em programas de melhoramento genético, reduza a base genética das populações de melhoramento, têm-se observado incrementos significativos no potencial produtivo da cultura do arroz no Brasil, nas últimas décadas (BRONDANI et al., 2006; STRECK et al., 2018b). Entretanto, não se pode subestimar o impacto negativo da redução da variabilidade genética sobre os avanços do melhoramento. De fato, a existência de variabilidade genética é fundamental em programas de melhoramento de qualquer espécie. Isto, devido ao aumento da probabilidade da combinação de alelos favoráveis nas progênes de cruzamentos. Além disso, uma população com variabilidade genética pode ser utilizada para a realização de diversos estudos, como o mapeamento de QTLs responsáveis por importantes caracteres agrônômicos. Sendo assim, a caracterização desta torna-se imprescindível (SANT'ANNA et al., 2015).

Para o melhorista é essencial conhecer a variabilidade genética da população com a qual está trabalhando, principalmente no que diz respeito a distância genética (ALLARD et al., 1971). Logo, os métodos multivariados, tais como, análise de fatores e métodos aglomerativos (como aplicado por NARDINO et al., 2017), e redes neurais artificiais (utilizado por BARBOSA et al., 2011) podem ser aplicados na predição da distância genética. Estas técnicas permitem unificar informações, desta forma cada

genótipo será representado por somente um valor referente às suas características analisadas (HOSAN et al., 2010; VAL et al., 2014).

Tais técnicas multivariadas demonstraram eficiência no diagnóstico de variabilidade genética em estudos com as culturas do algodão (MENEZES et al., 2008), aveia (VIEIRA; CARVALHO e OLIVEIRA, 2005), feijão (CEOLIN et al., 2007), milho (COIMBRA et al., 2010), trigo (BERTAN et al., 2009) e arroz (AREIAS et al., 2006; BENITEZ et al., 2011; MARTINS et al., 2005; STRECK et al., 2017; SILVA et al., 2011; VANNIARAJAN; VINOD; PEREIRA, 2012). Em relação a abordagem de redes neurais artificiais, trabalhos realizados comprovaram a eficiência na avaliação de variabilidade genética em populações de retrocruzamento (SANT'ANNA et al., 2015), divergência genética entre acessos de *Carica papaya* L. (BARBOSA et al., 2011), linhagens parcialmente endogâmicas de milho (SILVA, 2018) e entre acessos de melão (MELO, 2015).

A partir do exposto, o objetivo deste trabalho foi analisar a variabilidade genética em uma população de linhagens endogâmicas recombinantes de arroz, obtidas através de cruzamento *indica* x *japonica*, por meio de análises multivariadas e redes neurais artificiais a partir de caracteres agronômicos, visando dar subsídio à seleção de genitores para utilização em programas de melhoramento.

4.2. Material e Métodos

4.2.1. Genótipos, manejo e delineamento experimental

O estudo iniciou-se no ano de 2010, com a formação de uma população segregante de linhagens endogâmicas recombinantes (RILs – do inglês *Recombinant Inbred Lines*), através do cruzamento entre os genótipos BRS Querência (*Oryza sativa* ssp. *indica*) X Nipponbare (*Oryza sativa* ssp. *japonica*). De modo a avançar gerações até a F₇, foi empregado o método de condução SSD (*Single Seed Descent*), obtendo-se 128 linhagens.

As linhagens foram conduzidas em um mesmo ambiente de cultivo, na safra de 2015/2016 na Estação Experimental Terras Baixas. Estação esta pertencente a Embrapa Clima Temperado, localizada nas coordenadas geográficas, 31°48'49" de latitude Sul e 52°28'20" de longitude Oeste, no município do Capão do Leão, no estado do Rio Grande do Sul. As linhagens e os genitores foram semeados seguindo um delineamento de blocos incompletos com testemunhas intercalares, sendo essas os

genitores (BRS Querência e Nipponbare) dispostos em quatro repetições (RAMALHO et al., 2012).

A parcela experimental consistiu-se em uma linha de 1,5 metros de comprimento, espaçada de 0,30 metros, sendo cada RIL e os genitores (testemunhas) compostos por 15 plantas. A adubação básica foi de 300 kg.ha⁻¹ de NPK (05-20-20) e 60 kg.ha⁻¹ de nitrogênio na forma de ureia, aplicada em cobertura no início do afileamento. A altura da lâmina de água variou entre 7,5 e 10 cm, sendo o início da submersão do solo aos 30 dias após a emergência das plântulas. Práticas de manejo cultural, como controle de plantas daninhas, doenças e insetos-praga foram realizadas de acordo com as recomendações para o arroz irrigado no Sul do Brasil (SOSBAI, 2014).

4.2.2. Caracteres avaliados

Um total de oito caracteres agronômicos foram avaliados na geração F₇:

À campo, foram avaliados: estatura de plantas (AP, em cm), obtido através da aferição individual de dez plantas da linha, utilizando uma régua graduada, medindo a distância do solo até a espiguetas mais alta da planta e; dias para o florescimento (DF, em dias), número de dias da semeadura até o florescimento de 50% das panículas de cada linha

Ao final do ciclo reprodutivo, dez plantas de cada linhagem foram colhidas individualmente. Mensurou-se os caracteres: comprimento da panícula (CP, em cm), obtido através de uma régua graduada; número de panículas por planta (NPP, em unidades), obtido através da contagem do número de panículas viáveis por planta; número de espiguetas férteis por panícula (NEF, em unidades), mensurou-se o número de espiguetas férteis contidas em cada panícula; número de espiguetas estéreis por panícula (NEE, em unidades), obtido através da contagem do número de espiguetas estéreis em cada panícula; massa de cem grãos (MCG, em g), obtida a partir da contagem do número de cem grãos onde mensurou-se sua massa, e massa total de grãos produzidos por planta (MTG, em g), obtida através da aferição da massa dos grãos contidos nas espiguetas férteis da planta.

4.2.3. Análises estatísticas

Os dados foram submetidos à análise de modelos mistos utilizando o conjunto REML/BLUP.

As características consideradas no processamento da análise de fatores, UPGMA, tocher, *k-means* e mapas auto-organizáveis de kohonen foram as médias genotípicas, estimadas pelo procedimento BLUP, dos caracteres avaliados.

