

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL  
FACULDADE DE AGRONOMIA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES DE  
QUALIDADE DE GRÃO E CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE  
LINHAGENS ENDOGÂMICAS RECOMBINANTES DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)

Renan Honorato Fernandes  
Engenheiro Agrônomo/UNISUL

Dissertação apresentada como um dos requisitos  
à obtenção do grau de Mestre em Fitotecnia  
Ênfase Melhoramento e Biotecnologia Vegetal

Porto Alegre (RS), Brasil  
Junho - 2015

## CIP - Catalogação na Publicação

Honorato Fernandes, Renan

Estimativa de parâmetros genéticos para caracteres de qualidade de grãos e características agronômicas de linhagens endogâmicas recombinantes de arroz (*Oryza sativa* L.) / Renan Honorato Fernandes. -- 2015.

75 f.

Orientador: José Fernandes Barbosa Neto.

Dissertação (Mestrado) -- Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Faculdade de Agronomia, Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Porto Alegre, BR-RS, 2015.

1. Variabilidade genética. 2. Herdabilidade. 3. *Oryza sativa* L.. 4. Qualidade de grão. I. Fernandes Barbosa Neto, José, orient. II. Título.

RENAN HONORATO FERNANDES  
Engenheiro Agrônomo - UNISUL

## **DISSERTAÇÃO**

Submetida como parte dos requisitos  
para obtenção do Grau de

### **MESTRE EM FITOTECNIA**

Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia  
Faculdade de Agronomia  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul  
Porto Alegre (RS), Brasil

Aprovado em: 30.06.2015  
Pela Banca Examinadora

Homologado em: 08.09.2015  
Por

JOSÉ FERNANDES BARBOSA NETO  
Orientador - PPG Fitotecnia

SIMONE MUNDSTOCK JAHNKE  
Coordenadora do Programa de  
Pós-Graduação em Fitotecnia

FERNANDA BERED  
PPG em Genética e  
Biologia Molecular/UFRGS

ROBERTO LUIS WEILER  
IRGA

RUBENS MARSCHALEK  
EPAGRI

PEDRO ALBERTO SELBACH  
Diretor da Faculdade de  
Agronomia

*Dedico este trabalho à minha mãe  
Lucieny Costa Honorato, ao meu pai  
Braz Antunes Fernandes Filho e à  
minha avó materna Rosaly Costa pelo  
amor, carinho, dedicação,  
compreensão, incentivo e  
companheirismo.*

## AGRADECIMENTOS

Sobretudo a Deus, que me ilumina e guia os meus passos, dando clareza e sabedoria nas minhas decisões. Minha família, Braz Antunes Fernandes Filho, Lucieny Costa Honorato e minha irmã, Emillin Honorato Fernandes, pelo afeto e dedicação proferidos em todos os momentos.

Meus avós Rosaly Costa e Teodoro Honorato que sempre me ajudaram sendo solidários e prestativos.

Aos professores da Universidade Federal do Rio Grande do Sul Itamar C. Navas, Marcelo Pacheco, Luiz Carlos Federizzi, Renata Pereira da Cruz e, em especial, ao meu orientador José Fernandes Barbosa Neto pela orientação, ensinamentos, apoio e amizade em todos os momentos do curso e na elaboração deste trabalho.

À equipe do Projeto Arroz da EPAGRI/EEI pela disponibilização do laboratório de melhoramento genético para as avaliações de qualidade de grão realizadas neste trabalho e, em especial, ao pesquisador Rubens Marschalek pela amizade, incentivo, troca de ideias e apoio em várias etapas da realização deste trabalho e ao Samuel Batista dos Santos por disponibilizar materiais e ajudar nos trabalhos realizados.

Ao Instituto Rio Grandense de Arroz (IRGA) por disponibilizar espaço físico, funcionários de campo, ferramentas e equipamentos e, em especial, à equipe de melhoramento genético de arroz representada pelos pesquisadores Mara Cristina Barbosa Lopes, Roberto Luis Weiler, Antonio Folgiarini de Rosso pelo apoio, ensinamentos e incentivos durante este trabalho.

Ao grupo de pesquisa do professor Antônio Costa de Oliveira da Universidade Federal de Pelotas (UFPel) por disponibilizar os materiais para pesquisa e por colaborar na implantação do ensaio em Pelotas - RS.

À Gerência Regional de Tubarão da EPAGRI e, em especial, ao gerente Gustavo Gimi Santos Claudino pelo apoio, incentivo e liberação para finalizar este curso.

Aos colegas da EPAGRI Alice Sehnem Heizen, Elza Maria de Souza e Jailso Epping que direta ou indiretamente colaboraram para realização deste trabalho.

# ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES DE QUALIDADE DE GRÃO E CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS RECOMBINANTES DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)<sup>1</sup>

Autor: Renan Honorato Fernandes

Orientador: José Fernandes Barbosa Neto

## RESUMO

Altas produtividades são desejadas no cultivo do arroz, porém caracteres de qualidade do grão, como desempenho industrial, qualidade culinária, entre outros passam a ter grande importância, pois são os que, em última análise, vão determinar o preço que a indústria deverá pagar ao produtor. Conhecimento da natureza e da magnitude da variação genética que governa a herança de caracteres quantitativos como rendimento e qualidade de grãos são essenciais para o melhoramento genético. Os objetivos deste trabalho foram obter informações sobre caracteres agronômicos e caracteres de qualidade de grão de uma população indica x japônica e estimar diferentes parâmetros genéticos para posterior recomendação como fonte de variabilidade. Para isso, foi realizada avaliação fenotípica de 147 linhagens endogâmicas recombinantes, juntamente com três testemunhas (Nipponbare, BRS Atalanta e IRGA 417), avaliadas em ensaios de campo conduzidos na Estação Experimental de Arroz (EEA) do Instituto Rio Grandense de Arroz (IRGA), em Cachoeirinha (latitude 29° S), na safra 2013/14. Foram avaliados 13 caracteres fenotípicos a campo e nos laboratórios de Biologia Molecular e de Fisiologia Vegetal do Departamento de Plantas de Lavoura, da Faculdade de Agronomia da UFRGS, em Porto Alegre – RS, e no laboratório do Melhoramento Genético de Arroz, na Estação Experimental da EPAGRI, em Itajaí – SC. De uma maneira geral, houve alta variabilidade para caracteres relacionados à qualidade de grão e características agronômicas, o que seria esperado por ser uma população proveniente de um cruzamento bastante divergente (subespécies indica e japônica) e, ainda assim, há linhagens com caracteres desejáveis para o desenvolvimento de novas variedades, tanto para qualidade de grãos como para características agronômicas, estando de acordo com o desejável pelo melhorista. As estimativas de correlação e a análise de trilha sugerem que durante a seleção deve-se dar mais ênfase para o caráter índice de centro branco, devido a este caráter apresentar valores médios de herdabilidade, ganho esperado com seleção moderado e alta correlação genética e efeito direto negativo com a característica renda de engenho, facilitando a seleção e a obtenção de progressos nestes caracteres.

---

<sup>1</sup> Dissertação de Mestrado em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil. (75p.) Junho, 2015.

# ESTIMATE OF GENETIC PARAMETERS FOR GRAIN QUALITY TRAITS AND AGRONOMIC TRAITS IN RECOMBINANT INBRED LINES OF RICE (*Oryza sativa* L.)<sup>1</sup>

Author: Renan Honorato Fernandes

Advisor: José Fernandes Barbosa Neto

## ABSTRACT

High yields are desired in rice cultivation, but grain quality parameters, such as industrial performance, cooking quality, and others have great importance. This is because quality traits will ultimately determine the price that the industry will pay to the farmer. Knowledge of nature and magnitude of genetic variation that governs the inheritance of quantitative traits like yield and grain quality are essential to achieve genetic gain. The objectives of this work were to obtain information about agronomic characteristics and grain quality traits of a population indicates *x japonica* and to estimate different genetic parameters for further recommendation as a source of variability. A phenotypic evaluation was conducted in 147 recombinant inbred lines along with three check varieties (Nipponbare, BRS Atalanta and IRGA 417). This experiment was evaluated in field trials conducted at the Estação Experimental do Arroz (EEA) of Instituto Rio Grandense do Arroz (IRGA) in Cachoeirinha (latitude 29 S) in 2013/14 season. There were evaluated 13 phenotypic traits on the field and at the laboratories at the Departamento de Plantas de Lavoura da Faculdade de Agronomia da UFRGS in Porto Alegre - RS, and in laboratory at the Experimental Station EPAGRI in Itajaí - SC. In general, there was large variability for traits related to the quality of grain and agronomic traits, which would be expected in a population from a very divergent cross (subspecies *indica* and *japonica*). In addition, there were lines with desirable traits for the development of new varieties, both for grain quality and agronomic traits. The correlation estimates and the path analysis suggested that the selection should be emphasized on the chalky grain trait due to its medium heritability value, moderate expected gain with selection and high genetic correlation and negative direct effect with industrial performance trait, facilitating the selection and achieving progress in these characteristics.

---

<sup>1</sup> Master of Science in Agronomy, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil. (75p.) Juny, 2015.

## SUMÁRIO

	Página
1. INTRODUÇÃO.....	01
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	03
2.1. Arroz ( <i>Oryza sativa</i> L.) - Aspectos Gerais e Econômicos.....	03
2.2. Origem e espécie .....	04
2.3. Melhoramento genético de arroz.....	06
2.4. Qualidade de grãos .....	10
2.5. Estimativas de parâmetros genéticos.....	14
3. MATERIAIS E MÉTODOS .....	22
3.1. Obtenção da população de linhagens recombinantes (RIL).....	22
3.2. Ensaio de campo .....	22
3.3. Caracteres avaliados.....	23
3.4. Análise estatística .....	25
3.4.1. Variância do erro .....	26
3.4.2. Variância fenotípica .....	26
3.4.3. Variância genotípica.....	26
3.4.4. Herdabilidade .....	27
3.4.5. Correlações genotípicas, fenotípicas entre dois caracteres ....	27
3.4.6. Análise de trilha.....	29
3.4.7. Ganho esperado com seleção.....	30
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	31
5. CONCLUSÕES.....	55
6. REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA .....	56
7. APÊNDICES.....	62
8. VITA.....	73

## RELAÇÃO DE TABELAS

	Página
1. Esquema da análise de variância individual do modelo blocos ao acaso. UFRGS, 2015 .....	26
2. Estatística básica de características fenotípicas de 147 linhagens de arroz ( <i>Oryza sativa L.</i> ). Cachoeirinha, RS .....	33
3. Resumo das análises de variância das características fenotípicas de 147 linhagens de arroz ( <i>Oryza sativa L.</i> ). Cachoeirinha, RS .....	41
4. Variância genética aditiva (VA), variância fenotípica (VP) e herdabilidade no sentido restrito ( $h^2$ ) para características fenotípicas de 147 linhagens de arroz ( <i>Oryza sativa L.</i> ). Cachoeirinha, RS .....	44
5. Ganho esperado com seleção (GS) e ganho esperado com seleção com porcentagem da média (GS como % da média) para características fenotípicas de 147 linhagens de arroz ( <i>Oryza sativa L.</i> ). Cachoeirinha, RS.....	46
6. Coeficientes de correlação fenotípica e genotípica, acima e abaixo da diagonal, respectivamente, das características fenotípicas de 147 genótipos de arroz ( <i>Oryza sativa L.</i> ). Cachoeirinha, RS .....	48
7. Estimativas dos efeitos diretos (diagonal) e indiretos entre a variável renda de engenho (RENDENG) com o peso de 1000 grãos (P1000G), centro branco (CB), comprimento de grão (CG), largura de grão (LG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L). Cachoeirinha, RS.....	51

## RELAÇÃO DE FIGURAS

	Página
1. Área do ensaio implantado em Cachoeirinha, RS, 2014.....	31
2. Estande final de plantas, Cachoeirinha, RS, 2014 .....	32
3. Distribuição de frequências para dias para florescimento (a), estatura de planta (cm) (b), número de panículas/m <sup>2</sup> (c), comprimento da folha bandeira (cm) (d), ângulo da folha bandeira (e) e largura da folha bandeira (mm) (f) dos genótipos BRS Atalanta, Nipponbare e população de linhagens recombinantes, em Cachoeirinha-RS, safra 2013/2014 .....	34
4. Distribuição de frequências para peso de 1000 grãos (g) (a), renda de engenho (%) (b) e centro branco (c) dos genótipos BRS Atalanta, Nipponbare e população de linhagens recombinantes, em Cachoeirinha-RS, safra 2013/2014 .....	36
5. Distribuição de frequências para comprimento do grão (mm) (a), largura do grão (mm) (b), espessura do grão (mm) (c) e relação comprimento/largura do grão (d) dos genótipos BRS Atalanta, Nipponbare e população de linhagens recombinantes, em Cachoeirinha-RS, safra 2013/2014. ....	39
6. Diagrama causal dos efeitos diretos e indiretos entre a variável renda de engenho (RENDENG) com o peso de 1000 grãos (P1000G), centro branco (CB), comprimento de grão (CG), largura de grão (LG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L), referentes ao experimento realizado em Cachoeirinha no estado do Rio Grande do Sul na safra 2013/2014 .....	53

## 1 INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa L.*) é um dos alimentos mais importantes para a nutrição humana, sendo o principal alimento para mais da metade da população mundial, e desempenhando importante papel tanto em âmbito social, econômico e cultural. Seu grão apresenta um excelente balanceamento nutricional, fornecendo 20% da energia e 15% da proteína necessária ao homem. É também uma cultura extremamente versátil, que se adapta a diferentes condições de solo e clima, sendo considerada a espécie que apresenta maior potencial para combater a fome no mundo.

Depois do trigo e do milho, o arroz é o cereal mais produzido no mundo. É cultivado em todos os continentes, sendo que o asiático tem a maior concentração, com destaque para China e Índia, responsáveis por 30% e 21% da produção mundial, respectivamente. O Brasil ocupa o 8º lugar, com 1,9% da produção mundial e se destaca como o maior produtor fora do continente Asiático.

A produção deste cereal no Brasil é oriunda, principalmente, das lavouras irrigadas do Rio Grande do Sul (RS) e de Santa Catarina (SC), sendo que a cultura do arroz no RS está entre as poucas exceções cujo aumento da

produção decorre, não só do acréscimo da área cultivada, mas também do incremento da produtividade.

Estima-se que aproximadamente 50% do aumento do rendimento das principais culturas seja devido ao melhoramento genético. Essa contribuição tende a ser mais importante em decorrência do crescimento populacional e, sobretudo, pela necessidade de redução dos efeitos ambientais atribuídos aos insumos utilizados na produção agrícola. Não somente altas produtividades são desejadas no cultivo do arroz. Parâmetros de qualidade do grão, como desempenho industrial, qualidade culinária entre outros, passam a ter grande importância, pois são os que em última análise vão determinar o preço que a indústria deverá pagar ao produtor.

O conhecimento da natureza e magnitude da variação genética que governa a herança de caracteres quantitativos como rendimento e qualidade de grãos são importantes para efetuar o melhoramento genético. Seleção para melhorar componentes como a renda no beneficiamento de grão são essenciais em programas de melhoramento genético projetados para atender os padrões da indústria e características requeridas pelos consumidores no mercado interno e externo.

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos em populações em estágio avançado de endogamia é importante no direcionamento de programas de melhoramento, principalmente no que se refere ao processo seletivo das linhagens mais promissoras. Os objetivos deste trabalho foram obter informações sobre caracteres agrônômicos e de qualidade de grão de uma população indica x japônica e estimar diferentes parâmetros genéticos para posterior recomendação como fonte de variabilidade.

## 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Arroz (*Oryza sativa* L.) - Aspectos Gerais e Econômicos

Depois do milho, o arroz é o cereal mais produzido no mundo. É cultivado em todos os continentes com destaque para China e Índia responsáveis por 30,2% e 21,3% da produção mundial, respectivamente (Agostini, 2012). A produção desta cultura em 2012 foi de aproximadamente 465 milhões de toneladas de arroz beneficiadas, sendo 0,25% maior do que em 2011, que já tinha sido considerada recorde (Conab, 2013).

O Brasil destaca-se como o maior produtor fora do continente Asiático e está entre os dez principais produtores mundiais de arroz, com uma área cultivada na safra 2011/12 de 2.409 milhões de hectares, 14,5% menor que a área cultivada na safra 2010/11 que foi de 2.759 milhões de hectares. A produção no Brasil na safra 2011/12 foi de 11.453 milhões de toneladas, 1.991 milhões de toneladas (17%) menor do que em 2010/2011 que foi de 13.444 milhões de toneladas (Conab, 2013). Da mesma forma, a produtividade da safra 2011/2012 também diminuiu, alcançando 4.755 kg ha<sup>-1</sup>, 2,4% menor que na safra anterior. Apesar de possuir 49% da área brasileira, a produção do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina, somada, representou 77,2% da produção do país, pelo fato de os dois Estados conduzirem a lavoura em sistema

irrigado, cujas produtividades são bem superiores às do sequeiro (Agostini, 2012).

## 2.2 Origem e espécies

O arroz é uma angiosperma monocotiledônea da família Poaceae (Gramineae), subfamília Oryzoideae, tribo Oryzeae. A adaptação às condições aquáticas ou de inundação parece ter sido o principal fator na evolução de Oryzeae, uma tribo isolada de poáceas com cerca de quatorze gêneros (Chandraratna, 1964).

O arroz tem um genoma pequeno e elevada colinearidade com outros membros da família das gramíneas (Han *et al.*, 2007), sendo considerado como a espécie modelo para os cereais. Todo o genoma do arroz foi sequenciado e várias bibliotecas foram construídas na última década (Yu *et al.*, 2002, Goff *et al.*, 2002.; Wu *et al.*, 2003). Esses recursos auxiliaram no progresso na pesquisa genética e genômica funcional do arroz (Han *et al.*, 2007; Yan *et al.*, 2011).