Utilizou-se o modelo, $y = X_{PLANTA} + Z_{LIM} + e$ nas análises estatísticas, em que, y : é o vetor de dados;

$PLANTA$: é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

LIM : é o vetor dos efeitos genotípicos das famílias (assumidos como aleatórios);

e : é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

Para os efeitos aleatórios das famílias e dos resíduos assumiram-se os seguintes pressupostos das distribuições de probabilidade: $IID \sim N(0, \sigma^2)$.

As letras maiúsculas X e Z representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. As análises estatísticas foram realizadas no software SAS (SAS 9.4) e Genes (2013).

4.3. Resultados e discussão

Dentre os diferentes métodos que podem ser utilizados para determinar o quão distante geneticamente uma população ou genótipo é de outro, estão, com especial destaque, as análises multivariadas. Estas análises permitem unificar múltiplas informações de um conjunto de genótipos em uma variável complexa (MOREIRA et al., 2009). Dentre esses métodos, a análise de fatores é utilizada para a identificação de grupos de variáveis inter-relacionadas e assim, para a redução do número dessas (ARSHAD et al., 2010; VICINI, 2005). Essa análise revelou a distribuição da variabilidade genética das 128 linhagens dentro de um plano cartesiano (Figura 4.1), apresentando-a de forma espacial. Nota-se que dois fatores (representados nos eixos x e y) contribuíram para explicar a variação das linhagens, com menor grau de semelhança entre fatores. É possível verificar que não houve a formação de grupos homogêneos e separados, mas, a sobreposição de linhagens. No entanto, visualmente, as linhagens 60, 36, 128, 17, 108 e o genitor BRS Querência (2) revelaram-se mais distantes geneticamente em relação às demais.

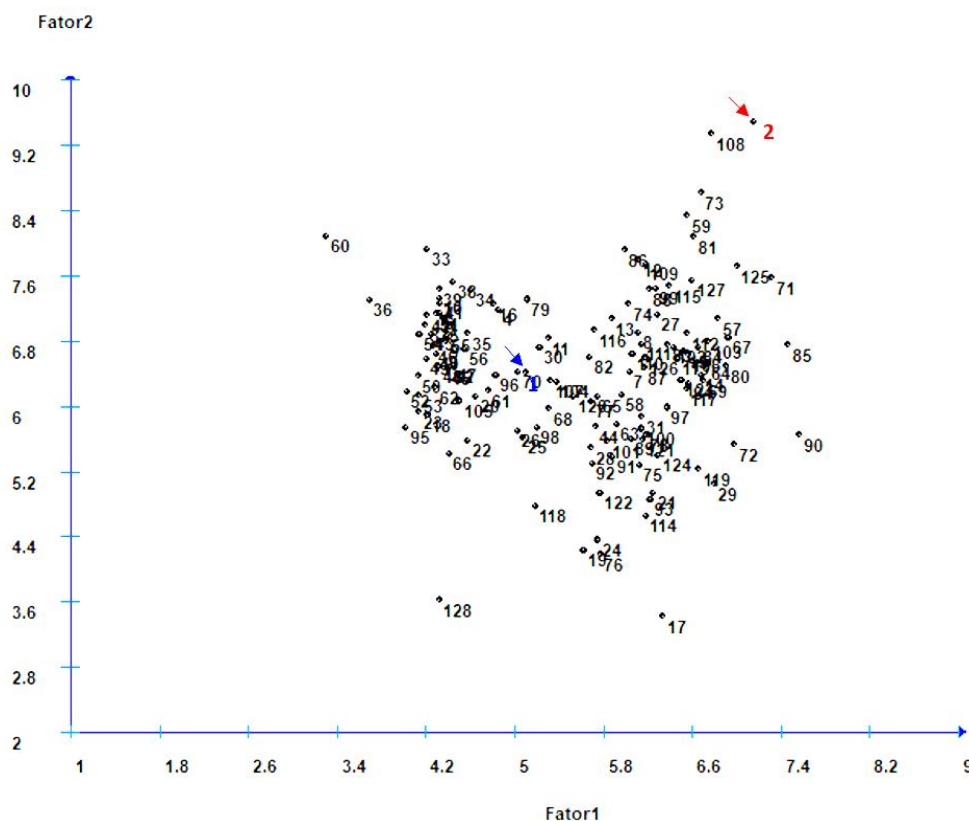


Figura 4.1. Análise fatorial demonstrando o padrão de distribuição espacial da variabilidade genética das 128 linhagens analisadas, e dos genitores Nipponbare (1, em azul) e BRS Querência (2, em vermelho). CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020.

O método de otimização de Tocher constitui uma técnica de agrupamento simultâneo, que realiza a separação dos indivíduos em grupos, de uma só vez (CRUZ; REGAZZI e CARNEIRO, 2014). Para realizar a análise é necessária a obtenção da matriz de dissimilaridade, responsável por identificar o par de indivíduos mais similares, formando o primeiro grupo. A partir daí será avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, tendo-se como critério a distância entre os grupos. A distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Neste trabalho, o método de agrupamento de Tocher, com base na matriz de distância Euclidiana, permitiu a formação de quatro grupos (Figura 4.2). A maior distância intergrupos observada foi entre os grupos G3 e G4. O grupo G1 foi o que obteve maior distância média intragrupo, por apresentar 125 linhagens agrupadas. Para os demais grupos não foi possível estimar estas distâncias, por possuírem somente um representante cada. Em estudos de divergência genética em pimenta (*Capsicum* sp.), aplicando o método de Tocher, também foram obtidos quatro grupos

distintos, sendo os grupos 2, 3 e 4 formados por apenas um acesso cada (FARIA et al., 2012; NEITZKE et al., 2010). Verifica-se, portanto, a dificuldade em analisar a divergência genética entre as linhagens pelo método de Tocher, visto que a maioria está contida em apenas um grupo.