O gênero *Oryza* apresenta 23 espécies distribuídas em todos os continentes, as quais abrigam uma grande variabilidade de hábitos e formas e habitam desde lagos de águas profundas até florestas densas e savanas, entre as quais destacam-se as duas espécies de arroz cultivado *Oryza sativa* L (arroz asiático) e *Oryza glaberrima* Steud (arroz africano), as quais pertencem a um grupo de espécies chamado complexo *Oryza sativa*, junto com cinco espécies silvestres *O. rufipogon*, *O. barthii*, *O. longistaminata*, *O. glumaepatula* e *O. meridionalis* (Chang, 1996). Este complexo foi primeiramente definido como espécies diploides tendo o genoma A em comum. Destas, somente a *O.*

*rufipogon* produz híbridos F1 férteis com *O. sativa* e, portanto, são consideradas como pertencentes a uma única espécie biológica. As evidências sugerem que *O. rufipogon* é o ancestral de *O. sativa* e *O. barthii* é o ancestral do arroz africano, *O. glaberrima* (Morishima, 2001). *Oryza sativa*, *O. glaberrima* e seus aparentados silvestres são diploides ( $2n=24$ ), constituídos pelo genoma AA, enquanto sete espécies silvestres são tetraplóides ( $2n=48$ ) (Chang, 1996).

Segundo Morishima (2001), o arroz tem dois “pool” gênicos primários correspondente a *O. sativa* e *O. glaberrima*, que contém as linhagens cultivadas e seus aparentados silvestres e daninhos. Dentro do “pool” gênico primário de *O. sativa*, quatro direções de diferenciação são reconhecidas: (1) diferenciação dos tipos silvestres para os cultivados, (2) diferenciação dos tipos perenes para os anuais dentro das raças silvestres, (3) diferenciação geográfica nas raças silvestres e (4) diferenciação varietal em relação as subespécies indica e japônica. Esta diferenciação em subespécie indica e japônica é provavelmente decorrente do processo de domesticação da espécie *Oryza sativa*, cuja origem ocorreu na Ásia, e é caracterizada de acordo com Chang (1996):

Indica: o tipo tropical, elevada estatura de planta, caules fracos, folhas longas e caídas, sensível a baixas temperaturas e fotoperíodo, grãos finos que quebram facilmente e se mantêm dormente por longos períodos, e são a fonte de grãos cozidos soltos.

Japônica: o tipo temperado, tipicamente com folhas e caules pequenos, moderado perfilhamento, resistente à baixas temperaturas, grãos arredondados e curtos com baixo conteúdo de amilose que faz com que os grãos após o cozimento tornem-se pegajosos.

Uma vez que se originou do sudoeste da Ásia, o seu cultivo se dispersou, sendo cultivado tanto em terras baixas e tropicais (Índia e sul da China) como em regiões de clima temperado e terras altas (Coréia e Norte da China) (Oka e Morishima, 1997).

### **2.3 Melhoramento genético de arroz**

Melhoramento é a fase contemporânea da evolução das plantas cultivadas e o mecanismo fundamental é a substituição de alelos, seguido do isolamento diferenciado dos produtos de seleção (Federizzi, 1998). Estima-se que aproximadamente 50% do aumento do rendimento das principais culturas seja devido ao melhoramento genético. Essa contribuição deveria aumentar para suprir o crescimento populacional e, sobretudo, o melhoramento poderia auxiliar na segurança alimentar, mantendo ou aumentando a produtividade pela superação de efeitos bióticos e abióticos, principalmente no tocante as anunciadas mudanças climáticas (Fehr, 1987). A disponibilidade de variabilidade genética é essencial nos programas de melhoramento de plantas, pois possibilita a seleção de plantas e o progresso genético, sendo fundamental ao contínuo incremento de produtividade e qualidade de grãos (Allard, 1960).

A variabilidade genética do arroz é elevada, sendo cultivado em todos os continentes. Em cada local existem cultivares adaptadas às condições de clima, solo, parque industrial e preferência dos consumidores (Pedroso, 1982). Os cultivares de arroz são classificados em dois grupos: índica e japônica. Os cultivares índica são predominantemente cultivados nos trópicos e subtropicais e os cultivares japônicas em regiões temperadas (Babu *et al.*,

2012). Existe também um terceiro grupo denominado javânica, cultivado em planícies tropicais na Indonésia, entretanto, o trabalho realizado por Mackill (1995) com marcadores RAPD mostrou que os genótipos desse grupo estão inclusos no grupo japônica tropical. No Brasil, a maioria dos cultivares de arroz irrigado utilizados são do grupo índica, obtidos por cruzamentos entre linhagens introduzidas principalmente do Centro de Agricultura Tropical (CIAT) e do International Rice Research Institute (IRRI) (SOSBAI, 2014).

No sul do Brasil o melhoramento genético do arroz tem sido intenso. Na década de 30, quando foi criada a Estação Experimental de Arroz (EEA), pertencente ao Instituto Rio Grandense do Arroz (IRGA), 129.000 hectares eram cultivados com arroz irrigado, cuja produtividade média era de 2.300 kg ha<sup>-1</sup>. Os cultivares predominantes eram Piemonte, Nero Vialone e Lenciano, introduzidos da Itália, e as americanas Carolina, Blue Rose e Fortuna (SOSBAI, 2014). De 1940 até 1965, o IRGA colocou à disposição dos produtores cerca de 20 cultivares com ciclo mais curto que os anteriores e melhor qualidade de grãos. A partir de 1971, o IRGA/EEA intensificou o intercâmbio técnico com instituições nacionais e internacionais. Como consequência, as trocas de materiais genéticos e experiências trouxeram resultados positivos. Lançaram-se cultivares modernos de porte baixo e boa produtividade que contribuíram para aumentar substancialmente a produção do Rio Grande do Sul. Em 1978, o BR-IRGA 409 veio revolucionar a orizicultura gaúcha, chegando a ocupar 60% da área cultivada (SOSBAI, 2014). Vários outros cultivares foram lançados até a safra 2014/2015 por diferentes instituições de pesquisa, com destaques à Embrapa/CNPAF, EPAGRI, IRGA e ao INTA da Argentina.

Há vários métodos para se obter novos cultivares; uns mais rápidos, como as introduções, e outros demorados, porém mais eficientes, como a hibridização controlada, que é o mais empregado no mundo (Vieira *et al.*, 2007).

Os novos cultivares de arroz irrigado são obtidos através de processos e técnicas de melhoramento que possibilitam aos melhoristas selecionar os melhores indivíduos através do fenótipo e, mais recentemente, com a ajuda da biotecnologia (marcadores moleculares), diretamente através do genótipo, o que oferece maior segurança, pois a influência ambiental, neste caso, é insignificante. Para tanto, são necessárias duas etapas básicas: a) obtenção de variabilidade genética; b) seleção dos genótipos superiores (EMBRAPA/CNPAF, 2003).

Variabilidade genética é a essência dos processos evolutivos e dos programas de melhoramento de plantas. Transformações morfológicas e fisiológicas ocorrem nas espécies, aumentando-lhes a capacidade de competir e adaptar-se as constantes mudanças nas condições ambientais. O papel do melhoramento é organizar essa variabilidade em benefício do homem (Bose *et al.*, 2005).

Atualmente é notório o estreitamento da base genética do arroz cultivado, o que é motivo de grande preocupação para os melhoristas, pois este limita os ganhos genéticos por seleção (Cooper *et al.*, 2014). Os programas de melhoramento têm se concentrado em um número pequeno de genitores. No Brasil, apenas dez ancestrais contribuíram com 68% do conjunto gênico das variedades de arroz cultivadas (Cooper *et al.*, 2014). O progresso genético através da seleção em populações segregantes é diretamente

proporcional à variabilidade genética disponível e a frequência de genótipos superiores existentes nesta população (Barbosa Neto & Bered, 1998).

O aumento da base genética dos cultivares de arroz irrigado no Brasil é desejável para se romper, a médio e longo prazo, o atual platô de produtividade e evitar a vulnerabilidade genética. Entre os pré-requisitos para introdução de novas características no germoplasma elite estão a existência de diversidade genética no banco de germoplasma de arroz e a utilização de germoplasma exótico em cruzamentos múltiplos com materiais elite, não aparentados (Rangel *et al.*, 1996). Segundo Fuentes *et al.* (1999), mesmo quando programas de melhoramento incluem grande amplitude de linhas parentais, ocorrem problemas de esterilidade em cruzamentos entre genótipos indica e japônica, reduzindo o sucesso de aumentar a base genética dos cultivares comerciais.

Nos trabalhos de obtenção de novos cultivares, o processo de hibridização controlada é o que tem dado os melhores resultados na geração de variabilidade. O objetivo da hibridação é reunir alelos favoráveis, presentes em indivíduos diferentes, em um único indivíduo (Fehr, 1987). O arroz é uma planta com flores perfeitas (hermafrodita), sendo autógama quanto ao modo de reprodução (autopoliniza-se) (Zanini Neto, 2002), desta forma a hibridação controlada é realizada em duas etapas: emasculação e polinização. A decisão de realizar hibridações artificiais está diretamente ligada aos objetivos propostos pelo programa de melhoramento. Os principais objetivos dos programas de melhoramento genético do Brasil são o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, de boa qualidade de grãos, resistente ao acamamento e tolerantes às doenças, principalmente brusone, que contribuem

para a redução do impacto ambiental e do custo de produção (Vieira *et al.*, 2007).

Dessa forma, a variabilidade genética gerada pode ser explorada a partir da geração F2, no caso de características de alta herdabilidade. Para características de menor herdabilidade, devem-se conduzir as populações segregantes até gerações mais avançadas, quando se atinge o nível de homozigose almejado. Nesse caso, para que se tenha maior êxito na seleção as linhagens devem ser avaliadas em parcelas com maiores números de plantas e repetições (Cooper *et al.*, 2014).

Um dos métodos utilizados na condução das populações segregantes é o método SSD (descendente de uma semente única). Com a utilização desse método é possível obter uma população de linhagens endogâmicas recombinantes (LER) a partir de uma população F2, por meio de autofecundações sucessivas. Segundo Falconer (1987), a sucessão de autofecundações possibilita a fixação gênica, ou seja, a eliminação de loci em heterozigose. Uma das vantagens da estrutura da população de linhagens é a possibilidade de gerar plantas com genótipos idênticos, pois cada linhagem endogâmica é multiplicada por várias sementes, o que permite o estudo da base genética de muitos caracteres quantitativos, além da realização de experimentos de campo com repetições (Faleiro *et al.*, 2003).

#### **2.4 Qualidade de grãos**

Não somente altas produtividades são desejadas no cultivo do arroz, mas caracteres de qualidade do grão, como desempenho industrial, qualidade culinária entre outros passam a ter grande importância, pois são os que em

última análise vão determinar o preço que a indústria pagará ao produtor (Castro *et al.*, 1999).

A demanda por grãos de qualidade superior tem aumentado e se tornado prioridade para mercados exportadores e regiões produtoras de arroz no mundo todo (Juliano *et al.*, 2006). As características determinantes da qualidade de grãos em arroz influenciam no valor do produto no mercado, na aceitação do produto pelo consumidor e na adoção de novas cultivares (SOSBAI, 2014).

Qualidade de grão em arroz é uma combinação de muitas características que afeta seu valor de mercado e sua utilização como alimento, e é muito difícil definir, pois varia de país para país. Embora algumas das características de qualidade desejadas pelo agricultor, indústria e consumidor podem ser as mesmas, cada um pode colocar diferente ênfase em várias características de qualidade. Por exemplo, a base da qualidade industrial é dependente da renda do beneficiamento e percentagem de grãos inteiros. Consumidores baseiam o seu conceito de qualidade na aparência do grão, tamanho e forma do grão e o comportamento do arroz cozido, como maciez e sabor. Do ponto de vista do melhoramento os fatores que afetam a qualidade de grão em arroz podem ser enfocados sob quatro aspectos: valor nutritivo, qualidade industrial, adequação do produto aos padrões de comercialização e qualidade culinária e sensorial (Vieira & Rabelo, 2006).

O tamanho do grão desempenha não somente um papel importante no peso de grãos, como um dos componentes de rendimento, mas também afeta a qualidade da aparência do grão e assim o valor comercial do arroz. Fisicamente, o tamanho do grão é determinado pelo comprimento, largura e

espessura, e classificados de acordo com a relação C/L (Comprimento/Largura) em grãos longos, longo finos, médios e curtos (Castro *et al.*, 1999). O tamanho de grão tem sido amplamente reconhecido como um complexo de características quantitativas controlado por vários loci com pequenos efeitos. A herdabilidade do caractere tamanho de grão é bastante elevada e o efeito do ambiente é muito limitado (Xing & Zhang 2010). Vários estudos independentes têm identificado QTLs associados com tamanho de grãos e peso de grãos em arroz. Com base nesses relatos, pode-se concluir que a característica do tamanho de grão é controlada principalmente pelos QTLs de grande efeito associados ao comprimento e largura de grão e vários QTLs menores (Bai *et al.*, 2010). A maioria dos consumidores de arroz na China, EUA, Brasil e maioria dos países asiáticos preferem arroz do tipo longo-fino (Unnevehr *et al.*, 1992). Isto pode ser conseguido através da introdução de GS3 (Fan *et al.*, 2005), um QTL de grande efeito que regula o comprimento de grãos de arroz além do qSW5 (Shomura *et al.*, 2008; Weng *et al.*, 2008) e GW2 (Song *et al.*, 2007), ambos controlando a largura de grãos.

A aparência do grão cru é praticamente o atributo de qualidade mais importante para a avaliação do arroz. O preço recebido pelos produtores na comercialização depende, dentre diversos fatores, da qualidade física dos grãos após o beneficiamento, operação na qual são descascados e polidos. Segundo Rangel *et al.*, (1999), dentre os diferentes aspectos da qualidade industrial dos grãos de arroz, o seu desempenho no beneficiamento é um dos mais importantes, tanto a renda do benefício (RB) como o rendimento de grãos inteiros (GI). O rendimento de grãos inteiros é a quantidade desse tipo de grãos recuperados após o beneficiamento e o GI é o total de grãos inteiros e três

quartos do tamanho dos inteiros, produzidos durante o referido processo. Dessa forma, um bom comportamento de uma cultivar no beneficiamento, apresentando altos rendimentos de grãos inteiros, é desejado pelos produtores e cerealistas, uma vez que o índice de quebra durante o processamento dos grãos para consumo afeta o valor comercial do produto. Em geral, as cultivares de arroz apresentam diferenças quanto à renda no beneficiamento e quanto ao seu potencial máximo de grãos inteiros. A qualidade física dos grãos de arroz após o beneficiamento depende dos efeitos do ambiente no período de sua formação, do genótipo, das práticas de manejo empregadas durante o crescimento, desenvolvimento e colheita, bem como dos processos de secagem e beneficiamento (remoção da casca, polimento do grão, separação de defeitos e de grãos quebrados, e padronização).

A aparência do endosperma do grão é uma característica muito importante. É determinada pelo nível de opacidade causado pelo arranjo dos grânulos de amido e proteína. Zonas opacas ou gessadas são áreas onde o arranjo se dá de forma não compacta, formando espaços de ar entre si. Essas áreas podem localizar-se na região dorsal, ventral ou central dos grãos e, são denominados de grãos com centro branco ou gessados (Guimarães, 1989; Galli, 1978). Na indústria, durante as fases de beneficiamento, este tipo de grão pode causar maior percentual de grãos quebrados, e assim afetar o enquadramento em tipos diferenciados de grãos, desvalorizando o produto para a comercialização. O mercado consumidor é bastante exigente quanto à translucidez do endosperma.

Atualmente, não só as variáveis físicas são consideradas no momento da comercialização do arroz. Características de ordem culinária, como teor de

amilose no grão, temperatura de gelatinização, propriedades nutricionais e características sensoriais (odor, sabor, maciez, etc.) são levadas em consideração (Elias, 2003). Estas características são controladas geneticamente e sofrem influência do ambiente. Altas temperaturas após o período de floração contribuem para o aumento do centro branco, diminuição do teor de amilose e aumento da temperatura de gelatinização (Martinez & Cuevas, 1989).

## **2.5 Estimativa de parâmetros genéticos**

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos em populações em estágio avançado de endogamia é essencial no direcionamento de programas de melhoramento, principalmente no que se refere ao processo seletivo das linhagens mais promissoras (Falconer, 1987). O estudo e a identificação de parâmetros genéticos como coeficiente de variação genética, herdabilidade e correlação entre caracteres são de suma importância, pois através destes podemos: conhecer a variabilidade genética e o grau de transmissão do componente genético na expressão dos caracteres, determinar a existência de relação entre caracteres e a possibilidade de ganho direto ou indireto com a seleção (Rocha *et al.*, 2003).

O conhecimento dos componentes da variabilidade fenotípica, resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e do ambiente, é de grande importância para a escolha dos métodos de melhoramento, dos locais para a condução dos experimentos, do número de repetições e para a predição dos ganhos com seleção. Os efeitos ambientais mascaram o mérito genético dos indivíduos; assim, quanto maior a proporção da variabilidade decorrente dos

efeitos de ambiente em relação à variabilidade total, maior esforço deverá ser dispendido na seleção dos genótipos superiores (Allard, 1960). A variabilidade fenotípica pode ser conhecida por meio das estimativas de herdabilidade, dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental, das variâncias genotípicas e fenotípicas, entre outros parâmetros genéticos, que refletem a natureza do material genético e a ação do ambiente, permitindo assim, a predição dos ganhos decorrentes da seleção e a definição das estratégias de melhoramento que devem ser adotadas (Cruz & Regazzi, 2004).