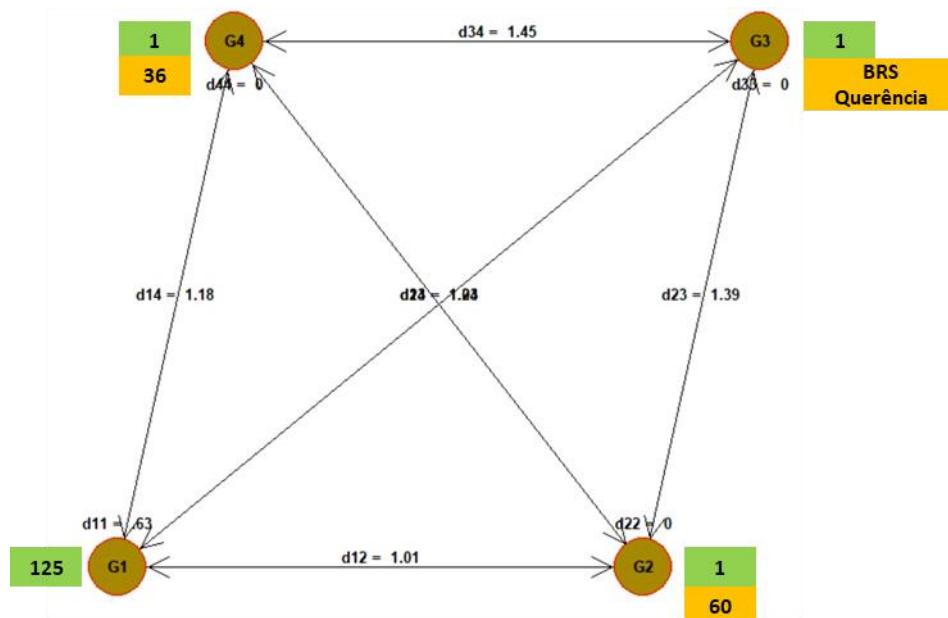


Figura 4.2. Formação dos grupos das 128 linhagens analisadas e as distâncias intragrupos e intergrupos, segundo o método de Tocher. Em caixa verde está o número de genótipos contidos em cada grupo e em caixa laranja, a identificação do genótipo. CGF, FAEM/UFPEL, Pelotas, RS, 2020.

O método de Tocher se utiliza de um critério global de agrupamento, com a característica de frequentemente formar grupos com apenas um indivíduo. Nos grupos com apenas uma linhagem, infere-se que tenham maior dissimilaridade em relação às demais, uma vez que, este agrupamento tem influência das distâncias das linhagens já agrupadas (VASCONCELOS et al., 2007).

Nos métodos hierárquicos de agrupamento, para que seja estabelecido um dendrograma (árvore de agrupamento), as linhagens são agrupadas por um processo que se repete em vários níveis. O UPGMA constitui-se de um método não ponderado de agrupamento aos pares. Utiliza-se das médias aritméticas das medidas de dissimilaridade e evita caracterizá-la por valores extremos, sendo eles máximos ou mínimos (SOKAL; MICHENER, 1958).

No presente trabalho, a análise de UPGMA permitiu a formação de um dendrograma em que as linhagens e os genitores foram agrupados em dez grupos distintos (Figura 4.3). O genitor Nipponbare (1) foi incluído no grupo I, juntamente com 31 linhagens. O genitor BRS Querência (2) foi incluído no grupo II, juntamente com uma única linhagem. Estes resultados comprovam a variabilidade genética existente

entre os genitores, como também, a eficácia dos caracteres avaliados para a diferenciação desses. Nos grupos VI, VIII, IX e X foram alocadas somente uma linhagem cada, sendo elas: 17, 60, 109 e 128, respectivamente. Em trabalhos avaliando a dissimilaridade genética em milho (SILVA et al., 2016), soja (LOPES et al., 2014) e sorgo sacarino (OLIVEIRA, 2015), também se constatou a formação de grupos com indivíduos isolados, pelo método UPGMA. Além disso, demonstraram ser um método interessante para identificação e seleção de indivíduos com maior divergência para posteriores cruzamentos, onde poderá ocorrer uma maior complementariedade alélica.