De acordo com Ghosh (2012), trabalhando com uma população de parentais e seus respectivos híbridos de arroz, o coeficiente de variação fenotípico obtido foi maior que o coeficiente de variação genotípico para largura de folha bandeira, altura da planta, área foliar da folha bandeira, panículas por planta, comprimento da panícula e rendimento de grãos por planta. O alto coeficiente de variação genotípico e fenotípico foi registrado para esterilidade de espiguetas por panícula, rendimento de grãos por planta, fertilidade do pólen, espiguetas férteis por panícula, panículas por planta, fertilidade de espiguetas, rendimento de grãos inteiros, espiguetas por panícula e área foliar da folha bandeira. Enquanto que moderados coeficientes de variação genotípicos e fenotípicos foram registrados para peso de 1000 sementes, comprimento da folha bandeira, altura da planta, largura da folha bandeira e comprimento da panícula. Por outro lado, duração do período de emergência a 50% floração foi registrado com menor coeficiente de variação genotípico e fenotípico, respectivamente.

O conceito de herdabilidade, introduzido para separar as diferenças genéticas e não-genéticas entre indivíduos, é de fundamental importância para

a estimativa dos ganhos genéticos e para a escolha dos métodos de seleção a serem aplicados (Reis, 2000). Jacquard (1983) apresentou três princípios para definição de herdabilidade: (1) como medida de semelhança entre pai e filho, (2) porção genética no sentido amplo e (3) porção genética no sentido restrito, e ainda ressaltou que a herdabilidade não caracteriza o caráter, mas sim a estrutura da população estudada.

A herdabilidade reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético. Apenas o valor fenotípico de um indivíduo pode ser mensurado, porém, é o valor genético que influenciará a próxima geração. Sendo assim, é importante o conhecimento de quanto da variação fenotípica é atribuída à variação genotípica e este é medido pela herdabilidade (Falconer & Mackay, 1996). Quando a herdabilidade é alta, a seleção nas gerações iniciais de autofecundação é eficaz. Por outro lado, sendo seu valor baixo, a seleção deve ser praticada apenas nas gerações mais avançadas, uma vez que o aumento da homozigose, consequência da autofecundação, propicia um incremento na herdabilidade no sentido restrito (Falconer & Mackay, 1996; Fehr, 1987).

Segundo Akinwale *et al.*, (2011) a magnitude da herdabilidade em uma população constituída de 20 genótipos de arroz foi classificada como alta (> 70%), moderada (31-70%) e baixa (<30%). O estudo dos autores mostrou que a herdabilidade foi registrada como alta para a fertilidade do pólen (99,83%) e espiguetas por panícula (99,83%), seguido de espiguetas férteis por panícula (99,79%), fertilidade de espiguetas (99,77%), espiguetas estéreis por panícula (99,70%), rendimento de grãos inteiros (99,46%), rendimento de grãos por

planta (99,61%), duração do período de emergência a 50% floração (97,75%), comprimento da folha bandeira (96,27%), produção de perfilhos por planta (95,38%), peso de 1000 sementes (91,93%), comprimento da panícula (83,19%), largura da folha bandeira (76,97%) e área foliar da folha bandeira (74,57%), enquanto que, verificou-se moderada herdabilidade para altura de planta (62,85%). Subbaiah *et al.* (2011) encontraram altos valores de herdabilidade para comprimento do grão (99%), largura do grão (77%), relação comprimento/largura do grão (98%), comprimento do grão após cozimento (99%), largura do grão após cozimento (97%), relação comprimento/largura do grão após cozimento (98%), conteúdo de amilose (82%), temperatura de gelatinização (94%) e moderada para absorção de água (61%) e taxa de expansão do volume no grão (61%) na geração indicando uma menor influência do ambiente sobre a expressão de caracteres de qualidade do grão em arroz.

O estudo da natureza e magnitude das relações existentes entre caracteres é, evidentemente, importante, pois, no melhoramento em geral, preocupamo-nos em aprimorar o material genético não para caracteres isolados, mas para um conjunto destes, simultaneamente. Além disso, é sempre importante saber como o melhoramento de uma característica pode causar alterações em outras (Vencovsky & Barriga, 1992). Correlação é uma medida da intensidade de associação entre duas variáveis, ou uma medida do grau de variação conjunta de duas variáveis, podendo ser positiva ou negativa, quando ocorre aumento nas duas variáveis ou acréscimo de uma e decréscimo de outra, respectivamente (Steel & Torrie, 1980).

Segundo Akinwale *et al.*, (2011), o resultado da análise de correlação revela que a produção de grãos apresenta correlação positiva significativa com o número de panículas por planta ( $r = 0,58$ ), peso de panícula ( $r = 0,60$ ) e do número de grãos por panícula ( $r = 0,52$ ). O número de grãos por panícula demonstra correlação significativa com a duração do período de emergência a 50% floração ( $r = 0,60$ ), dias para a maturação ( $r = 0,58$ ) e peso de panículas ( $r = 0,53$ ). O peso de panícula é correlacionado positivamente com a duração do período de emergência a 50% floração ( $r = 0,38$ ) e negativamente correlacionado com a altura de planta ( $r = 0,50$ ). Os coeficientes de correlação para as relações entre as características físico-químicas e propriedades de cocção de diferentes cultivares de arroz foram mostrados por Yadav *et al.*, (2007), onde a absorção de água foi correlacionada positivamente com a relação comprimento/largura do grão ( $r = 0,837$ ). Relação comprimento/largura do grão após cozimento tem alta correlação significativa e positiva com a relação comprimento/largura do grão ( $r = 0,945$ ) e absorção de água ( $r = 0,952$ ). Conteúdo de amilose tem uma correlação positiva altamente significativa com a absorção de água ( $r = 0,922$ ) e relação comprimento/largura do grão após cozimento ( $r = 0,941$ ).

Podem ocorrer alguns equívocos nas estratégias de seleção das características avaliadas a partir da quantificação da magnitude das correlações entre as variáveis. A alta correlação entre dois caracteres pode ser resultado do efeito de um terceiro sobre eles, ou de um grupo de caracteres (Cruz & Regazzi, 1994). Para entender melhor as associações entre diferentes caracteres, Wright (1921) propôs um método de desdobramento das correlações estimadas em efeitos diretos e indiretos das variáveis sobre uma

variável básica. Este método é denominado análise de trilha, análise de caminho ou análise de caminamento (“Path analysis”). Este método avalia o efeito de uma variável independente (x) sobre uma variável dependente (y), de forma que as outras variáveis ( $X_i$ ) não possuam influência sobre esse efeito. Apesar de a correlação ser uma característica intrínseca a dois caracteres em dada condição experimental, sua decomposição é dependente do conjunto de caracteres estudados, que normalmente são avaliados pelo conhecimento prévio do pesquisador de suas importâncias e de possíveis inter-relações expressas em “diagramas de trilha” (Li, 1975).

Em estudos conduzidos por Babu *et al.* (2012) em arroz, as estimativas de análise de trilha para rendimento de grãos revelaram que o número de panículas por planta teve o efeito positivo máximo na produção de grãos, seguido pelo comprimento da panícula. Por outro lado, o efeito direto negativo sobre o rendimento de grãos foi registrado por número de grãos por panícula, número de grãos cheios por panícula, peso de 1000 grãos, duração do período de emergência a 50% de florescimento e altura da planta, como sugerido por Madhaviatha (2002). Segundo Subudhi *et al.* (2011), estudando análise de trilha para caracteres de qualidade de grão em arroz, o rendimento de grãos inteiros apresentou correlação negativa com comprimento de grão e correlação positiva com temperatura de gelatinização, absorção de água e relação comprimento/largura de grãos após cozimento. Relação comprimento/largura de grãos mostrou correlação positiva com comprimento de grãos após cozimento e associação negativa com relação comprimento/largura de grãos após cozimento. Comprimento de grãos tem efeito direto com conteúdo de amilose e relação comprimento/largura de grãos.

A possibilidade de predição dos ganhos obtidos por uma determinada estratégia de seleção constitui-se em uma das principais contribuições da Genética Quantitativa para o melhoramento. Com base nestas informações é possível orientar de maneira mais efetiva o programa de melhoramento, predizer o sucesso do esquema de seleção adotado e determinar, de forma científica, quais as técnicas que podem ser mais eficazes (Cruz & Regazzi, 2004). De acordo com Vencovsky (1987), os fatores mais importantes que interferem, direta ou indiretamente, no ganho obtido por seleção são: intensidade de seleção, propriedades genéticas da população e condições ambientais. O ganho obtido por seleção está diretamente relacionado com o diferencial de seleção, ou seja, à diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Sendo assim, já que os caracteres quantitativos, como a produção de grãos, apresentam uma distribuição aproximadamente normal, um maior diferencial de seleção é conseguido quando uma menor proporção de unidades superiores (famílias ou indivíduos) é selecionada. Quanto maior a pressão de seleção, maior será o diferencial. No entanto, uma pressão de seleção alta implica em risco de redução drástica na variabilidade genética. Quanto mais heterogênea for uma população, maiores são as chances de ganho com seleção, pois tal ganho se baseia em diferenças genéticas.

Segundo Ghosh (2012) o ganho genético em percentagem foi categorizado como elevado ( $> 20\%$ ), moderado (10-20) e baixo ( $<10\%$ ). Altas estimativas de ganho genético foram relatadas em percentagem pelos caracteres espiguetas estéreis por panícula (159,41), seguido de fertilidade do pólen (122,93), espiguetas férteis por panícula (106,80), panículas por planta

(93,58), fertilidade de espiguetas (92,31), o rendimento de grãos por planta (68,49), rendimento de grãos inteiros (62,12), área foliar da folha bandeira (41,84), peso de 1000 sementes (37,39), altura de planta (23,83), comprimento de panícula (22,27), comprimento da folha bandeira (31,66), largura da folha bandeira (26,50), enquanto que, foi moderada para dia para duração do período de emergência a 50% floração (19,97). Alta herdabilidade com alto ganho genético foi registrado para produção de grão por planta, a fertilidade do pólen (%), espiguetas estéreis por panícula, espiguetas férteis por panícula, fertilidade de espiguetas (%), rendimento de grãos inteiros (%), massa de 1000 grãos, espiguetas por panícula, portanto, a melhoria destas características através da seleção é um meio importante para alcançar o ganho genético geração após geração. Alta herdabilidade juntamente com alto ganho genético indica a preponderância de ação gênica aditiva e esses caracteres podem ser melhorados através de seleção.

## **3 MATERIAIS E MÉTODOS**

### **3.1 Obtenção da população de linhagens endogâmicas recombinantes (RIL)**

A população utilizada neste estudo foi constituída de 147 linhagens recombinantes de arroz (*Oryza sativa L.*), obtidas pelo método descendente de uma única semente ou SSD (Single Seed Descent), oriundo do cruzamento entre Nipponbare/BRS Atalanta. Essa população foi desenvolvida pelo grupo de pesquisa do professor Antônio Costa de Oliveira da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas (UFPel). As sementes F6 foram multiplicadas em Penedo/AL (latitude 10°S) de junho a outubro de 2013, onde foi semeada uma linha constituída de 25 sementes de cada planta F6 (RIL). Por ocasião da maturação, foi colhida toda a linha para obtenção de semente F6:7 para o ensaio de campo.

### **3.2 Ensaio de campo**

As 147 linhagens endogâmicas recombinantes, juntamente com três testemunhas Nipponbare, BRS Atalanta e IRGA 417, foram avaliadas em ensaios de campo conduzidos na Estação Experimental de Arroz (EEA) do Instituto Rio Grandense de Arroz (IRGA), em Cachoeirinha (latitude 29° S), nas

safras 2013/14 em um Gleissolo Háplico Ta distrófico. O clima da região é descrito como subtropical úmido (Cfa).

As parcelas experimentais foram constituídas de duas linhas espaçadas em 0,30 m de 3 m de comprimento. A densidade de semeadura foi realizada para obter-se uma população de 50 plantas/m<sup>2</sup>. A parcela útil constou das duas linhas com 2,5 m de comprimento, totalizando de 1 m<sup>2</sup>. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com três repetições.

A adubação de base foi composta de 300 kg ha<sup>-1</sup> da fórmula 05-20-30 (N-P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>-K<sub>2</sub>O). A adubação nitrogenada de cobertura foi dividida em duas aplicações, sendo a primeira antes do início da irrigação, na dose de 60 kg ha<sup>-1</sup> de N e a segunda na diferenciação do primórdio floral na dose de 60 kg ha<sup>-1</sup>.

O controle de plantas invasoras foi realizado com aplicação dos herbicidas quinclorac (375 g i. a. ha<sup>-1</sup>), propanil (1,26 kg i. a. ha<sup>-1</sup>) e pyrazosulfuron (20g i. a. ha<sup>-1</sup>) no estágio de duas a três folhas. O início da irrigação foi 20 dias após a emergência (D.A.E). As demais práticas de cultivo seguiram as recomendações da pesquisa (SOSBAI, 2014).

### **3.3 Caracteres avaliados**

Foram avaliados 13 caracteres fenotípicos a campo e nos laboratórios de Biologia Molecular e de Fisiologia Vegetal do Departamento de Plantas de Lavoura, da Faculdade de Agronomia da UFRGS, em Porto Alegre – RS, e no laboratório do Melhoramento Genético de Arroz Irrigado (LAMGEN), na Estação Experimental da EPAGRI, em Itajaí – SC, empregando-se a metodologia descrita abaixo:

**Número de panículas/m<sup>2</sup> (N<sup>o</sup>PAN)** – determinado através da colheita de cada parcela, na fase de maturação;

**Peso de 1000 grãos (P1000G)** – determinado com a contagem de 1000 grãos, que foram pesados sendo o valor encontrado considerado como o peso de 1000 grãos;

**Duração do período da emergência a 80% da floração (FLR80; dias)** – leitura direta no campo quando 80% das plantas na parcela estavam no estágio de antese;

**Estatura de planta (ESTAT; cm)** – medição de 10 plantas ao acaso dentro da área útil da parcela, considerando a distância vertical do nível do solo ao ápice da panícula;

**Comprimento, largura e ângulo da folha bandeira (FB; cm)** – medição de 10 plantas ao acaso dentro da área útil da parcela, considerando o comprimento como o tamanho da inserção da folha até o ápice, a largura da área central da folha e o ângulo será dado uma nota de 1 a 5, sendo 1 para folha bandeira a 90° e 5 para folha bandeira a 45°;

**Renda de engenho (RENDENG; %)** - os grãos remanescentes processados em engenho de prova no *trieur* (inteiros) e no cocho (quebrados) foram pesados para o cálculo do renda de engenho expressos em porcentagem. Após pesadas, as frações de grãos quebrados foram

descartadas, sendo utilizado apenas os grãos inteiros para as avaliações seguintes;

**Comprimento, largura e relação C/L do grão (CLGR, mm)** – determinados nas amostras de grãos inteiros após o beneficiamento cerca de 10 grãos de cada amostra foram medidos com auxílio de um paquímetro;

**Índice de centro branco dos grãos (CB)** – determinados nas amostras de grãos inteiros após o beneficiamento, com notas de zero a cinco, sendo zero para grãos translúcidos e cinco para grãos totalmente opacos (gessados), conforme metodologia descrita por Martinez & Cuevas (1989);

### 3.4 Análise estatística

Foram realizadas análises de variância, considerando os efeitos das linhagens e blocos como aleatórios. A análise foi feita para cada uma das características e o modelo estatístico adotado foi o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

Onde:

$Y_{ij}$  = valor da característica da  $i$ -ésima RIL no  $j$ -ésimo bloco;

$\mu$  = média geral;

$G_i$  = efeito da  $i$ -ésima RIL ( $i=1,2,\dots,g$ );

$B_j$  = efeito do  $j$ -ésimo bloco ( $j=1,2,\dots,r$ );

$\varepsilon_{ij}$  = erro aleatório.

**3.4.1 Variância do erro ( $\sigma^2_e$ )** – corresponde ao quadrado médio do erro ( $QM_e$ ) da Tabela 1.

TABELA 1. Esquema da análise de variância individual do modelo blocos ao acaso. UFRGS, 2015.

Fontes de Variação	GL	QM	E(QM)	F
Blocos	r-1	$QM_b$	$\sigma^2_e + g\sigma^2_r$	
Genótipos	g-1	$QM_g$	$\sigma^2_e + r\sigma^2_g$	$QM_g/QM_e$
Erro	$(r-1)(g-1)$	$QM_e$	$\sigma^2_e$	
Total	gr-1			

**3.4.2 Variância fenotípica ( $\sigma^2_p$ )** – calculada com base na fórmula abaixo:

$$\sigma^2_p = \sigma^2_e + \sigma^2_g$$

Sendo:

$\sigma^2_e$  = variância do erro

$\sigma^2_g$  = variância genotípica

**3.4.3 Variância genotípica ( $\sigma^2_g$ )** – calculada com base na esperança do quadrado médio de genótipos ( $QM_g$ ) conforme fórmula abaixo:

$$E(QM_g) = \sigma^2_e + r \cdot \sigma^2_g$$

$$\sigma^2_g = (QM_g - QM_e) / r$$

### 3.4.4 Herdabilidade ( $h^2$ )

A análise da variância individual (Tabela 1) foi usada para a partição da variância total em componentes genéticos e ambientais. A estimativa da herdabilidade no sentido restrito foi calculada pela fórmula abaixo:

$$h^2_r = \sigma^2_g / (\sigma^2_g + \sigma^2_e / r)$$

Onde:

$\sigma^2_g$  = variância genotípica;

$\sigma^2_e$  = variância do erro;

r = número de repetições.

Da mesma maneira, a variância genotípica ( $\sigma^2_g$ ) foi calculada com base nos componentes da variância (quadrado médio esperado), conforme a fórmula  $\sigma^2_g = (QM_g - QM_{ga}) / ar$ , e a variância ambiental ( $\sigma^2_e$ ) foi estimada usando o quadrado médio do erro ( $QM_e$ ).

### 3.4.5 Correlações fenotípicas ( $r_f$ ) genotípicas ( $r_g$ ) e ambientais ( $r_a$ ) entre dois caracteres

Os coeficientes de correlação entre dois caracteres X e Y foram calculados conforme descrito por Cruz et al., (2004), com o auxílio das análises individuais de X e Y e da análise da soma dos valores de X e Y. Os produtos médios (covariâncias) associados a cada fonte de variação foram estimados pelas fórmulas:

$$COV_{(X, Y)} = [ V_{(X+Y)} - V_{(X)} - V_{(Y)} ] / 2$$

Onde:

$COV_{(X, Y)}$  = covariância entre os caracteres X e Y;

$V_{(X+Y)}$  = variância da soma dos caracteres X e Y;

$V_{(X)}$  = variância do caráter X;

$V_{(Y)}$  = variância do caráter Y.

Os produtos médios associados aos tratamentos e aos resíduos foram obtidos por meio das fórmulas:

$$\text{PMT}_{XY} = (\text{QMT}_{X+Y} - \text{QMT}_X - \text{QMT}_Y)/2$$

$$\text{PMR}_{XY} = (\text{QMR}_{X+Y} - \text{QMR}_X - \text{QMR}_Y)/2$$

Onde:

$\text{PMT}_{XY}$  = produto médio associado aos caracteres X e Y;

$\text{PMR}_{XY}$  = produto médio associado ao resíduo entre X e Y.

Com base nos resultados dos produtos médios ou covariâncias acima calculou-se os coeficientes de correlação por meio das seguintes fórmulas:

Correlação fenotípica ( $r_f$ ):

$$r_f = \text{PMT}_{XY} / [\text{QMT}_X \cdot \text{QMT}_Y]^{1/2}$$

Correlação ambiental ( $r_a$ ):

$$r_a = \text{PMR}_{XY} / [\text{QMR}_X \cdot \text{QMR}_Y]^{1/2}$$

Correlação genotípica ( $r_g$ ):

$$r_g = \sigma_{gxy} / [\sigma_{gX}^2 + \sigma_{gY}^2]^{1/2}$$

Sendo:

$$\sigma_{gxy} = [\text{PMT}_{XY} - \text{PMR}_{XY}] / r$$

$$\sigma_{gX}^2 = [\text{QMT}_X - \text{QMR}_X] / r$$

$$\sigma_{gY}^2 = [\text{QMT}_Y - \text{QMR}_Y] / r$$

em que:

$\sigma_{gxy}$  = estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y;

$\sigma^2_{gx}$  e  $\sigma^2_{gy}$  = estimadores das variâncias genóticas dos caracteres X e Y, respectivamente.

### 3.4.6 Análise de trilha

Para uma completa determinação dos efeitos, inclui-se no diagrama de trilha a variável X não correlacionada, como representativa dos efeitos residuais. Após o estabelecimento das equações básicas da análise de trilha, a resolução na forma matricial foi obtida pelo sistema de equações normais,

$$X'X\beta = X'Y$$

Onde:

$X'X$  = matriz não-singular das correlações entre as variáveis explicativas;

$\beta$  = vetor coluna de coeficientes de trilha;

$X'Y$  = vetor coluna das correlações entre as variáveis explicativas e a variável principal.

Assim, tem-se:

$$r_{ix} = P_{ix} + \sum_{i \neq j}^n r_{ij}P_{jx}$$

Onde:

$r_{ix}$  = correlação entre a variável principal e a i-ésima variável explicativa;

$P_{ix}$  = efeito direto da variável explicativa i sobre a variável principal;

$r_{ij}P_{jx}$  = efeito indireto da variável explicativa i, via a variável explicativa j, sobre a variável principal;

A solução de mínimos quadrados desse sistema é dado por:

$$\beta = (X'X)^{-1} X'Y.$$

O coeficiente de determinação  $R^2_{ij}$  do modelo causal que mede o efeito das variáveis explicativas sobre a variável principal é dado por:

$$R^2_{i(1,2,\dots,j)} = P^2_{1i} + P^2_{2i} + \dots + 2P_{1i}r_{1.2}P_{2i}$$

Onde:

$i$  = variável principal;

$j$  = variáveis explicativas;

e os efeitos residuais expressos por:

$$P^2_{xj} = \sqrt{(1 - R^2_{(1,2,\dots,j)})}$$

### 3.4.7 Ganho esperado de seleção (Gs)

O ganho genético esperado foi calculado para seleção direta. A seleção direta foi realizada diretamente no caráter de interesse. O ganho esperado pela seleção direta depende do diferencial de seleção e da herdabilidade do caráter principal (X), conforme a seguinte fórmula:

$$Gsd_X = ds_X \cdot h^2_X$$

Onde:

$Gsd_X$  = ganho esperado pela seleção direta no caráter principal (X);

$ds_X$  = diferencial de seleção no caráter principal (X);

$ds_X = x_{LR(S)} - x_{LR(O)}$  (média das linhagens selecionadas menos a média original das linhagens);

$h^2_X$  = herdabilidade do caráter principal (X).

Todas as análises de variância, ganhos esperados pela seleção e análise de trilha foram realizadas no programa estatístico R Development Core Team (R Foundation for Statistical Computing, 2010).

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os ensaios de campo foram conduzidos na Estação Experimental de Arroz (EEA) do Instituto Rio Grandense de Arroz (IRGA), em Cachoeirinha – RS, na safra 2013/2014. A semeadura foi realizada no dia 27/11/2013, período recomendado para semeadura com cultivares de ciclo médio e precoce no Rio Grande do Sul (SOSBAI, 2014). Segundo SOSBAI (2014), a amplitude de temperatura do solo ótima na fase de germinação e emergência fica entre 20°C e 35°C, com isso, as parcelas obtiveram bom índice de germinação (Figura 1) e população final de plantas (Figura 2).



FIGURA 1. Área do ensaio implantado em Cachoeirinha, RS, 2014.



FIGURA 2. Estande final de plantas, Cachoeirinha, RS, 2014.

No início de fevereiro de 2014, a ocorrência de uma forte onda de calor, com temperaturas registradas acima dos 38°C, induziu uma elevada porcentagem de esterilidade de espiguetas (dados não mostrados) em linhagens mais precoces que estavam em pleno florescimento durante este período, com isso, certamente afetou o rendimento de grãos destes genótipos, pois, de acordo com SOSBAI (2014), a ocorrência de altas temperaturas diurnas (superiores a 35°C) causa esterilidade de espiguetas e, conseqüentemente, reduzir a produtividade no arroz.

A média das 147 linhagens endogâmicas recombinantes para a característica ciclo até a floração (FLOR80) foi de 74 dias (Tabela 2), sendo caracterizado como ciclo precoce. Os progenitores BRS Atalanta (69 dias) e Nipponbare (71 dias) apresentaram ciclo um pouco mais curto e são considerados como cultivares de ciclo super-precoce (SOSBAI, 2014). Embora os progenitores sejam de ciclo super-precoce, a distribuição de frequência (Figura 3a) demonstrou que houve linhagens recombinantes com ciclo precoce e médio, apresentando amplitude de 69 dias à 88 dias. Isto sugere que os

progenitores da população possuem alelos tanto para precocidade quanto para ciclo mais longo e, em consequência, é possível a seleção de novas linhagens com as características desejadas com ampla variação de ciclo.

A estatura de planta (ESTAT) é outra característica importante, pois está associada, principalmente, à resistência ao acamamento, ao grau de resposta à aplicação de nitrogênio e ao alto potencial de rendimento (Rosso, 2006). A média das linhagens recombinantes foi de 91,6 cm (Tabela 2), sendo considerado como planta de porte baixo, porém superior aos progenitores Nipponbare (85 cm) e BRS Atalanta (91 cm). A distribuição de frequência (Figura 3b) demonstrou que houve linhagens recombinantes com estatura inferior aos progenitores, sendo alta a possibilidade de selecionar linhagens de porte baixo nesta população.

TABELA 2. Estatística básica de características fenotípicas de 147 linhagens de arroz (*Oryza sativa* L.). Cachoeirinha, RS.

<b>Característica<sup>1</sup></b>	<b>Média</b>	<b>Mínimo</b>	<b>Máximo</b>	<b>DP<sup>2</sup></b>	<b>CV (%)<sup>3</sup></b>
FLOR80 (dias)	74	69	88	4,55	2,88
ESTAT (cm)	91,6	79	110,7	10,43	10,69
CFB (cm)	26,5	18,6	37,8	6,56	25,01
LFB (mm)	13,9	11	17,3	1,92	13,1
AFB	2	1	4	0,79	41,55
NºPAN	125	75	175	6,18	24,05
P1000G (g)	25,6	18,5	28,2	1,58	8,53
RENDENG (%)	65,6	44,2	71	4,56	8,92
CB	2	1	3	0,44	33
CG (mm)	5,43	4,52	6,69	0,52	13,41
LG (mm)	1,79	1,58	1,98	0,085	7,66
EG (mm)	2,4	1,93	2,77	0,21	12,35
C/L	3,07	2,35	4,01	0,41	18,82

<sup>1</sup> Ciclo até a floração (FLOR80), estatura de planta (ESTAT), comprimento da folha bandeira (CFB), , largura da folha bandeira (LFB), ângulo da folha bandeira (AFB), número de panículas por m<sup>2</sup> (NºPAN), peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), centro branco (CB), comprimento de grão (CG), largura de grão (LG), espessura de grão (EG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L).

<sup>2</sup> Desvio padrão.

<sup>3</sup> Coeficiente de variação.

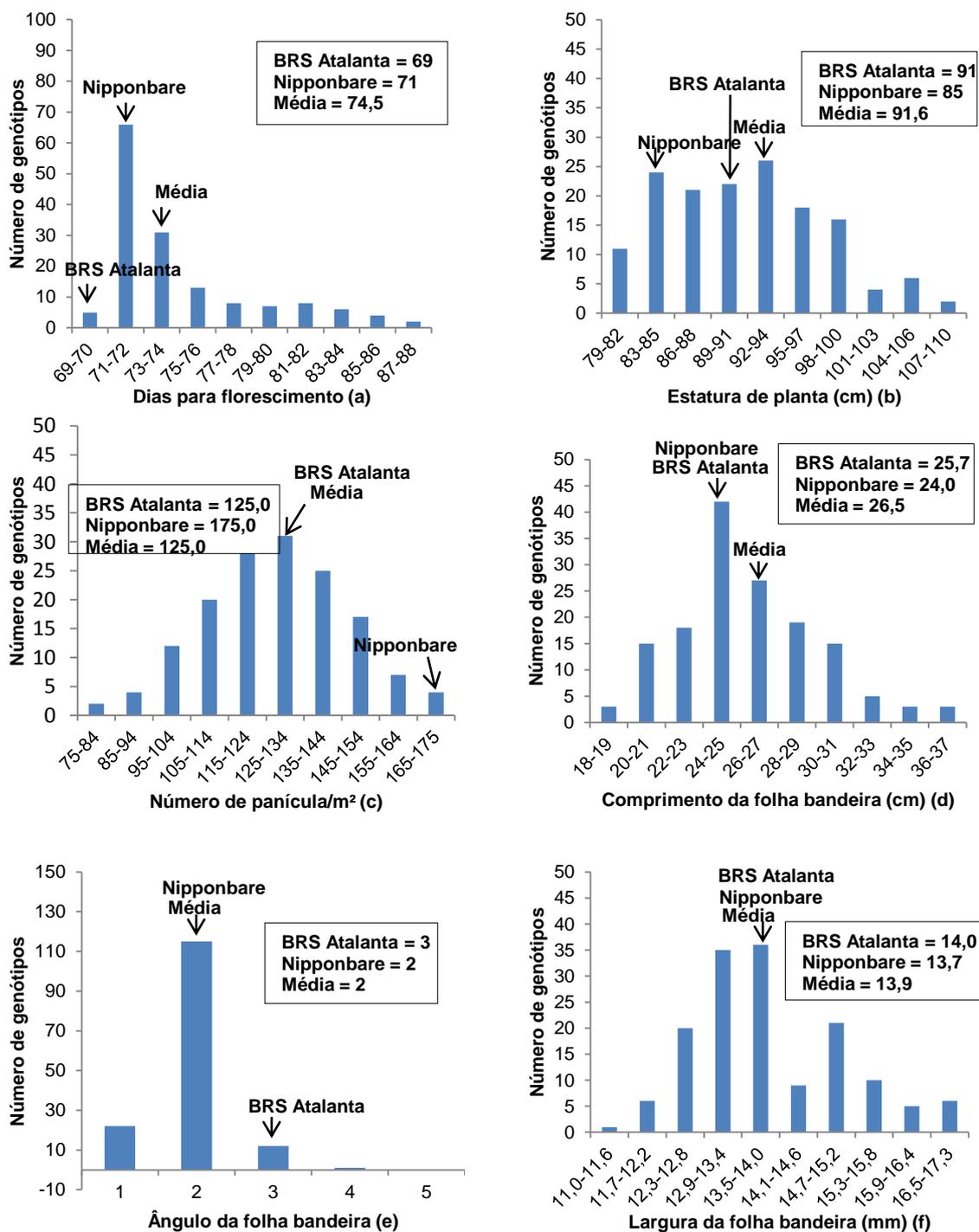


FIGURA 3. Distribuição de frequências para dias para florescimento (a), estatura de planta (cm) (b), número de panículas/m<sup>2</sup> (c), comprimento da folha bandeira (cm) (d), ângulo da folha bandeira (e) e largura da folha bandeira (mm) (f) dos genótipos BRS Atalanta, Nipponbare e população de linhagens recombinantes, em Cachoeirinha-RS, safra 2013/2014.

Poucas linhagens apresentaram o número de panículas por m<sup>2</sup> (N<sup>o</sup>PAN) semelhante ao progenitor Nipponbare (175 panículas/m<sup>2</sup>) que obteve o maior número, ficando a média da população com o progenitor BRS Atalanta (125 panículas/m<sup>2</sup>) (Tabela 2). Como a população é proveniente de um cruzamento entre progenitores muito divergentes (subespécie indica e japônica), provavelmente, o menor número de panículas por m<sup>2</sup> das linhagens em relação ao progenitor Nipponbare (Figura 3c), característica altamente correlacionada com o rendimento de grãos (Babu *et al*, 2012), é devido a recombinação ou rearranjo dos genes. No parental, a combinação dos genes favoráveis para adaptação e, conseqüentemente, maior produtividade, pode estar acumulada e, ao recombinarem-se, os genes ou bloco de genes são quebrados ou perdidos, resultando em linhagens com menor rendimento de grãos (Fehr, 1987).

Em relação ao comprimento da folha bandeira a média foi de 26,5 cm, variando entre 18,6 e 37,8 cm (Tabela 2). A distribuição de frequência mostrou distribuição contínua do caráter (Figura 3d), ficando a média superior aos progenitores. Para largura da folha bandeira a média das linhagens foi semelhante aos progenitores, ficando em 13,9 mm, porém, a distribuição de frequência demonstrou uma distribuição contínua com linhagens com largura da folha bandeira inferior e superior aos progenitores. Com a característica ângulo da folha bandeira a média das linhagens foi semelhante ao progenitor Nipponbare (2) e inferior ao progenitor BRS Atalanta (3), no entanto, demonstrou distribuição de frequência contínua (Figura 3e), com linhagens apresentando valor 1 para ângulo da folha bandeira. Essas três

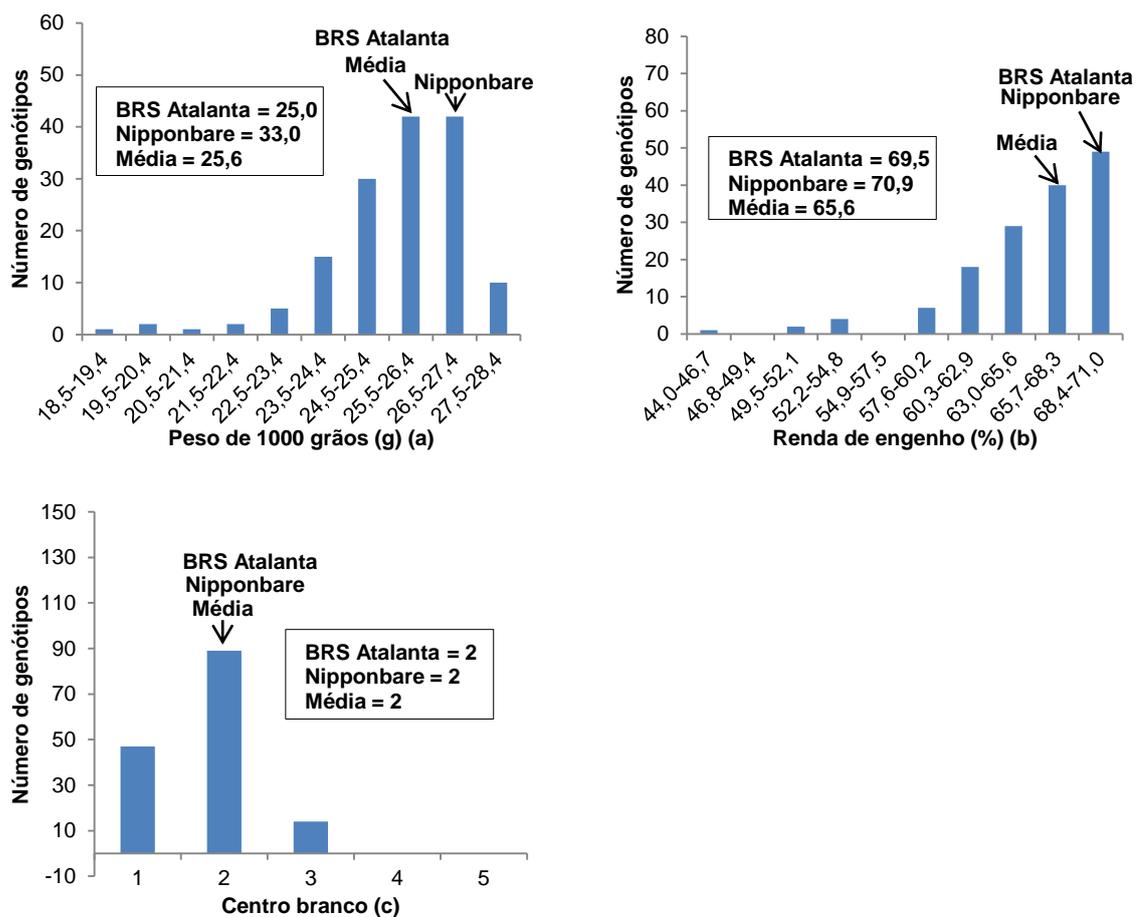


FIGURA 4. Distribuição de frequências para peso de 1000 grãos (g) (a), renda de engenho (%) (b) e centro branco (c) dos genótipos BRS Atalanta, Nipponbare e população de linhagens recombinantes, em Cachoeirinha-RS, safra 2013/2014.

características ligadas à folha bandeira são importantes tanto para uma maior produção de fotoassimilados e adensamento das plantas e, conseqüentemente, maior rendimento de grãos, quanto para proteção dos grãos contra predadores, como pássaros (SOSBAI, 2014).