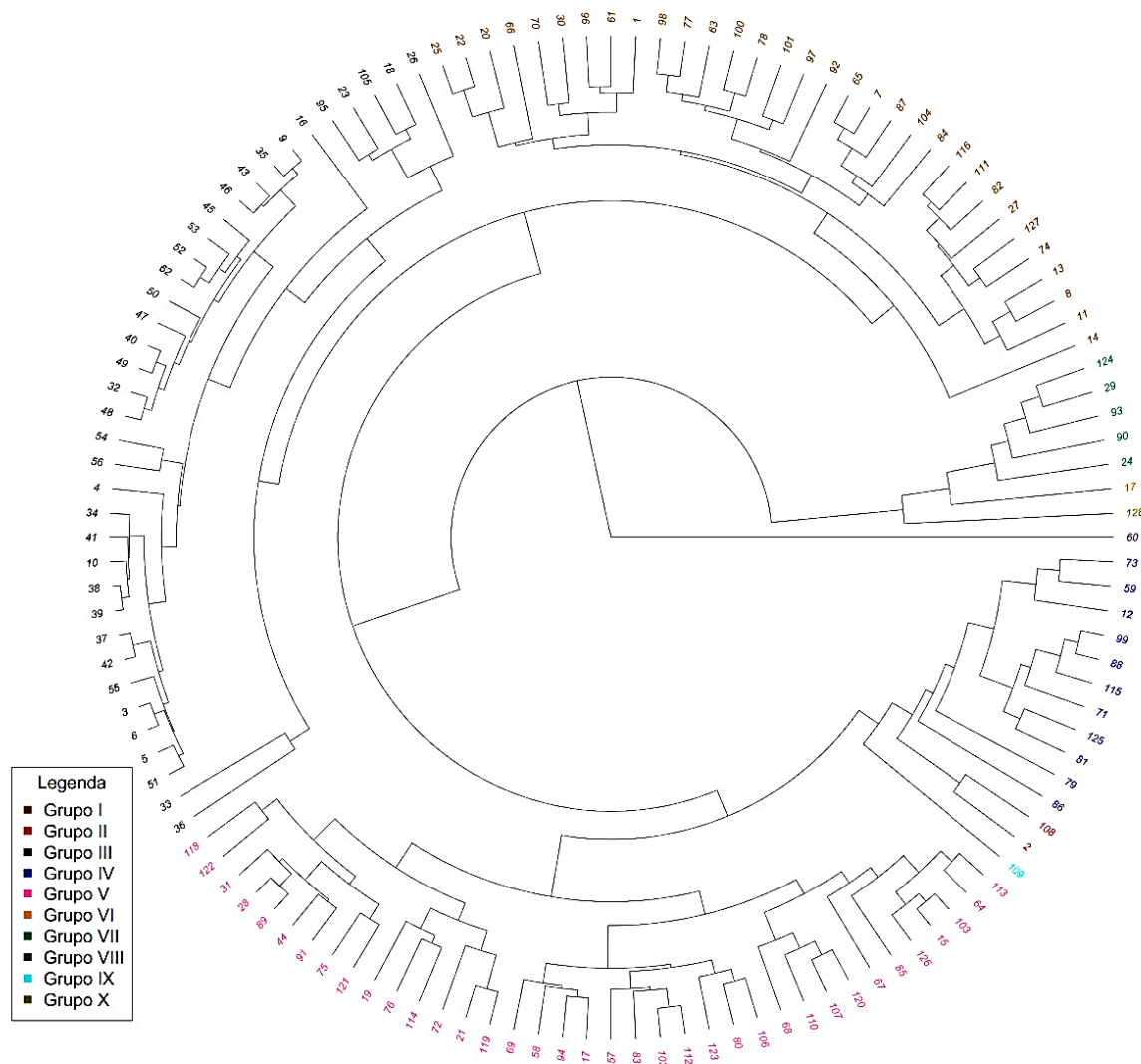


Figura 4.3. Dendrograma obtido pelo método UPGMA para o agrupamento de 128 linhagens provenientes do cruzamento entre os genitores Nipponbare (1) e BRS Querência (2). CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020.

O método *k-means* é considerado não hierárquico, o qual procura alocar os elementos de dados em grupos preliminarmente definidos, que representam os

centros (centroide) de cada grupo. Além disso, tem como vantagem minimizar a soma dos quadrados residuais dentro de cada grupo que é formado, isto aumenta a homogeneidade dentro de cada grupo e simultaneamente aumenta a diferença entre eles (ALENCAR et al., 2013). O centroide de cada grupo formado pode ser a média ou a mediana de um conjunto de pontos. O objetivo do *k-means* é reduzir a distância entre cada ponto e o seu respectivo centroide (HAIR et al., 2009).

De acordo com a análise de agrupamento pelo método de *k-means*, as linhagens foram alocadas em três grupos, sendo possível se verificar graficamente o perfil de distribuição dos centroides de cada grupo (Figura 4.4). As linhagens 60 (Grupo I), 128, 129 e 17 (Grupo II), 108 e o genótipo BRS Querência (2) (Grupo III) são as mais dispersas. Na figura é possível observar que estas estão mais distantes de seus grupos, quando comparadas as demais.

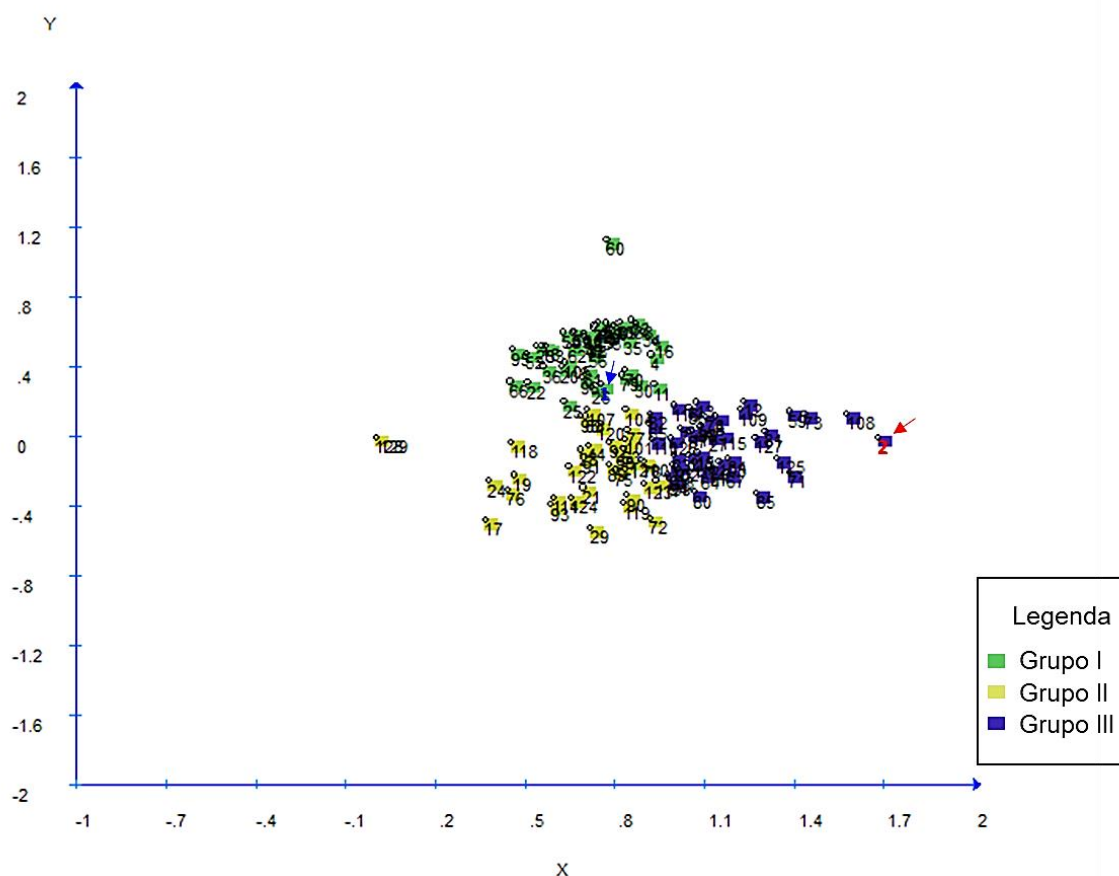


Figura 4.4. Agrupamento de 128 linhagens provenientes do cruzamento entre os genitores Nipponbare (1, em azul) e BRS Querência (2, em vermelho), segundo o método de *k-means*. CGF, FAEM/UFPel, Pelotas, RS, 2020.