Quanto ao caráter índice de centro branco (CB), a média das linhagens foi semelhante aos progenitores com índice 2, tendo amplitude de 1 a 3 (Tabela 2). A distribuição de frequência mostrou uma distribuição contínua (Figura 4c), com muitas linhagens apresentando valores baixos para esta característica. Comparando estes resultados com os dados relacionados ao caráter ciclo até a

floração, os progenitores tiveram o ciclo mais precoce que grande parte das linhagens, coincidindo com altas temperaturas após a floração ocorrido no início de fevereiro de 2014. Este fato pode ter sido determinante para que o índice de centro branco dos progenitores fosse maior que grande parte das linhagens, concordando com trabalhos anteriores (Martinez & Cuevas, 1989), em que temperaturas altas após a floração aumentam e temperaturas amenas diminuem ou eliminam o centro branco. Por isso, o critério de seleção tem que ser mais rigoroso, pois se pode correr o risco de uma linhagem selecionada em uma região não ser aceita nas demais regiões por má aparência do grão devido ao centro branco.

Para a característica peso de 1000 grãos (P1000G) a média foi de 25,6 g (Tabela 2), semelhante ao progenitor BRS Atalanta e inferior ao progenitor Nipponbare, com uma variação de 18,5 a 28,2. A distribuição de frequência mostrou uma distribuição contínua (Figura 4a), agrupando as linhagens próxima aos progenitores, porém, obtendo linhagens com peso de 1000 grãos inferior e superior aos progenitores

A renda de engenho é outra característica importante para qualidade de grãos, que vai definir a aceitação da cultivar pela indústria. A média das linhagens para esta característica ficou abaixo dos progenitores com 65,6%, no entanto, obteve porcentagem compatível ao requerido pela indústria (Juliano *et al.*, 2006) para esta característica com uma amplitude entre 44,2% a 71% (Tabela 2). A distribuição de frequência demonstrou que a maioria das linhagens ficou abaixo dos progenitores (Figura 4b), no entanto, houve linhagens que foram superiores aos progenitores, demonstrando assim, que há possibilidade de seleção para renda de engenho em uma população

proveniente de um cruzamento bastante divergente (subespécies indica e japônica).

Para o caráter comprimento de grão (CG) a média das linhagens foi semelhante ao progenitor BRS Atalanta, com 5,43 mm, e superior ao progenitor Nipponbare (4,80 mm), tendo uma amplitude de 4,52 mm a 6,69 mm (Tabela 2). A distribuição de frequência mostrou uma ampla distribuição das linhagens para esta característica (Figura 5a), demonstrando assim a possibilidade de seleção de linhagens desta população tanto para grãos curtos como para grãos longos. Em relação a largura e espessura de grão as linhagens obtiveram um comportamento parecido, ficando a média para largura de grão entre os progenitores (1,79 mm) e a espessura de grão mais semelhante ao progenitor BRS Atalanta (Tabela 2). No entanto, a distribuição de frequência demonstrou uma distribuição contínua para as duas características. A relação comprimento/largura do grão é uma característica física muito importante, ficando a média das linhagens em 3,07 (Tabela 2), com uma amplitude de 2,35 a 4,01. A distribuição de frequência mostrou que há variabilidade para esta característica, com linhagens com relação comprimento/largura do grão tanto inferior quanto superior aos progenitores.

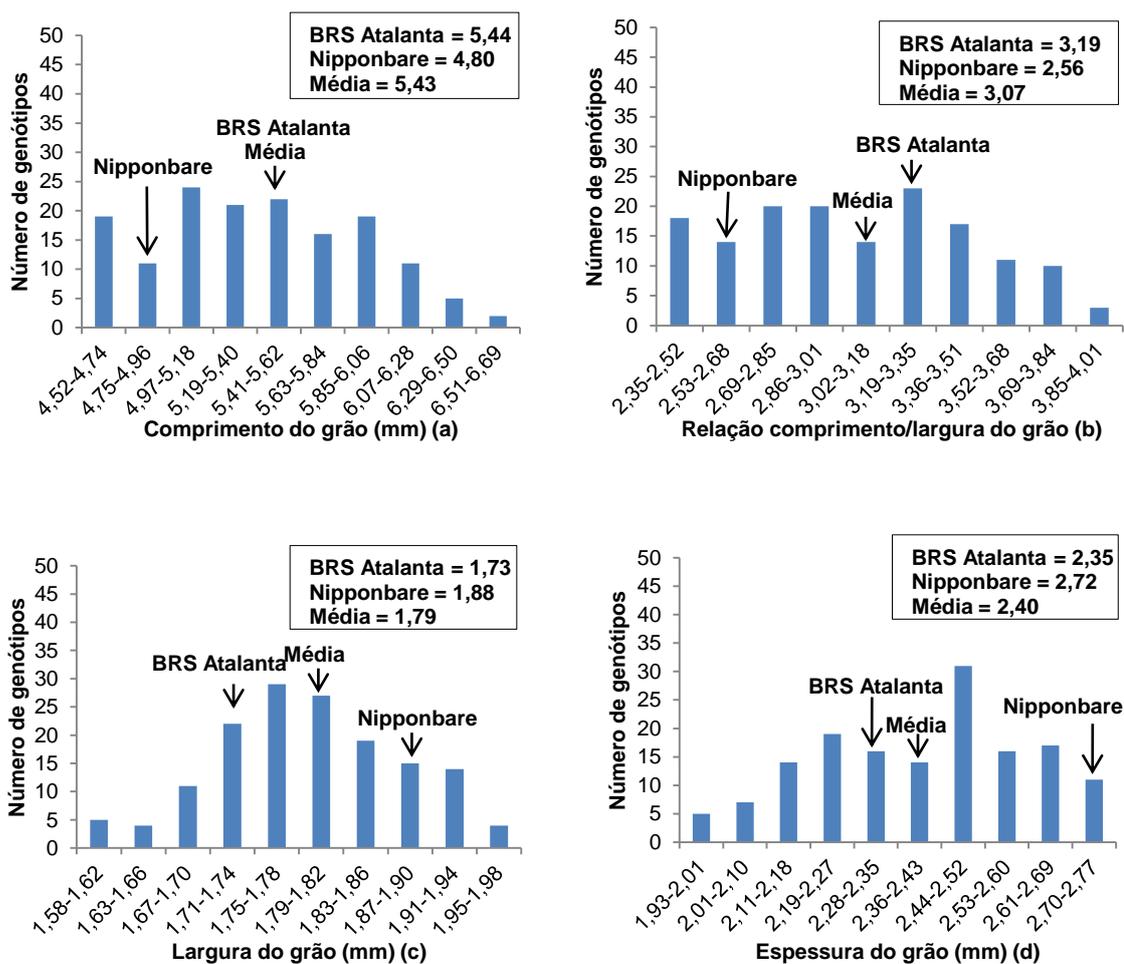


FIGURA 5. Distribuição de frequências para comprimento do grão (mm) (a), largura do grão (mm) (b), espessura do grão (mm) (c) e relação comprimento/largura do grão (d) dos genótipos BRS Atalanta, Nipponbare e população de linhagens recombinantes, em Cachoeirinha-RS, safra 2013/2014.

Os coeficientes de variação (CV) indicaram (Tabela 3), em geral, precisão experimental apresentando valores classificados por Vencovsky & Barriga (1992) como baixos (inferior a 10%) para ciclo até a floração (2,88%), peso de 1000 grãos (8,53%), renda de engenho (8,93%) e largura do grão (7,66%), médios (10% a 20%) para estatura de planta (10,69%), largura da folha bandeira (13,10%), comprimento de grão (13,41%), espessura de grão

(12,35%) e relação comprimento/largura de grão (18,82%) e altos (20% a 30%) para comprimento da folha bandeira (25,01%), ângulo da folha bandeira (AFB) e número de panícula por m<sup>2</sup> (24,05%), sendo estes valores explicados, em parte, pelas naturezas quantitativas dos caracteres.

A análise de variância foi significativa a 1% para os caracteres ciclo até a floração (FLOR80), estatura de planta (ESTAT), peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), comprimento de grão (CG), espessura de grão (EG), relação comprimento/largura dos grãos (C/L) e a 5% para largura da folha bandeira (LFB) sugerindo a existência de variabilidade genética, sendo possível a seleção de material superior. Para os caracteres comprimento da folha bandeira (CFB), número de panículas/m<sup>2</sup> (N<sup>o</sup>PAN) e largura de grão (LG) não houve diferenças significativas (Tabela 3).

TABELA 3. Resumo das análises de variância das características fenotípicas de 147 linhagens de arroz (*Oryza sativa* L.). Cachoeirinha, RS.

Fontes de variação	Quadrados médios e significância pelo teste F <sup>1</sup>												
	GL	FLOR80	ESTAT	CFB	LFB	AFB	NºPAN	P1000G	RENDENG	CG	LG	EG	C/L
Blocos	2	21.70 **	2.05 NS	27.24 NS	0.74 NS	1.07 NS	8.78 NS	6.55 NS	21.64 NS	0.46 NS	0.01 NS	0.04 NS	0.21 NS
Linhagens	146	52.74 **	136.13 **	41.83 NS	4.44 *	0.61 NS	42.55 NS	7.23 **	61.58 **	0.81 **	0.02 NS	0.12 **	0.51 **
Erro	292	4.61	95.86	43.80	3.32	0.63	36.22	4.79	34.31	0.53	0.02	0.09	0.33
CV(%)		2.88	10.69	25.01	13.10	41.5	24.05	8.53	8.93	13.41	7.66	12.35	18.82

<sup>1</sup> Ciclo até a floração (FLOR80), estatura de planta (ESTAT), comprimento da folha bandeira (CFB), largura da folha bandeira (LFB), ângulo da folha bandeira (AFB), número de panículas por m<sup>2</sup> (NºPAN), peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), centro branco (CB), comprimento de grão (CG), largura de grão (LG), espessura de grão (EG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L).

\*\*,\* = significativo a 1% e 5%, respectivamente; NS = não significativo

As estimativas de variância genética aditiva (VA), variância fenotípica (VP) e herdabilidade no sentido restrito podem ser observadas na Tabela 4. A variância fenotípica foi maior do que a variância genotípica aditiva para todos os caracteres avaliados, demonstrando a influência ambiental na expressão dos caracteres (Dutta *et al.*, 2013). Neste trabalho, a herdabilidade foi considerada sendo no sentido restrito devido à população estar em estágio avançado de endogamia. No entanto, não se deve esquecer da presença da interação genótipos e ambiente existente na estimativa da variância genética aditiva e, conseqüentemente, na herdabilidade, quando se utiliza apenas um ano de experimentação (Vencovsky & Barriga, 1992).

Alta variância fenotípica, variância genética aditiva e herdabilidade no sentido restrito (Akinwale *et al.*, 2011) foi observada para ciclo até a floração (FLOR80) (Tabela 4) indicando que a expressão dos genes que controlam essa característica não é influenciada marcadamente pelas condições ambientais. Em outras palavras, a expressão desta característica é, principalmente, devida aos constituintes genéticos mais que os ambientais, sendo portanto a seleção eficiente. Resultados similares foram encontrados por Bihari *et al.* (2004), Chakraborty *et al.* (2010), Ghosh *et al.* (2012), Ketan *et al.* (2014).

Em relação às características peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), centro branco (CB), comprimento do grão (CG) e relação comprimento/largura do grão (C/L), a diferença entre variância fenotípica e variância genética aditiva foram maiores, em relação a característica ciclo até a floração (FLOR80), apresentando herdabilidades no sentido restrito intermediárias (Akinwale *et al.*, 2011), indicando que neste experimento estas características tiveram maior influência das condições

ambientais do que pelos constituintes genéticos. Os valores encontrados por *Sawarkar et al.* (2014) para o caráter peso de 1000 grãos (P1000G) foram semelhantes aos encontrados neste trabalho. Em relação ao índice de centro branco (CB), a herdabilidade obtida foi semelhante à observada por Rosso, (2006). Tratando-se do caráter comprimento do grão e relação comprimento/largura do grão os valores encontrados para herdabilidade foram semelhantes aos observados por Saif-ur-Tasheed *et al.* (2002), Mamun, (2012), Ketan, (2014). Estes resultados são diferentes daqueles obtidos por Chakraborty *et al.* (2010), Subbaiah *et al.*, (2011), Subudhi *et al.* (2011), que obtiveram alta herdabilidade.

Para as características ângulo da folha bandeira (AFB), comprimento da folha bandeira (CFB), número de panículas por m<sup>2</sup> (N<sup>o</sup>PAN), largura do grão (LG), largura da folha bandeira (LFB), estatura de plantas (ESTAT) e espessura do grão (EG) obtiveram as maiores diferenças entre variância fenotípica, variância genética aditiva e menores herdabilidades, respectivamente. As estimativas de herdabilidade obtidas no presente trabalho são diferentes dos resultados encontrados por Chakraborty *et al.* (2010), Ghosh *et al.* (2012) e Ketan *et al.* (2014), que utilizaram mais de um ambiente em seus trabalhos, estimaram alta herdabilidade para todos os caracteres mencionados e, com isso, sugerindo a presença da interação genótipo e ambiente contida na variância do resíduo.

TABELA 4. Variância genética aditiva (VA), variância fenotípica (VP) e herdabilidade no sentido restrito ( $h^2$ ) para características fenotípicas de 147 linhagens de arroz (*Oryza Sativa L.*). Cachoeirinha, RS.

Característica	VA	VF	$h^2$
FLOR80	16,04	20,65	0,91
ESTAT	13,42	109,28	0,3
CFB	-0,66	43,14	0,0
LFB	0,37	3,69	0,25
AFB	-0,0067	0,62	0,0
NºPAN	2,11	38,33	0,15
P1000G	0,81	5,6	0,34
RENDENG	9,09	43,4	0,44
CB	0,08	0,41	0,42
CG	0,09	0,62	0,34
LG	0,0013	0,019	0,18
EG	0,013	0,1	0,3
C/L	0,06	0,39	0,35

<sup>1</sup> Ciclo até a floração (FLOR80), estatura de planta (ESTAT), comprimento da folha bandeira (CFB), , largura da folha bandeira (LFB), ângulo da folha bandeira (AFB), número de panículas por m<sup>2</sup> (NºPAN), peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), centro branco (CB), comprimento de grão (CG), largura de grão (LG), espessura de grão (EG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L).

A magnitude da estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito varia de acordo com a precisão experimental e a população utilizada (Vencovsky & Barriga, 1992). A precisão experimental reflete a variância do resíduo, ou erro experimental, e a média populacional. A variância do resíduo influencia de forma inversa a herdabilidade, ou seja, quanto menor o seu valor, maior é a herdabilidade. A população utilizada refletirá na magnitude da variação genética e influencia de forma direta a herdabilidade. Desse modo a ocorrência de valores diferentes de herdabilidade entre diferentes populações é esperada (Vencovsky & Barriga, 1992; Ramalho *et al.*, 1993).

As estimativas de ganho esperado com seleção e ganho esperado com seleção com porcentagem da média podem ser observadas na Tabela 5. Para ambos considerou-se a intensidade de 5%, para estimativas dos ganhos

esperados com seleção. A utilização de mais de um ano possibilita maior segurança na seleção dos melhores genótipos, pois permite que se isole a fonte de variação interação, obtendo-se estimativas mais reais para variância de linhagens e, conseqüentemente, para o ganho com seleção (Vencovsky & Barriga, 1992).

Segundo Ghosh (2012), o ganho esperado com seleção em percentagem foi categorizado como elevada (> 20%), moderado (10-20) e baixo (<10%). Houve um baixo ganho esperado com seleção para a maioria das características, exceto para centro branco (CB) que teve um ganho esperado com seleção moderado. Não foi estimado ganho genético para os caracteres comprimento e ângulo da folha bandeira (CFB e AFB), uma vez que a herdabilidade estimada foi negativa, sendo considerado como zero. Estimativas negativas de herdabilidade ocorrem em cruzamento que apresentaram variância genética limitada ou inexistente e/ou variância ambiental superestimada para estes caracteres (Vencovsky & Barriga, 1992). Tratando-se da característica ciclo até a floração (FLOR80), Chakraborty *et al.* (2010) e Sawarkar *et al.* (2014) encontraram resultados semelhantes para ganho esperado com seleção com porcentagem da média. Os resultados encontrados por Manun *et al.* (2012) para a característica comprimento do grão (CG) vão ao encontro dos resultados obtidos neste trabalho, assim como, Subbaiah *et al.* (2011) para largura do grão (LG). Porém, estes resultados são discordantes daqueles obtidos por Saif-ur-Tasheed *et al.* (2002), Subudhi *et al.* (2011), Ghosh *et al.* (2012) e Ketan *et al.* (2014), que utilizaram em seus trabalhos mais de um ambiente e, com isso, isolando a interação genótipo e

ambiente obtiveram alta herdabilidade para estas características e, conseqüentemente, elevado ganho esperado com seleção.

TABELA 5. Ganho esperado com seleção (GS) e ganho esperado com seleção com porcentagem da média (GS como % da média) para características fenotípicas de 147 linhagens de arroz (*Oryza Sativa L.*). Cachoeirinha, RS.

<b>Característica</b>	<b>GS</b>	<b>GS como % da média</b>
FLOR80 (dias)	6,83	9,23
ESTAT (cm)	5,16	5,63
CFB (cm)	0,0	0,0
LFB (mm)	0,79	5,68
AFB	0,0	0,0
NºPAN	1,53	6,12
P1000G (g)	0,89	3,48
RENDENG (%)	3,31	5,05
CB	0,3	15
CG (mm)	0,29	5,34
LG (mm)	0,025	1,4
EG (mm)	0,1	4,17
C/L	0,24	7.82

<sup>1</sup> Ciclo até a floração (FLOR80), estatura de planta (ESTAT), comprimento da folha bandeira (CFB), , largura da folha bandeira (LFB), ângulo da folha bandeira (AFB), número de panículas por m<sup>2</sup> (NºPAN), peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), centro branco (CB), comprimento de grão (CG), largura de grão (LG), espessura de grão (EG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L).

Alta herdabilidade com baixo ganho esperado com seleção foi observado para ciclo até a floração, sugerindo que além da ação gênica para a expressão desta característica não se deve esquecer da presença da interação genótipos e ambiente existente na estimativa da variância genética aditiva e, conseqüentemente, na herdabilidade, quando se utiliza apenas um ano de experimentação (Vencovsky & Barriga, 1992) e a seleção desta característica pode não ser eficaz (Ketan *et al.*, 2014). A característica número de panículas por m<sup>2</sup> (NºPAN) obteve baixa herdabilidade com baixo ganho esperado com

seleção, indicando que esta característica sofreu alta influência ambiental e, com isso, a seleção pode se tornar ineficiente.

Os coeficientes de correlações fenotípicas e genéticas da média dos genótipos para as características fenotípicas estão apresentados na Tabela 6. Observa-se que, em geral, os coeficientes de correlações genéticas apresentaram magnitude ligeiramente superior às fenotípicas, com exceção das correlações entre N<sup>o</sup>PAN e ESTAT, RENDENG e ESTAT, LG e CFB, CB e CFB, CG e N<sup>o</sup>PAN, C/L e P1000g. Sendo a correlação genética de mesma magnitude que a correlação fenotípica, tem-se coincidência entre o que é observado fenotipicamente e o que está ocorrendo geneticamente e, com isso, aumenta a eficiência na seleção fenotípica (Chakraborty *et al*, 2010). Diversos autores observaram que, geralmente, as correlações genéticas são superiores às fenotípicas, como Monteverde (1984), citado por Marschalek (1995), Manun *et al.* (2012) e Sawarkar *et al.* (2014). Isso indica que a expressão fenotípica da associação entre os caracteres é alterada ante as interferências do ambiente, atrapalhando o processo seletivo. As causas da correlação genética são pleiotropia e ligação gênica. Ligações gênicas são causas transitórias, especialmente em populações derivadas de cruzamento entre linhagens divergentes (Falconer, 1987). No caso de pleiotropia a correlação genética é mantida constante, no entanto, correlação genética baseada em ligação gênica pode variar, dependendo do cruzamento e da combinação intra-alélica, respectivamente (Jain, 1982).

As características largura e espessura do grão (LG e EG) tiveram alta correlação positiva significativa, tanto fenotípica como genotípica, com renda de engenho (RENDENG), entretanto, centro branco (CB), comprimento de grão

TABELA 6. Coeficientes de correlação fenotípica e genotípica, acima e abaixo da diagonal, respectivamente, das características fenotípicas de 147 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Cachoeirinha, RS.

Característica	FLOR	ESTAT	CFB	LFB	AFB	NºPAN	P1000G	REN	CB	CG	LG	EG	C/L
<b>FLOR</b>		-0,26**	-0,13	-0,08	0,02	0,16*	0,07	0,19*	-0,23**	-0,10	0,11	0,10	-0,10
<b>ESTAT</b>	-0,49**		0,41**	0,24**	0,16*	-0,25**	-0,38**	-0,36**	0,44**	0,52**	-0,52**	-0,55**	0,55**
<b>CFB</b>	-0,86**	0,73**		0,48**	0,005	-0,19*	-0,27**	-0,40**	0,36**	0,44**	-0,44**	-0,50**	0,47**
<b>LFB</b>	-0,26**	0,09	0,87**		0,002	-0,25**	-0,23**	-0,22**	0,27**	0,31**	-0,36**	-0,36**	0,37**
<b>AFB</b>	0,21**	0,84**	3,60**	0,34**		0,050	-0,21**	-0,03	0,08	0,04	-0,09	-0,14	0,05
<b>NºPAN</b>	0,41**	-0,17*	0,48**	-0,48**	-0,30**		0,20*	0,31**	-0,22**	-0,30**	0,19*	0,28**	-0,29**
<b>P1000G</b>	0,16*	-0,56**	-0,91**	-0,11	-0,22**	0,41**		0,44**	-0,39**	-0,37**	0,50**	0,48**	-0,44**
<b>REN</b>	0,30**	-0,34**	-0,77**	-0,07	0,57**	0,39**	0,51**		-0,66**	-0,62**	0,53**	0,60**	-0,61**
<b>CB</b>	-0,37**	0,50**	0,31**	0,28**	0,99**	0,04	-0,42**	-0,87**		0,71**	-0,59**	-0,65**	0,70**
<b>CG</b>	-0,21**	0,67**	0,82**	0,32**	0,14	-0,18*	-0,45**	-0,69**	0,84**		-0,70**	-0,83**	0,96**
<b>LG</b>	0,36**	-0,85**	-0,31**	-0,64**	-0,13	-0,88**	0,46**	0,90**	-0,94**	-1,26**		0,86**	-0,85**
<b>EG</b>	0,20*	-0,72**	-0,85**	-0,44**	-0,22**	-0,14	0,40**	0,72**	-0,73**	-1,15**	0,90**		-0,90**
<b>C/L</b>	-0,21**	0,70**	0,72**	0,42**	0,11	0,05	-0,42**	-0,69**	0,81**	1,12**	-1,15**	-0,94**	

<sup>1</sup> Ciclo até a floração (FLOR80), estatura de planta (ESTAT), comprimento da folha bandeira (CFB), largura da folha bandeira (LFB), ângulo da folha bandeira (AFB), número de panículas por m<sup>2</sup> (NºPAN), peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), centro branco (CB), comprimento de grão (CG), largura de grão (LG), espessura de grão (EG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L).

\*, \*\* Significante a 5% e a 1%, respectivamente; Números entre parêntesis são coeficiente de correlação genotípico.

e relação comprimento/largura do grão (C/L) tiveram alta correlação negativa significativa. Isto significa dizer que, se a seleção for praticada para redução no índice de centro branco (CB), seleciona-se para maior renda de engenho (RENDENG), o que é desejável em um programa de melhoramento. Pela importância da característica renda de engenho (RENDENG) e pela dificuldade de seleção através dessa característica nas primeiras gerações, onde o número de linhagens é maior do que em gerações avançadas, há possibilidade de selecionar características associadas geneticamente que auxiliem no processo de seleção. Saif-ur-Tasheed *et al.* (2002) e Ketan *et al.* (2014) encontraram estimativas de correlação entre estes caracteres, tanto genética quanto fenotípica, de magnitude semelhante.

Em relação às características ciclo até a floração (FLOR80), comprimento de folha bandeira (CFB) e peso de 1000 grãos (P1000G) tiveram correlação genética positiva significativa com número de panículas por m<sup>2</sup> (NºPAN), no entanto, estatura de planta (ESTAT), largura da folha bandeira (LFB) e ângulo da folha bandeira (AFB) tiveram correlação genética negativa significativa. Com isso, a seleção praticada em plantas de ciclo mais longo com menor estatura e com folha bandeira longa, estreita e ereta, direciona para maior número de panículas por m<sup>2</sup> e, assim, obtendo plantas com maior produtividade de grãos devido a alta correlação positiva que esta característica tem com produção de grãos (Akinwale *et al.* 2011). Chakraborty *et al.* (2010), Babu *et al.* (2012), Sawarkar *et al.* (2014) e Ketan *et al.* (2014) observaram estimativas de magnitude semelhante às encontradas neste presente trabalho.

O resultado da análise de trilha de renda de engenho (RENDENG) em razão das variáveis explicativas peso de 1000 grãos (P1000G), índice de

centro branco (CB), comprimento do grão (CG), largura do grão (LG) e relação comprimento/largura do grão está apresentado na Tabela 7. O coeficiente de determinação do modelo de análise de trilha ( $R^2$ ) foi igual a 0,41, caracterizando que 41% da variação da variável dependente, renda de engenho no modelo, está sendo explicada pelas variáveis utilizadas no diagrama causal (Figura 6). Apesar de não existir uma classificação preestabelecida para esse valor, considera-se este valor intermediário, indicando que os caracteres de qualidade de grão avaliados neste experimento foram apropriados.

O caráter comprimento de grão (CG) teve a maior influência direta na renda de engenho (RENDENG) (2,363), no entanto, juntamente com o efeito indireto positivo através da largura do grão (LG) (0,910) não compensou o efeito indireto negativo por via da relação comprimento/largura do grão (C/L) (-3,563), índice de centro branco (CB) (-0,253) e peso de 1000 grãos (P1000G) (-0,058), resultando em estimativa negativa do coeficiente de correlação genotípica (-0,69), sugerindo que para aumentar a renda de engenho através do caráter comprimento do grão não seria eficiente, pois seria necessário diminuir a relação comprimento/largura do grão, aumentar a largura do grão e com isso aumentaria o peso de 1000 grãos, que tem efeito indireto negativo. Saif-ur-Tasheed *et al.* (2002) e Manun *et al.* (2012) encontraram resultados semelhantes para efeito direto e indireto para índice de centro branco (CB).

Em relação ao caráter peso de 1000 grãos (P1000G) o efeito direto na renda de engenho (RENDENG) foi de 0,171, o que compensou o efeito indireto negativo por via do comprimento do grão (CG) (-0,803) e largura do grão (LG) (-0,791), que juntamente com o efeito indireto positivo através do índice de

TABELA 7. Estimativas dos efeitos diretos (diagonal) e indiretos entre a variável renda de engenho (RENDENG) com o peso de 1000 grãos (P1000G), centro branco (CB), comprimento de grão (CG), largura de grão (LG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L). Cachoeirinha, RS.

Característica	Efeitos		Correlação
	Direto	Indireto	
<b>P1000G vs RENDENG</b>			
Efeito direto	0,171		
Efeito indireto CB		0,145	
Efeito indireto CG		-0,803	
Efeito indireto LG		-0,791	
Efeito indireto C/L		1,688	
Total			0,51**
<b>CB vs RENDENG</b>			
Efeito direto	-0,383		
Efeito indireto P1000G		-0,065	
Efeito indireto CG		1,560	
Efeito indireto LG		0,821	
Efeito indireto C/L		-2,513	
Total			-0,87**
<b>CG vs RENDENG</b>			
Efeito direto	2,363		
Efeito indireto P1000G		-0,058	
Efeito indireto CB		-0,253	
Efeito indireto LG		0,910	
Efeito indireto C/L		-3,563	
Total			-0,69**
<b>LG vs RENDENG</b>			
Efeito direto	-1,493		
Efeito indireto P1000G		0,091	
Efeito indireto CB		0,211	
Efeito indireto CG		-1,442	
Efeito indireto C/L		3,113	
Total			0,90
<b>C/L vs RENDENG</b>			
Efeito direto	-3,750		
Efeito indireto P1000G		-0,077	
Efeito indireto CB		-0,256	
Efeito indireto CG		2,245	
Efeito indireto LG		1,239	
Total			-0,69

Efeito residual = 0,591; \* Significante a 5%; \*\* Significante a 1%

centro branco (CB) (0,145) e relação comprimento/largura do grão (C/L) (1,688) resultou em estimativa positiva do coeficiente de correlação genética (0,51).

Para o caráter índice de centro branco (CB) o efeito direto na renda de engenho (RENDENG) foi de (-0,383), que com o efeito indireto negativo do peso de 1000 grão (P1000G) e relação comprimento/largura do grão (C/L), superou os efeitos indiretos positivos do comprimento do grão (CG) (1,560) e largura de grão (0,821), resultando em alta estimativa negativa do coeficiente de correlação genética (-0,87). Com isso, sugere-se que a seleção para diminuir o índice de centro branco com o intuito de aumentar a renda de engenho pode ser eficaz. Sawarkar *et al.* (2014) e Ketan *et al.* (2014) observaram resultados semelhantes para o efeito direto e indireto via relação comprimento/largura do grão.

Em se tratando do caráter largura de grão (LG) o efeito direto na renda de engenho (RENDENG) foi de (-1,493), porém obteve estimativa positiva do coeficiente de correlação genética (0,90) devido ao alto efeito indireto positivo da relação comprimento/largura de grão (C/L) (3,113), índice de centro branco (0,211), peso de 1000 grãos (P1000G) (0,091).

O caráter relação comprimento/largura do grão (C/L) teve o maior efeito direto negativo na renda de engenho (RENDENG) (-3,750), que apesar do efeito indireto positivo de comprimento de grão (CG) (2,245) e largura do grão (LG) (1,239), resultou em estimativa negativa do coeficiente de correlação genética (-0,69).

De uma maneira geral, houve alta variabilidade para caracteres relacionados á qualidade de grão e características agrônômicas, o que seria esperado por ser uma população proveniente de um cruzamento bastante

divergente (subespécies indica e japônica) e, ainda assim, há linhagens com caracteres desejáveis para o desenvolvimento de novas variedades, tanto para qualidade de grãos como para características agrônômicas, estando de acordo com o desejável pelo melhorista. Estes resultados são semelhantes aos obtidos por Lopes (2002) e por Rosso (2006) em estudos realizados em populações indica x japônica.

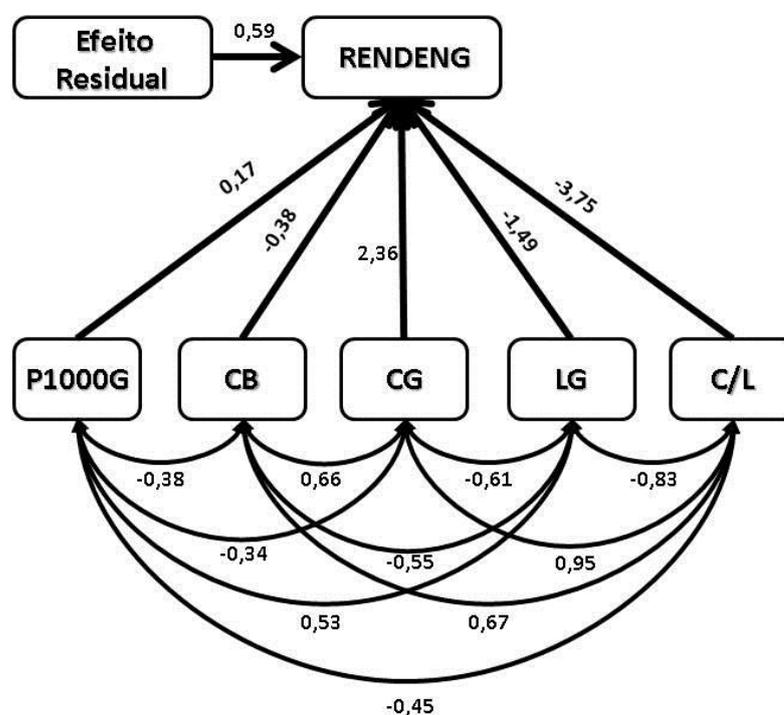


FIGURA 6. Diagrama causal dos efeitos diretos e indiretos entre a variável renda de engenho (RENDENG) com o peso de 1000 grãos (P1000G), centro branco (CB), comprimento de grão (CG), largura de grão (LG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L), referentes ao experimento realizado em Cachoeirinha no estado do Rio Grande do Sul na safra 2013/2014.

Embora a população testada tenha sido obtida sem nenhum tipo de seleção, as linhagens mostraram a propensão de acumular os caracteres do

progenitor da subespécie indica (BRS Atalanta), como estatura de planta, número de panículas por m<sup>2</sup>, peso de 1000 grãos, índice de centro branco, comprimento do grão, relação comprimento/largura do grão, largura do grão e espessura do grão. Estes resultados estão de acordo com os obtidos por Rosso (2006) para estatura de planta, índice de centro branco e relação comprimento/largura do grão. Conduzida de forma diferente, através de seleção, em estudo na população de seleção recorrente CNA 11, Lopes (2002) observou que à medida que aumentava a intensidade de seleção aumentava a frequência de alelos da subespécie indica e reduzia a dos alelos da subespécie japônica.

## 5 CONCLUSÕES

A distribuição de frequência demonstrou que houve linhagens com estatura de planta, ângulo de folha bandeira e índice de centro branco inferior aos progenitores e renda de engenho superior, o que sugere a possibilidade de obter linhagens com caracteres desejáveis para o desenvolvimento de novas variedades, tanto para qualidade de grãos como para características agronômicas, estando de acordo com o desejável pelo melhorista.

A população de linhagens recombinantes apresenta alta variabilidade para todos os caracteres avaliados, o que possibilita seleção de linhagens com características requeridas pelo mercado, a partir de progenitores divergentes (cruzamento indica x japônica).

As estimativas de correlação e a análise de trilha indicam que durante a seleção deve-se dar mais ênfase para o caráter índice de centro branco, devido a este caráter apresentar valores de herdabilidade intermediários, ganho esperado com seleção moderado e alta correlação genética e efeito direto negativo com a característica renda de engenho, facilitando a seleção e a obtenção de progressos nestas características.