As redes neurais de Kohonen ou mapas auto-organizáveis (SOM, do inglês, *Self Organized Maps*), são utilizadas principalmente para análises de agrupamentos e possuem a vantagem de trabalhar com dados não lineares. Devido à sua estrutura

não linear podem capturar características mais complexas dos dados. Apresentam-se, portanto, como um diferencial quando comparadas com as técnicas estatísticas tradicionais (GALVÃO et al., 1999; TIWARI; MISRA, 2011). Sendo que a maior vantagem está no fato de as redes neurais artificiais não requererem informações detalhadas sobre os processos físicos do sistema a ser modelado (PEIXOTO et al., 2015; SUDHEER et al., 2003). Técnicas de análise de agrupamento, como as redes neurais artificiais, tem por objetivo dividir um grupo original de observações em vários grupos. Possibilita a homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos.

Na figura 4.5 é possível observar como se distribuíram as 128 linhagens nos seis grupos formados pelas redes neurais artificiais. Destaca-se que os genitores Nipponbare (1) e BRS Querência (2) estabeleceram-se em grupos diferentes, comprovando a divergência entre eles, fator indispensável na formação desta população. Os centroides II e VI apresentaram 24 linhagens cada, os I e III agruparam 23 linhagens cada, o centroide IV alocou 15 linhagens e, finalmente, 19 linhagens foram agrupadas no V. Observa-se que as linhagens mais dispersas de seus respectivos centroides são as: 36, 60 e 33 (Centroide VI), 108 (Centroide IV), estando no mesmo grupo que o genitor BRS Querência (2), e as linhagens 128 e 17 (Centroide I). Estas linhagens podem ser consideradas as mais divergentes, por estarem mais distantes dos seus respectivos centroides.

Os grupos formados pelas redes neurais de Kohonen facilitam a seleção de linhagens divergentes, alocadas em diferentes grupos, que podem ser utilizadas em programas de melhoramento genético. Desta forma, a probabilidade de obter genótipos superiores é maior (BARBOSA et al., 2011).

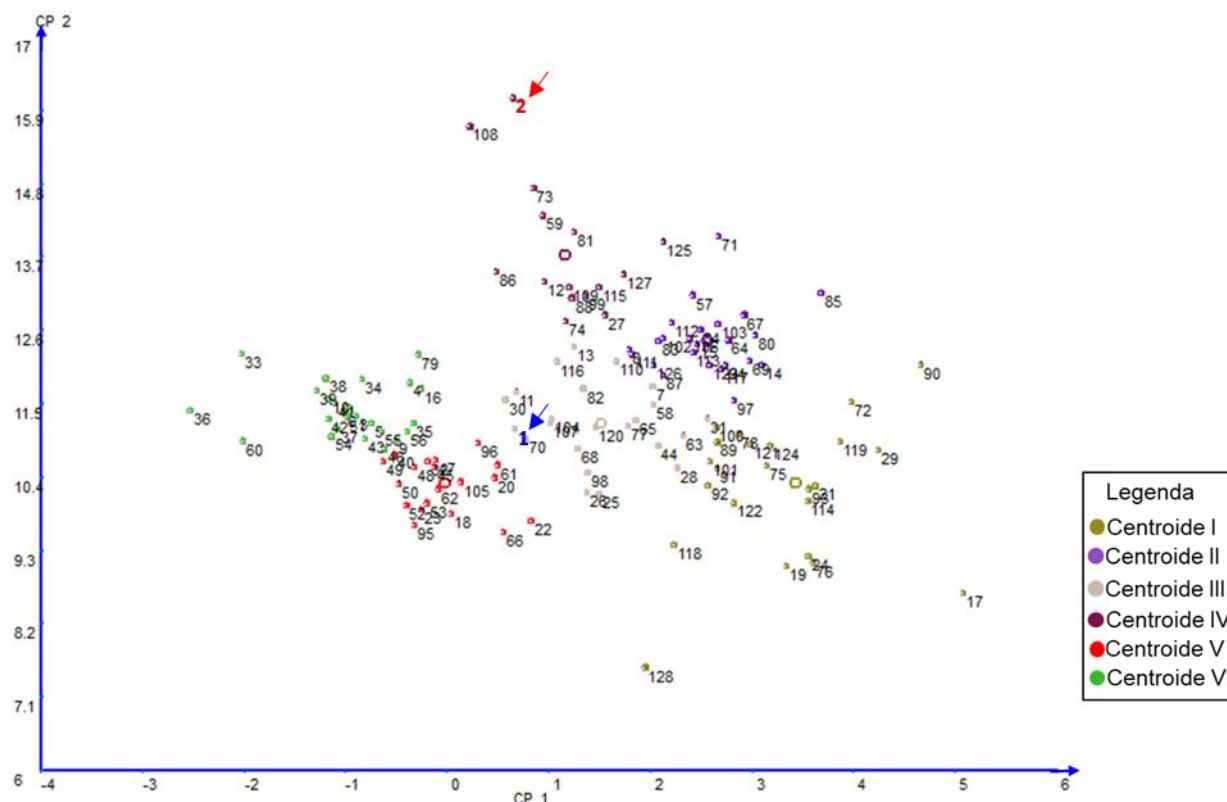


Figura 4.5. Agrupamento de 128 linhagens provenientes do cruzamento entre os genitores Nipponbare (1, em azul) e BRS Querência (2, em vermelho), segundo as redes neurais de kohonen. CGF, FAEM/UFPEl, Pelotas, RS, 2020.