## 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGOSTINI, I.; VIEIRA, L.M. **Síntese Anual da Agricultura de Santa Catarina**. Florianópolis: Epagri/Cepa, 2012.

AKINWALE, M. G. et al. Heritability and correlation coefficient analysis for yield and its components in rice (*Oryza sativa L.*). **African Journal of Plant Science**. Pretoria, v. 5, p. 207-212, 2011.

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: John Wiley, 1960. 485p.

BABU, V. R. et al. Correlation and Path Analysis Studies in Popular Rice Hybrids of India. **International Journal of Scientific and Research Publications**, [S.I.], v.2, p. 100-110, 2012.

BAI, X. et al. Genetic dissection of rice grain shape using a recombinant inbred line population derived from two contrasting parents and fine mapping a pleiotropic quantitative trait locus qGL7. **BMC Genet**, [London], v.26, p.11–16, 2010.

BARBOSA NETO, J. F.; BERED, F. Marcadores moleculares e diversidade genética no melhoramento de plantas. In: MARCADORES moleculares em plantas. Porto Alegre: Ed. UFRGS,1998. p. 29-40.

BIHARI, P.K.; RICHHARIA, A.K.; SAHU, R.S. Genetic advance for yield attributes in aromatic rice. **Journal App. Biology**, [S.I.], v.14, p.1-5, 2004.

BOSE, L. K. et al. Genetic variability and association of yield attributing characters with grain yield in deepwater rice. **Korean Journal Crop Science**, Suwon, v.50, p.262-264, 2005.

CASTRO, E.M. et al. Melhoramento do Arroz. In: MELHORAMENTO de espécies cultivadas. Viçosa: UFV, 1999. cap. 3, p. 95-130.

CHAKRABORTY, R.; CHAKRABORTY, S. Genetic variability and correlation of some morphometric traits with grain yield in bold grained rice (*Oryza sativa* L.) gene pool of Barak valley. **American-Eurasian Journal of Sustainable Agriculture**, [Punjab], v. 4, n.1, p.26-29, 2010.

CHANG, T. T. Rice. In: EVOLUTION of crop plants. New York: Longman, 1996. p. 147-155.

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO.  
**Acompanhamento de safra brasileira de grãos, décimo levantamento, julho 2013**. Brasília : Conab, 2013. 45 p.

COOPER, M. et al. Predicting the future of plant breeding: complementing empirical evaluation with genetic prediction. **Crop & Pasture Science**, Melbourne, v.50, p.01-26, 2014.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1994.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004. 480p.

DUTTA, P.; BORUA, P.K. Morphological traits as Selection Indices in Rice: A Statistical view. **Universal Journal Agricultural Research**, [Alhambra], v.1, n.3, p.85-96, 2013.

ELIAS, M.C. Matéria prima e Controle da Qualidade na Industrialização de Arroz. In: SIMPÓSIO SUL-BRASILEIRO DE QUALIDADE DE ARROZ, 2003, PELOTAS, RS. **Anais**. Pelotas, 2003. p.331-352

EMBRAPA/CNPAF. **Informações institucionais, técnicas, notícias, publicações e dados estatísticos**. Brasília, 2003. Disponível em: <<http://www.cnpaf.embrapa.br/arroz/index.htm>> . Acesso em: jul. 2013.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. New York: Longman, 1996. 464p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. 1987. 279 p.

FALEIRO, F.G. et al. Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes e mapeamento de locos de características quantitativas associados a ciclo e produtividade do feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, p. 1387-1397, 2003.

FAN, C.C. et al. The main effects, epistatic effects and environmental interactions of QTLs on the cooking and eating quality of rice in a

doubledhaploid line population. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.110, p.1445–1452, 2005.

FEDERIZZI, L.C. Estrutura de um programa de melhoramento de plantas e possíveis aplicações de marcadores moleculares: Visão do melhorista. In: **MARCADORES moleculares em plantas**. Porto Alegre, 1998. p. 03-17. 141p.

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

FUENTES, J. L.; ESCOBAR, F.; ALVAREZ, A. Analysis of genetic diversity in Cuban rice varieties using isozyme, RAPD and AFLP markers. **Euphytica**, Wageningen, v.109, p.107-115, 1999.

GALLI, J. Sobre as causas do “gesso” em arroz. **Lavoura Arrozeira**, Porto Alegre, v.31, p.22-26, 1978.

GHOSH, C. S. Genetic parameters of agro-morpho-physiological traits in rice (*Oryza sativa* L.). **Electronic Journal of Plant Breeding**, Tamil Nadu, v.3, p.711-714, 2012.

GOFF, S.A. et al. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. japonica). **Science**, Washington, v.296, n.5565, p.92–100, 2002.

GUIMARÃES, E.P. **Qualidade de grãos em arroz**. Santo Antonio de Goiás: EMBRAPA-CNPAP, 1989. 14 p.

JACQUARD, A. Heritability: onde word, tree concepts. **Biometrics**, Malden, v.39, n.2, p.465-477, 1983.

JAIN, J.P. **Statistical techniques in quantitative genetics**. New York: Tata McGraw-Hill Publishing Company, 1982.

JULIANO, B. O.; PEREZ, C. M.; KAORSA-ARD, M. Grain quality characteristics of physicochemical properties of nonwaxy rice: apparent amylose content, pasting viscosity and gel texture. **Starch**, Weinheim, v.58, p.259-267, 2006.

KETAN, R.; SARKAR, G. Studies on variability, heritability, genetic advance and path analysis in some indigenous Aman rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Crop and Weed**, Nadia, v.10, n.2, p.308-315, 2014.

LI, C. C. **Path analyses – a primer**. Washington: Boxwood, 1975. 346p.

LOPES, S. I. G. **Avaliação dos parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA 11 e da divergência genética entre os genitores**. 2002. 101 f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2002.

- MACKILL, D. J. Classifying japônica Rice cultivars with RAPD markers. **Crop Science**, Madison, v.35, p.889-894, 1995.
- MADHAVILATHA, L. **Studies on genetic divergence and isozyme analysis on rice (*Oryza sativa* L).** M.Sc. (Ag.) Thesis - Acharya N.G. Ranga Agricultural University, Hyderabad, 2002.
- MAMUN, A.A. et al. Genetic diversity. Character association and path coefficient analysis of exotic rice genotypes (*Oryza sativa* L.). **Journal Plant Breeding Genetic**, [S.l.], v.25, n.1, p.25-29, 2012.
- MARSCHALEK, R. **Correlações genéticas e fenotípicas entre produção de grãos, teor de proteína e teor de óleo em soja, em vários ambientes.** Piracicaba, 1995. 103p. Dissertação (M.S.) – Escola superior de agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- MARTINEZ, C.; CUEVAS, F. **Evaluación de La calidad culinária y molinera Del arroz.** Cali: CIAT, 1989.
- MORISHIMA, H. Evolution and domestication of Rice. In: INTERNATIONAL RICE GENETICS SYMPOSIUM, 4., 2001, Los Baños. **Proceedings...** Los Baños: International Rice Research Institute, 2001. p.63-77.
- OKA, H.; MORISHIMA, H. Wild and cultivated rice. In: SCIENCE of the Rice Plant: Genetics. Tokyo: Food and Agriculture Policy Research Center, 1997. v.3, p.88-111,
- PEDROSO, B.A. **Arroz irrigado: obtenção e manejo de cultivares.** Porto Alegre: Sagra, 1982.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro.** Goiânia: Editora da UFV, 1993. 271p.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing.** Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2010. Disponível em: <http://www.R-project.org>. Acesso em: 20 mai. 2015.
- RANGEL, P.H.N.; GUIMARÃES, E.P.; NEVES, P.C.F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.31, n.5, p.349-347, 1996.
- RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P.; BASTOS, A.R. **Determinação do ponto ideal para colheita das cultivares de arroz irrigado Formoso e Metica 1.** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 1999. 2p. (Pesquisa em Foco, n. 29)
- REIS, E. F. **Ganhos preditos e realizados, por diferentes estratégias de seleção, em populações de soja (*Glycine Max* (L.) Merrill).** 2000. 120p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

ROCHA, M. M. et al. Estimativas de parametros geneticos em genotipos de feijocaupi de tegumento branco. **Revista Científica Rural**, Santa Maria, v.8, n.1, p.135-141, 2003.

ROSSO, A. F. **Caracterização genética e fenotípica para tolerância ao frio e características agrônômicas em arroz irrigado**. 2006. 98 f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2006.

SAWARKAR, A.; SENAPATI, B.K. Polygenic variations and cause effect relationship in some photo-insensitive recombinant inbred lines (RIL's) of Basmati derivative. **African journal of Biotechnology**, Nairobi, v.13, n.1, p.112-118, 2014.

SHOMURA, A. et al. Deletion in a gene associated with grain size increased yields during rice domestication. **Nature Genetics**, New York, v.40, n.8, p.1023–1028, 2008.

SAIF-UR-RASHEED, M.; SADAQAT, H. A.; BABAR, M. Correlation and path co-efficient analysis for yield and its components in rice (*Oryza sativa* L.). **Asian Journal of Plant Sciences**, Faisalabad, v.1, n.3, p.241-244, 2002.

SOCIEDADE SUL-BRASILEIRA DE ARROZ IRRIGADO – SOSBAI. **Recomendações técnicas da pesquisa para o sul do Brasil**. Bento Gonçalves: SOSBAI, 2014. 189p.

SONG, X.J. et al. A QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase. **Nature Genetics**, New York, v.39, n.5, p.623–630, 2007.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. 2.ed. New York: McGraw-Hill Book Company, 1980. 633p.

SUBBAIAH, O. V. et al. Variability and genetic parameters for grain yield and its components and kernel quality attributes in CMS based rice hybrids (*oryza sativa* L.). **International Journal of Applied Biology and Pharmaceutical Technology**, [India], v.2, p.603-609, 2011.

SUBUDHI, H. N. et al. Variability, correlation and path analysis for quality characters in rice. **Oryza**, Cuttak, v.48, p. 319-323, 2011.

UNNEVEHR, L.J.; DUFF, B.; JULIANO, B.O.; **Consumer demand for rice grain quality**. Manila/Ottawa: International Rice Research Institute/International Development Research Center, 1992.

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

- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- VIEIRA, N. R. A.; RABELO, R. R. Qualidade tecnológica. In: A CULTURA do arroz no Brasil. 2. ed. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006. cap.23, p.969-1005.
- VIEIRA, J. et al. A hibridação no melhoramento genético de arroz irrigado em Santa Catarina. **Agropecuária Catarinense**, Florianópolis, v.20, n.2, p.43-46, jul.2007.
- WENG, J. et al. Isolation and initial characterization of GW5, a major QTL associated with rice grain width and weight. **Cell Research**, Beijing, v.18, n.12, p.1199–1209, 2008.
- WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of agricultural Research**, Washington, v.20, p.557-585, 1921.
- WU, C. et al. Development of enhancer trap lines for functional analysis of the rice genome. **Plant Journal**, [Oxford], v.35(3), p.418–427, 2003.
- XING, Y.; ZHANG, Q. Genetic and molecular bases of rice yield. **Annual Review Plant Biology**, Palo Alto, v.61, p.421–442, 2010.
- YADAV, R.B.; KHATKAR, B.S.; YADAV, B.S. Morphological, physicochemical and cooking properties of some Indian rice (*Oryza sativa* L.) cultivars. **Journal of Agricultural Technology**, [S.I.], v.3, p.203-210, 2007.
- YAN, W.H. et al. A major QTL, Ghd8, plays pleiotropic roles in regulating grain productivity, plant height, and heading date in rice. **Molecular Plant**, [Cambridge], v.4, n.2, p.319–330, 2011.
- YU, J. et al. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. indica). **Science**, Washington, v.296, n.5565, p. n79–92.
- ZANINI NETO, J.A. Morfologia e fisiologia da planta de arroz. In: ARROZ irrigado – Sistema pré-germinado. Florianópolis: Epagri 2002. p.11-52.

## **7 APÊNDICES**

APÊNDICE 1. Características fenotípicas de 150 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Ciclo até a floração (FLOR80), estatura de planta (ESTAT), comprimento da folha bandeira (CFB), largura da folha bandeira (LFB), ângulo da folha bandeira (AFB), número de panículas por m<sup>2</sup> (NºPAN). Cachoeirinha, RS.

Genótipo	FLOR80 (dias)	ESTAT (cm)	CFB (cm)	LFB (cm)	AFB	NºPAN
607	72 e	97,3 a	21,8 a	13,0 b	2 a	24 a
611	73 e	80,7 b	21,2 a	12,3 b	2 a	25 a
613	76 d	93,7 a	24,7 a	15,0 a	2 a	28 a
615	71 e	88,0 b	23,5 a	13,0 b	2 a	29 a
619	81 c	88,7 b	26,8 a	14,0 b	1 a	32 a
620	82 c	85,7 b	24,3 a	14,0 b	2 a	25 a
621	73 e	85,0 b	26,8 a	13,3 b	2 a	27 a
623	80 c	92,3 a	25,2 a	14,0 b	2 a	29 a
624	72 e	80,7 b	24,7 a	13,3 b	1 a	31 a
630	72 e	85,0 b	21,5 a	13,3 b	2 a	29 a
631	77 d	84,0 b	20,8 a	13,0 b	2 a	28 a
632	86 a	87,0 b	27,3 a	16,7 a	2 a	22 a
635	72 e	94,3 a	33,2 a	14,7 a	2 a	19 a
636	72 e	88,0 b	25,2 a	13,7 b	2 a	20 a
639	71 e	89,3 b	29,2 a	14,0 b	2 a	27 a
641	72 e	84,3 b	25,7 a	12,7 b	2 a	28 a
642	74 d	103,0 a	32,7 a	16,0 a	3 a	35 a
643	73 e	93,7 a	28,7 a	14,7 a	4 a	22 a
644	72 e	84,3 b	27,8 a	13,7 b	2 a	31 a
646	72 e	98,3 a	31,8 a	13,7 b	2 a	29 a
648	73 e	106,0 a	37,8 a	13,7 b	2 a	27 a
649	78 c	84,3 b	20,0 a	13,0 b	2 a	30 a
651	72 e	93,7 a	23,7 a	13,0 b	2 a	29 a
652	74 d	82,0 b	19,2 a	12,3 b	3 a	27 a
655	72 e	83,3 b	26,7 a	15,7 a	2 a	24 a
659	83 b	83,5 b	24,8 a	12,7 b	2 a	28 a
660	84 b	89,7 b	24,7 a	13,0 b	2 a	22 a
661	76 d	92,3 a	26,5 a	17,3 a	2 a	21 a
662	73 e	91,0 b	22,8 a	14,7 a	2 a	24 a
665	70 e	95,7 a	29,0 a	15,3 a	1 a	20 a
666	75 d	91,7 b	25,7 a	12,7 b	2 a	18 a
667	73 e	87,7 b	18,6 a	12,0 b	3 a	18 a
668	73 e	89,7 b	25,5 a	14,0 b	1 a	23 a
671	81 c	80,0 b	25,5 a	12,0 b	2 a	25 a
672	74 d	87,7 b	23,8 a	13,3 b	3 a	24 a

continuação APÊNDICE 1. Características fenotípicas de 150 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Ciclo até a floração (FLOR80), estatura de planta (ESTAT), comprimento da folha bandeira (CFB), largura da folha bandeira (LFB), ângulo da folha bandeira (AFB), número de panículas por m<sup>2</sup> (NºPAN). Cachoeirinha, RS.

Genótipo	FLOR80 (dias)	ESTAT (cm)	CFB (cm)	LFB (cm)	AFB	NºPAN
673	88 a	86,3 b	25,0 a	12,3 b	1 a	23 a
675	72 e	84,7 b	30,5 a	14,0 b	2 a	28 a
677	72 e	92,7 a	29,3 a	14,0 b	2 a	29 a
678	73 e	99,0 a	29,0 a	14,3 a	2 a	25 a
679	71 e	98,0 a	23,8 a	13,0 b	2 a	24 a
680	72 e	100,7 a	26,8 a	14,0 b	3 a	25 a
681	74 d	97,7 a	28,7 a	14,3 a	2 a	31 a
683	72 e	85,3 b	29,0 a	11,7 b	2 a	27 a
684	70 e	97,3 a	27,2 a	15,0 a	1 a	22 a
685	73 e	105,3 a	27,3 a	12,3 b	2 a	31 a
686	72 e	91,0 b	29,7 a	15,0 a	2 a	27 a
687	72 e	88,3 b	23,0 a	13,7 b	2 a	26 a
688	72 e	88,3 b	31,0 a	16,0 a	2 a	25 a
689	72 e	85,7 b	29,5 a	16,0 a	2 a	27 a
692	75 d	87,7 b	22,8 a	14,0 b	2 a	27 a
693	78 c	83,0 b	24,8 a	14,0 b	1 a	22 a
694	73 e	89,3 b	23,8 a	15,0 a	2 a	24 a
695	72 e	81,7 b	20,2 a	12,3 b	2 a	24 a
696	76 d	92,7 a	33,7 a	16,7 a	2 a	25 a
697	79 c	79,0 b	25,7 a	11,7 b	2 a	29 a
698	81 c	97,3 a	27,5 a	13,3 b	2 a	25 a
699	72 e	83,3 b	23,8 a	13,3 b	3 a	22 a
700	77 d	88,0 b	23,3 a	13,3 b	2 a	27 a
701	69 e	98,3 a	35,3 a	15,0 a	1 a	21 a
702	73 e	80,2 b	30,8 a	16,7 a	1 a	25 a
703	72 e	85,0 b	27,8 a	14,0 b	1 a	25 a
704	73 e	95,8 a	24,2 a	15,7 a	3 a	22 a
705	76 d	94,3 a	23,7 a	15,0 a	2 a	26 a
706	72 e	94,0 a	28,3 a	13,7 b	2 a	24 a
707	81 c	95,7 a	24,5 a	14,0 b	2 a	27 a
708	77 d	86,0 b	25,7 a	14,0 b	2 a	27 a
710	71 e	87,7 b	26,3 a	15,0 a	2 a	19 a
711	72 e	89,7 b	29,2 a	12,7 b	1 a	29 a
712	79 c	90,7 b	22,2 a	13,7 b	2 a	29 a
713	85 b	92,0 a	24,8 a	14,7 a	2 a	25 a

continuação APÊNDICE 1. Características fenotípicas de 150 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Ciclo até a floração (FLOR80), estatura de planta (ESTAT), comprimento da folha bandeira (CFB), largura da folha bandeira (LFB), ângulo da folha bandeira (AFB), número de panículas por m<sup>2</sup> (N°PAN). Cachoeirinha, RS.