Ao se comparar os métodos de agrupamento, observa-se que o método de otimização de Tocher e o agrupamento hierárquico UPGMA demonstraram semelhança de agrupamento em somente um grupo. O grupo IV do método de Tocher é formado pela mesma linhagem do grupo VIII no método UPGMA, sendo ela a linhagem 60. Em relação aos métodos no geral não houve expressiva semelhança nos agrupamentos. Entretanto, a linhagem 108 e o genitor BRS Querência (2) são alocados sempre no mesmo grupo, assim como as linhagens 128 e 17, nos métodos UPGMA, *k-means* e redes neurais de Kohonen, sendo estas linhagens menos distantes entre si geneticamente. A análise de fatores revelou estas mesmas linhagens mais dispersas na figura, inferindo sobre a distância genética em relação as demais. Os padrões referentes aos agrupamentos das linhagens dependem das premissas intrínsecas de cada método de agrupamento. Entretanto, as análises se complementam no que diz respeito à segurança dos resultados obtidos, para a seleção de genótipos dissimilares (CARGNELUTTI FILHO et al., 2008).

A análise de fatores e as análises de agrupamento fornecem ferramentas multivariadas interessantes para a exploração de relações de similaridade entre genótipos e/ou variáveis (ANAND; PADMANABHAM; GOVARDHAN, 2014). São duas

técnicas complementares, principalmente na interpretação dos resultados obtidos. Quando há a coincidência dos resultados pela análise de fatores e de agrupamento, uma confirma a outra.

Os resultados alcançados pelas análises multivariadas, principalmente pelos métodos UPGMA, *k-means* e redes neurais de Kohonen, indicam que a população revelou variabilidade genética para os caracteres avaliados. Consta-se, portanto, que pode ser utilizada em estudos para detecção de *QTL* relacionados aos caracteres avaliados neste trabalho. Em relação as linhagens analisadas, observa-se que apresentam ampla variabilidade genética, e algumas, as mais distantes, são promissoras a serem utilizadas em futuros trabalhos de melhoramento.

4.4. Conclusões

A população de linhagens endogâmicas recombinantes revela variabilidade para os caracteres avaliados.

As linhagens 17 e 128, assim como 108 e o genitor BRS Querência, são os genótipos mais similares entre si, enquanto que os mais distantes geneticamente da maioria dos demais são as linhagens, 17, 60, 108 e 128.

4.5. Referências bibliográficas

ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381 p.

ALENCAR, B. J. de; BARROSO, L. C.; ABREU, J. F. de. Análise Multivariada de Dados no Tratamento da Informação Espacial: uma abordagem com análise de Agrupamentos. **Revista Iberoamericana de Sistemas, Cibernética e Informática**, v.10, n.2, p.6-12, 2013.

ANAND, S.; PADMANABHAM, P; GOVARDHAN, A. Application of Factor Analysis to k-means Clustering Algorithm on Transportation Data. **International Journal of Computer Applications**, v. 95, n.15, p.40-46, 2014.

AREIAS, R. G. B. M.; PAIVA, D. M.; SOUZA, S. R.; FERNANDES, M. S. Similaridade genética de variedades crioulas de arroz, em função da morfologia, marcadores RAPD e acúmulo de proteína nos grãos. **Bragantia**, v.65, n.1, p.19-28, 2006.

ARSHAD, M.; AYUB KHAN, M.; JADOON, S. A.; MOHMAND, A. S. Factor analysis in sunflower (*Helianthus annuus* L.) to investigate desirable hybrids. **Pakistan Journal of Botany**, v.42, n.6, p.4393-4402, 2010.

BARBOSA, C. D.; VIANA, A. P.; SILVA, S.; QUINTAL, R.; PEREIRA, M. G. Artificial neural network analysis of genetic diversity in *Carica papaya* L. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.11, n.3, p.224-231, 2011.

BENITEZ, L. C.; RODRIGUES, I. C. S.; ARGE, L. W. P.; RIBEIRO, M. V.; BRAGA, E. J. B. 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.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; COSTA DE OLIVEIRA, A.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; VALÉRIO, I. P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.2, p.155-163, 2009.

BRONDANI, C.; BORBA, T. C. O.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, R. P. V. Determination of genetic variability of traditional varieties of Brazilian rice using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, v.29, n.4, p.676-684, 2006.

CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P.; SOUZA, J. R.; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, v.38, n.8, p.2138-2145, 2008.

CEOLIN, A. C. G.; GONÇALVES-VIDIGAL, C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; GONELA, A.; SCAPIM, C. A. Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group Carioca using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**, v.144, p.1-9, 2007.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; CRUZ, C. D.; MELO, A. V.; ECKERT, F. R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agronômica**, v.41, n.1, p.159-166, 2010.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, v.1, 2014. 480p.

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

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; SILVA, A. R.; FINGER, F. L.; SILVA, F. F.; CRUZ, C. D.; SÁVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, v.30, p.428-432, 2012.

GALVÃO, C. O.; VALENÇA, M. J. S.; VIEIRA, V. P. P. B.; DINIZ, L. S.; LACERDA, E. G. M.; CARVALHO, A. C. P. L. F.; LUDERMIR, T. B. **Sistemas inteligentes: Aplicações a recursos hídricos e ciências ambientais**. Porto Alegre: UFRGS/ABRH, 1999. 246p.

HAIR, J. F.; BLACK, W.; BABIN, B.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise Multivariada de dados**. Editora Bookman, Porto Alegre, 6ª ed., 2009. 688p.

HOSAN, S. M.; SULTANA, N.; IFTEKHARUDDUALA, K. M.; AHMED, M. N. U.; MIA, S. Genetic divergence in landraces of Bangladesh rice (*Oryza sativa* L.). **The Agriculturists**, v.8, n.2, p.28-34, 2010.

LOPES, L. A.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRRI, F. S.; CARVALHO, E. V. Variabilidade genética entre cultivares de soja, quanto ao rendimento de óleo, no estado do Tocantins. **Comunicata Scientiae**, v.5, n.3, p.279-285, 2014.

MARTINS, A. F.; ZIMMER, P. D.; COSTA DE OLIVEIRA, A.; CARVALHO, F. F. I.; VIEIRA, E. A.; CARVALHO, M. F.; MARTINS, L. F.; FONSECA, F. S. Variabilidade para caracteres morfológicos em mutantes de arroz. **Ciência e Agrotecnologia**, v.26, n.6, p.1215-1223, 2005.

MELO, S. B. **Divergência genética em acessos de melão utilizando redes neurais artificiais**. 2015. 72 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2015.

MENEZES, I. P. P.; HOFFMAN, L. V.; ALVES, M. F.; MORELLO, C. L.; BARROSO, P. A. V. Distância genética entre linhagens avançadas de germoplasma de algodão com uso de marcadores de RAPD e microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.10, p.1339-1347, 2008.

MOREIRA, R. M. P.; FERREIRA, J. M.; TAKAHASHI, L. S. A.; VASCONCELOS, M. E. C.; GEUS, L. C.; BOTTI, L. Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. **Semina: Ciências Agrárias**, v.30, n.1, p.1051-1060, 2009.

NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; FERRARI, M.; PELEGRIN, A. J.; SZARESKI, V. J.; KONFLANZ, V. A.; SOUZA, V. Q. Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos. **Revista de Ciências Agrárias**, v.40, n.1, p.164-174, 2017.

NEITZKE, R. S.; BARBIERI, R. L.; RODRIGUES, W. F.; CORRÊA, I. V.; CARVALHO, F. I. F. Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental. **Horticultura Brasileira**, v.28, p.47-53, 2010.

OLIVEIRA, T. C. **Divergência genética e correlação entre caracteres de genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres-MT**. 2015. 89 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade do Estado do Mato Grosso, Cáceres, 2015.

PEIXOTO, L. A.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Artificial neural networks reveal efficiency in genetic value prediction. **Genetics and molecular research: GMR**, v. 14, p. 6796, 2015.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; PINTO, J. C. S. B. P. **Genética na Agropecuária**. 5 ed. Lavras, Minas Gerais: UFLA, 2012, 565p.

SANT'ANNA, I. C.; TOMAZ, R. S.; SILVA, G. N.; NASCIMENTO, M.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Superiority of artificial neural networks for a genetic classification procedure. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.3, p.9898-9906, 2015.

SILVA, D. F. G.; DE JESUS COELHO, C.; ROMANEK, C.; GARDINGO, J. R.; DA SILVA, A. R.; GRACZYKI, B. L.; OLIVEIRA, E. A. T.; MATIELLO, R. R. Dissimilaridade genética e definição de grupos de recombinação em progênies de meios-irmãos de milho-verde. **Bragantia**, v.75, n.4, p.401-410, 2016.

SILVA, E. F.; GUIMARÃES, J. F. R.; MOURA, R. R.; SILVA, V. A. C. Divergência fenotípica entre genótipos de arroz de terras altas. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.6, n.2, p.280-286, 2011.

SILVA, P. C. **Divergência genética entre linhagens parcialmente endogâmicas de milho pipoca por métodos multivariados e redes neurais artificiais**. 2018. 86 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, 2018.

SOKAL, R. R.; MICHENER, C. D. A statistical method for evaluating relationships. **University of Kansas Science Bulletin**, v.38, n.22, p.1409-1448, 1958.

SOSBAI- Sociedade Sul-Brasileira de Arroz Irrigado. **Arroz irrigado: Recomendações Técnicas da Pesquisa para o Sul do Brasil**. Santa Maria: SOSBAI, 2014. 192p.

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

STRECK, E. A.; FACCHINELLO, P. H. K.; AGUIAR, G. A.; KRÜGUER, T. K.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. Distância genética entre cultivares de arroz irrigado em experimentos conduzidos a campo e em casa de vegetação. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v.17, n.4, p.505-515, 2018a.

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

Colocar aqui a citação do artigo do Streck na Crop Science (eu incluí no texto). Tem que ser 2018b.

SUDHEER, K. P.; GOSAIN, A. K.; RAMASASTRI, K. S. Estimating actual evapotranspiration from limited climatic data using neural computing technique. **Journal of Irrigation and Drainage Engineering**, v.129, n.3, p.214-218, 2003.

TIWARI, M.; MISRA, B. Application of Cluster Analysis in Agriculture – A Review Article. **International Journal of Computer Applications**, v.36, n.4, p.43-47, 2011.

VAL, B. H. P.; FERREIRA JR. J. A.; BIZARI, E. H.; DI MAURO, A. O.; TREVISOLI, S. H. U. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência & Tecnologia Jaboticabal**, v.6, n.1, p.72-83, 2014.

VANNIARAJAN, C.; VINOD, K. K.; PEREIRA, A. Molecular evaluation of genetic diversity and association studies in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Genetics**, v.91, n.1, p.9-19, 2012.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.10, p.1421-1428, 2007.

VIEIRA, E. A.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C. Comparação entre medidas e distância genealógica, morfológica e molecular em aveia em experimentos com e sem a aplicação de fungicida. **Bragantia**, v.64, n.1, p.51-60, 2005.

VICINI, L. **Análise multivariada da teoria à prática**. Santa Maria: UFSM, CCNE, 2005. 215p.

Considerações finais

A identificação de genótipos superiores dentro de um programa de melhoramento é considerada uma tarefa complexa e árdua. Isto se deve à grande parte dos caracteres de interesse do melhorista ser de natureza quantitativa. Os caracteres quantitativos são controlados por um grande número de genes, sendo altamente influenciados pelo ambiente e podendo apresentar baixa herdabilidade. A dificuldade do trabalho encontra-se nesta parte. Além disto, é imprescindível haver em um programa de melhoramento, variabilidade genética. Esta, por sua vez, auxilia na formação de uma população segregante promissora, que pode ser utilizada para diversas finalidades em estudos a campo e análises de biologia molecular.

Neste sentido, a pesquisa utilizou uma população de linhagens endogâmicas recombinantes (RILs) de arroz, provenientes do cruzamento intersubespecífico *indica-japonica* para ampliar o conhecimento acerca de correlações lineares genotípicas e fenotípicas, correlações canônicas, utilização de modelos mistos (BLUP) para seleção de genótipos promissores e análises multivariadas para caracterização da divergência genética dessa população.

Estudos que envolvem associações entre os caracteres e/ou grupos de caracteres, principalmente entre os agrônômicos e os de qualidade de grãos, podem auxiliar na seleção indireta. Devido a isto, é possível, utilizar-se de um caractere de fácil mensuração para selecionar àquele cujo é de interesse e difícil avaliação. Além disso, quando se diz respeito a grupos de caracteres é possível associar fenotipicamente vários caracteres em diferentes unidades, com as correlações canônicas.

A população apresenta variabilidade genética para os caracteres avaliados, destacando linhagens que podem vir a ser selecionadas como candidatas a cultivares melhoradas ou para integrar blocos de cruzamentos. As linhagens com maior potencial são a F5 e a F105. De acordo com a divergência genética as linhagens F17 e F128, assim como F108 e o genitor BRS Querência apresentam-se mais similares entre si, e as linhagens F17, F60, F108 e F128 são as mais distantes das demais.

Referências (Introdução Geral)

- BAO, J. Rice Starch. In: BAO, J (org.). **Rice Chemistry and Technology**. United States: Elsevier Science Publishing Co Inc., 2019. p. 55-108.
- BIRLA, D. S.; MALIK, K.; SAINGER, M.; CHAUDHARY, D.; JAIWAL, R.; JAIWAL, P. K. Progress and challenges in improving the nutritional quality of rice (*Oryza sativa* L.). **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, v.57, n.11, p.2455-2481, 2017.
- CARVALHO, L. P.; FARIAS, F. J. C.; MORELLO, C. L.; TEODORO, P. E. Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia**, v.75, n.3, p.314-321, 2016.
- Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB. **Produção de arroz**. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>. Acessado em: 22 de agosto de 2019.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.2. ed. Viçosa: UFV, 2003. 585p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.
- MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; MORAES, O. P.; FAGUNDES, P.; FRANCO, D. F.; NUNES, C. D. M.; NEVES, P.; RAMGEL, P. H.; COLOMBARI, J. M.; CASTRO, A.; MOURA, F.; STRECK, E. A.; AGUIAR, G. Desenvolvimento de Cultivares de Arroz Irrigado Subtropical do Programa de Melhoramento Genético da Embrapa - Ensaios de VCU no RS, Safras 2010/11 a 2013/14. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento** / Embrapa Clima Temperado, 227. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2015, 29p.
- MAO, T.; XU, L.; JIANG, S.; TANG, L.; WANG, J.; XU, H.; XU, Z. Discussion on strategy of grain quality improvement for super high yielding japonica rice in Northeast China. **Journal of Integrative Agriculture**, v.16, n.15, p.1075-1083, 2017.
- PANG, Y.; ALI, J.; WANG, X.; FRANJE, N. J.; REVILLEZA, J. E.; XU, J.; LI, Z. Relationship of Rice Grain Amylose, Gelatinization Temperature and Pasting Properties for Breeding Better Eating and Cooking Quality of Rice Varieties. **PLoS ONE**, v.11, n.12, 2016. P. e0168483, 2016.
- QIAN, Q.; GUO, L.; SMITH, S. M.; LI, J. Breeding high-yield superior quality hybrid super rice by rational design. **National Science Review**, v.3, p.283-294, 2016.
- RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P.; GUIMARÃES, E. P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.8, p.1595-1604, 2000.
- SANT'ANNA, I. C.; TOMAZ, R. S.; SILVA, G. N.; NASCIMENTO, M.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Superiority of artificial neural networks for a genetic classification procedure. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.3, p.9898-9906, 2015.

SANTOS, P. R.; PREISIGKE, S. C.; PIO VIANA, A.; CAVALCANTE, N. R.; BEZERRA DE SOUSA, C. M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Associations between vegetative and production traits in guava tree full-sib progenies. **Pesquisa agropecuária brasileira** v.52, p.303-310, 2017.

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

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

United State Departament of Agriculture – USDA. **World Agricultural Production**. <http://usda.library.cornell.edu/concern/publications/5q47rn72z?locale=en>. Acessado em: 22 de agosto de 2019.

Vita

Raíssa Martins da Silva nasceu em 29 de dezembro de 1991, filha de Alfredo Carlos Pereira da Silva e Wilma Martins do Reis, natural de São Gonçalo, Rio de Janeiro. Coursou ensino fundamental e médio como bolsista em escola particular. Em março de 2010 ingressou na Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM/UFPel), e em agosto de 2012 iniciou estágio no Centro de Genômica e Fitomelhoramento (CGF), permanecendo até julho de 2014. Realizou trabalhos com aveia, trigo e arroz. Tornou-se bolsista do CNPq de outubro de 2012 até 2014. Em julho de 2014 iniciou o estágio curricular obrigatório do curso de Agronomia na Embrapa Arroz e Feijão, localizada em Santo Antônio de Goiás em Goiânia com término das atividades em novembro de 2014. Obteve o título de Engenheira Agrônoma em dezembro de 2014. Em fevereiro de 2015 foi selecionada em segundo lugar para ingressar no curso de mestrado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Fitomelhoramento. Realizou o exame de progressão para o doutorado em abril de 2016 e obteve o título de mestre em setembro do mesmo ano. Começou o doutorado no curso de Pós-Graduação em Agronomia no ano de 2016. Neste período foi atuante na condução do campo experimental da cultura de arroz do programa de melhoramento do CGF, auxiliando alunos de graduação na execução de tarefas. Durante sua trajetória acadêmico-científica, publicou na qualidade de autor e co-autor 31 resumos e 3 artigos científicos em periódicos na área de melhoramento genético de plantas.

Apêndices

Apêndice A - Tabela de classificação da dimensão dos grãos de 40 linhagens endogâmicas recombinantes provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS Querência e Nipponbare. CGF, FAEM/UFPeI, Pelotas, RS, 2020.

Linhagens de arroz	Classe (dimensão)
BRS Querência	Longo fino
Nipponbare	Curto
F3	Curto
F4	Curto
F5	Médio
F6	Curto
F7	Curto
F9	Médio
F10	Médio
F14	Médio
F21	Curto
F22	Médio
F27	Curto
F28	Curto
F29	Médio
F32	Médio
F33	Médio
F61	Médio
F62	Médio
F63	Médio
F65	Médio
F70	Médio
F73	Médio
F77	Longo fino
F79	Médio
F80	Médio
F88	Curto
F89	Curto
F90	Médio
F92	Curto
F94	Curto
F103	Médio
F105	Curto
F108	Médio
F111	Médio
F112	Médio
F117	Médio
F118	Médio
F121	Longo fino
F125	Curto
F126	Médio
F135	Longo fino