Genótipo	FLOR80 (dias)	ESTAT (cm)	CFB (cm)	LFB (cm)	AFB	N°PAN
714	72 e	99,3 a	25,3 a	12,7 b	2 a	32 a
715	76 d	98,7 a	36,0 a	17,0 a	2 a	28 a
716	71 e	92,3 a	24,2 a	13,7 b	2 a	21 a
717	73 e	93,0 a	21,8 a	13,3 b	2 a	24 a
718	72 e	85,0 b	26,5 a	14,7 a	1 a	19 a
720	72 e	97,3 a	30,7 a	15,3 a	2 a	20 a
721	73 e	89,0 b	21,5 a	13,7 b	1 a	26 a
722	72 e	89,0 b	25,2 a	15,0 a	2 a	24 a
723	71 e	106,0 a	36,7 a	14,3 a	2 a	15 a
726	80 c	87,0 b	28,7 a	13,3 b	2 a	25 a
727	73 e	92,3 a	28,5 a	12,7 b	2 a	26 a
728	79 c	89,0 b	25,2 a	14,3 a	2 a	30 a
730	71 e	102,0 a	34,5 a	13,7 b	2 a	17 a
731	75 d	93,7 a	26,3 a	12,0 b	2 a	29 a
732	71 e	89,7 b	27,7 a	16,7 a	2 a	22 a
734	71 e	90,7 b	32,7 a	14,7 a	1 a	24 a
735	78 c	89,0 b	33,5 a	15,0 a	2 a	25 a
736	85 b	92,3 a	31,2 a	16,3 a	2 a	27 a
737	82 c	97,3 a	34,2 a	16,0 a	2 a	20 a
738	71 e	98,0 a	24,8 a	15,0 a	2 a	23 a
739	82 c	89,7 b	28,5 a	14,0 b	2 a	22 a
740	71 e	93,3 a	24,3 a	12,0 b	2 a	24 a
741	75 d	94,3 a	31,5 a	14,7 a	2 a	24 a
742	75 d	79,7 b	27,3 a	13,3 b	2 a	25 a
743	72 e	92,7 a	30,0 a	13,3 b	1 a	21 a
744	75 d	94,7 a	26,5 a	14,3 a	2 a	25 a
745	83 b	92,3 a	27,5 a	13,7 b	2 a	26 a
746	73 e	95,3 a	25,8 a	13,0 b	2 a	27 a
747	84 b	100,0 a	31,7 a	15,0 a	2 a	24 a
748	70 e	96,3 a	31,3 a	14,3 a	2 a	22 a
750	72 e	89,3 b	25,2 a	15,0 a	3 a	18 a
751	72 e	108,7 a	30,7 a	15,7 a	2 a	16 a
752	73 e	104,7 a	31,5 a	13,3 b	2 a	20 a
753	73 e	96,0 a	28,8 a	15,7 a	2 a	20 a
754	74 d	101,7 a	27,7 a	12,7 b	2 a	25 a

continuação APÊNDICE 1. Características fenotípicas de 150 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Ciclo até a floração (FLOR80), estatura de planta (ESTAT), comprimento da folha bandeira (CFB), largura da folha bandeira (LFB), ângulo da folha bandeira (AFB), número de panículas por m<sup>2</sup> (N°PAN). Cachoeirinha, RS.

Genótipo	FLOR80 (dias)	ESTAT (cm)	CFB (cm)	LFB (cm)	AFB	N°PAN
755	72 e	100,3 a	26,5 a	15,0 a	2 a	25 a
757	73 e	103,3 a	29,8 a	14,3 a	3 a	27 a
760	72 e	110,7 a	21,7 a	13,0 b	2 a	23 a
761	74 d	84,3 b	25,8 a	13,3 b	2 a	29 a
763	80 c	83,0 b	29,2 a	13,3 b	2 a	21 a
764	84 b	94,3 a	21,2 a	11,0 b	2 a	25 a
766	72 e	99,7 a	31,5 a	14,3 a	2 a	24 a
768	72 e	100,0 a	26,7 a	14,0 b	2 a	24 a
769	72 e	95,7 a	25,5 a	12,3 b	1 a	19 a
770	75 d	85,0 b	21,7 a	13,0 b	2 a	25 a
772	87 a	83,0 b	19,5 a	13,3 b	1 a	23 a
774	71 e	86,3 b	26,5 a	13,7 b	2 a	25 a
778	72 e	93,3 a	25,3 a	13,0 b	2 a	25 a
779	72 e	96,3 a	27,0 a	12,7 b	1 a	21 a
780	72 e	94,0 a	26,3 a	15,0 a	1 a	23 a
782	72 e	99,3 a	30,7 a	16,0 a	2 a	22 a
783	71 e	91,0 b	21,8 a	13,7 b	2 a	23 a
784	71 e	98,7 a	26,5 a	15,7 a	2 a	22 a
786	80 c	82,3 b	26,2 a	13,3 b	2 a	26 a
787	77 c	92,7 a	23,7 a	13,3 b	3 a	34 a
788	71 e	106,0 a	27,5 a	13,3 b	2 a	24 a
789	71 e	91,7 b	28,0 a	15,3 a	2 a	27 a
790	72 e	96,7 a	22,3 a	13,3 b	2 a	26 a
791	71 e	98,7 a	23,3 a	12,3 b	2 a	28 a
792	73 e	97,3 a	25,0 a	14,0 b	2 a	29 a
793	72 e	83,7 b	25,2 a	13,7 b	2 a	30 a
794	72 e	104,7 a	24,0 a	15,7 a	2 a	21 a
795	72 e	95,7 a	24,8 a	13,0 b	2 a	24 a
796	72 e	95,7 a	25,2 a	13,0 b	2 a	22 a
797	72 e	86,0 b	31,3 a	13,0 b	2 a	27 a
798	72 e	98,7 a	29,8 a	15,3 a	2 a	23 a
800	77 d	88,7 b	23,8 a	12,7 b	2 a	28 a
802	73 e	88,0 b	25,0 a	13,7 b	2 a	20 a
803	73 e	92,7 a	25,8 a	13,0 b	2 a	20 a
807	72 e	84,7 b	24,0 a	12,7 b	3 a	35 a

continuação APÊNDICE 1. Características fenotípicas de 150 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Ciclo até a floração (FLOR80), estatura de planta (ESTAT), comprimento da folha bandeira (CFB), largura da folha bandeira (LFB), ângulo da folha bandeira (AFB), número de panículas por m<sup>2</sup> (NºPAN). Cachoeirinha, RS.

<b>Genótipo</b>	<b>FLOR80 (dias)</b>	<b>ESTAT (cm)</b>	<b>CFB (cm)</b>	<b>LFB (cm)</b>	<b>AFB</b>	<b>NºPAN</b>
821	73 e	90,0 b	22,3 a	14,3 a	1 a	24 a
830	76 d	84,7 b	21,0 a	13,7 b	1 a	27 a
833	74 d	80,0 b	22,8 a	12,5 b	1 a	25 a
834	85 b	86,3 b	24,8 a	13,3 b	2 a	29 a
836	81 c	86,3 b	21,8 a	12,3 b	2 a	30 a
837	84 b	81,3 b	21,3 a	12,7 b	2 a	31 a
899	72 e	88,7 b	24,3 a	14,0 b	2 a	24 a
BRSAtalanta	69 e	91,0 b	25,7 a	14,0 b	3 a	25 a
Irga417	73 e	89,3 b	24,3 a	13,7 b	2 a	26 a
Nipponbare	71 e	85,0 b	24,0 a	13,7 b	2 a	33 a
<b>Média</b>	74	91,6	26,5	13,9	2	25
<b>CV(%)</b>	2.88	10.69	25.01	13.10	41.55	24.05

Médias seguidas de mesma letra minúscula na coluna não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott,  $p < 0,05$ .

APÊNDICE 2. Características fenotípicas de 150 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), comprimento de grão (CG), centro branco (CB), largura de grão (LG), espessura de grão (EG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L), tipo de grão (TG). Cachoeirinha, RS.

Genótipo	P1000G (g)	RENDENG (%)	CB	CG (mm)	LG (mm)	EG (mm)	C/L	TG <sup>1</sup>
607	27,6 a	68,6 a	2 b	5,10 b	1,78 a	2,37 b	2,89 b	M
611	27,8 a	69,4 a	1 b	4,64 b	1,91 a	2,63 a	2,43 b	C
613	26,9 a	66,3 a	2 a	5,95 a	1,79 a	2,30 b	3,34 a	M
615	27,1 a	66,6 a	1 b	5,26 b	1,80 a	2,49 a	2,97 b	M
619	27,2 a	68,2 a	2 b	5,46 a	1,85 a	2,58 a	3,00 b	M
620	27,4 a	68,9 a	1 b	4,60 b	1,96 a	2,76 a	2,35 b	C
621	25,2 a	65,2 a	1 b	4,53 b	1,78 a	2,50 a	2,55 b	C
623	27,1 a	68,8 a	2 b	5,30 b	1,87 a	2,52 a	2,86 b	M
624	27,4 a	70,8 a	1 b	4,80 b	1,98 a	2,77 a	2,43 b	C
630	24,0 b	70,9 a	1 b	4,66 b	1,86 a	2,69 a	2,50 b	C
631	27,3 a	70,4 a	1 b	4,66 b	1,93 a	2,65 a	2,41 b	C
632	26,4 a	67,7 a	2 a	5,59 a	1,78 a	2,40 a	3,19 a	M
635	25,3 a	64,8 a	2 a	5,54 a	1,76 a	2,26 b	3,19 a	M
636	26,2 a	68,4 a	2 a	5,10 b	1,89 a	2,55 a	2,72 b	M
639	24,3 b	69,6 a	3 a	4,66 b	1,82 a	2,49 a	2,59 b	C
641	26,3 a	66,7 a	2 a	4,87 b	1,75 a	2,49 a	2,82 b	C
642	23,4 b	64,9 a	3 a	4,58 b	1,71 a	2,21 b	2,68 b	C
643	26,1 a	54,6 c	3 a	6,69 a	1,77 a	2,13 b	3,78 a	LF
644	26,8 a	67,7 a	1 b	5,15 b	1,81 a	2,52 a	2,87 b	M
646	27,3 a	66,4 a	2 b	5,09 b	1,87 a	2,59 a	2,76 b	M
648	25,9 a	62,0 b	2 a	6,14 a	1,65 a	1,97 b	3,73 a	LF
649	27,4 a	70,5 a	1 b	4,66 b	1,84 a	2,62 a	2,53 b	C
651	27,4 a	68,4 a	1 b	5,18 b	1,88 a	2,55 a	2,76 b	M
652	27,4 a	70,7 a	1 b	4,70 b	1,93 a	2,74 a	2,43 b	C
655	27,0 a	66,5 a	2 b	5,24 b	1,84 a	2,49 a	2,86 b	M
659	27,5 a	70,8 a	1 b	4,72 b	1,92 a	2,71 a	2,46 b	C
660	26,9 a	69,1 a	1 b	5,17 b	1,85 a	2,52 a	2,85 b	M
661	24,4 b	65,9 a	2 a	5,58 a	1,72 a	2,23 b	3,31 a	M
662	25,7 a	67,1 a	1 b	4,75 b	1,84 a	2,53 a	2,58 b	C
665	26,5 a	64,0 a	2 a	5,94 a	1,60 a	2,08 b	3,70 a	M
666	25,3 a	50,6 c	3 a	6,43 a	1,71 a	2,16 b	3,77 a	LF
667	26,1 a	65,6 a	1 b	5,36 b	1,80 a	2,44 a	3,03 b	M
668	26,2 a	62,5 b	2 a	5,94 a	1,79 a	2,38 b	3,39 a	M
671	27,6 a	70,6 a	1 b	4,61 b	1,88 a	2,68 a	2,46 b	C
672	24,6 b	65,6 a	2 b	5,27 b	1,82 a	2,56 a	2,94 b	M

continuação APÊNDICE 2. Características fenotípicas de 150 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), comprimento de grão (CG), centro branco (CB), largura de grão (LG), espessura de grão (EG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L), tipo de grão (TG). Cachoeirinha, RS.

Genótipo	P1000G (g)	RENDENG (%)	CB	CG (mm)	LG (mm)	EG (mm)	C/L	TG <sup>1</sup>
673	26,6 a	69,2 a	2 b	5,14 b	1,83 a	2,65 a	2,82 b	M
675	26,2 a	69,8 a	1 b	5,24 b	1,86 a	2,55 a	2,88 b	M
677	26,4 a	69,6 a	2 b	5,83 a	1,82 a	2,34 b	3,26 a	M
678	26,7 a	64,7 a	2 a	6,19 a	1,64 a	2,06 b	3,77 a	LF
679	27,1 a	66,3 a	2 b	5,72 a	1,90 a	2,49 a	3,06 b	M
680	27,2 a	63,4 b	2 a	6,35 a	1,73 a	2,11 b	3,67 a	LF
681	24,0 b	63,6 b	2 b	5,57 a	1,64 a	2,23 b	3,47 a	M
683	26,5 a	68,1 a	1 b	5,25 b	1,86 a	2,51 a	2,85 b	M
684	27,2 a	66,4 a	2 b	5,36 b	1,78 a	2,37 b	3,02 b	M
685	23,8 b	63,5 b	2 b	5,57 a	1,71 a	2,35 b	3,35 a	M
686	26,8 a	62,7 b	2 b	5,83 a	1,75 a	2,22 b	3,35 a	M
687	27,6 a	70,3 a	1 b	4,80 b	1,95 a	2,48 a	2,46 b	C
688	25,9 a	61,3 b	2 a	5,65 a	1,78 a	2,24 b	3,19 a	M
689	25,5 a	60,3 b	2 b	5,43 b	1,80 a	2,32 b	3,02 b	M
692	26,8 a	68,3 a	1 b	5,25 b	1,78 a	2,44 a	3,03 b	M
693	25,7 a	66,3 a	1 b	5,19 b	1,81 a	2,44 a	2,96 b	M
694	27,5 a	70,8 a	1 b	4,75 b	1,94 a	2,71 a	2,46 b	C
695	26,9 a	70,5 a	1 b	4,74 b	1,92 a	2,59 a	2,47 b	C
696	24,2 b	59,8 b	2 a	6,21 a	1,58 a	1,93 b	3,93 a	LF
697	23,7 b	58,6 b	2 a	5,47 a	1,72 a	2,18 b	3,20 a	M
698	26,1 a	66,1 a	1 b	5,09 b	1,76 a	2,42 a	2,95 b	M
699	26,9 a	71,0 a	1 b	4,78 b	1,93 a	2,67 a	2,48 b	C
700	26,9 a	70,2 a	1 b	4,61 b	1,85 a	2,67 a	2,50 b	C
701	26,3 a	64,8 a	2 a	5,90 a	1,73 a	2,31 b	3,38 a	M
702	26,5 a	68,2 a	2 b	5,52 a	1,77 a	2,40 a	3,16 a	M
703	26,9 a	70,3 a	1 b	5,00 b	1,92 a	2,72 a	2,61 b	M
704	24,0 b	61,3 b	3 a	6,44 a	1,62 a	1,99 b	3,97 a	LF
705	25,0 b	65,1 a	3 a	5,91 a	1,72 a	2,28 b	3,45 a	M
706	24,8 b	63,0 b	2 a	6,23 a	1,75 a	2,05 b	3,57 a	LF
707	25,6 a	66,8 a	2 b	5,28 b	1,83 a	2,48 a	2,95 b	M
708	24,7 b	66,0 a	2 a	5,86 a	1,71 a	2,28 b	3,47 a	M
710	24,5 b	62,0 b	2 a	6,06 a	1,77 a	2,09 b	3,43 a	LF
711	25,5 a	57,9 b	3 a	6,32 a	1,68 a	2,14 b	3,75 a	LF
712	24,8 b	62,7 b	2 b	5,56 a	1,71 a	2,25 b	3,29 a	M
713	26,0 a	65,4 a	2 b	5,95 a	1,75 a	2,29 b	3,46 a	M

continuação APÊNDICE 2. Características fenotípicas de 150 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), comprimento de grão (CG), centro branco (CB), largura de grão (LG), espessura de grão (EG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L), tipo de grão (TG). Cachoeirinha, RS.

Genótipo	P1000G (g)	RENDENG (%)	CB	CG (mm)	LG (mm)	EG (mm)	C/L	TG <sup>1</sup>
714	27,0 a	63,0 b	3 a	6,23 a	1,69 a	2,27 b	3,70 a	LF
715	24,5 b	61,1 b	2 a	6,19 a	1,69 a	2,07 b	3,69 a	LF
716	26,7 a	68,0 a	1 b	4,97 b	1,80 a	2,52 a	2,79 b	C
717	27,5 a	65,6 a	2 b	5,47 a	1,83 a	2,50 a	3,00 b	M
718	27,5 a	69,2 a	1 b	5,04 b	1,87 a	2,62 a	2,70 b	M
720	26,1 a	63,6 b	2 b	5,04 b	1,89 a	2,49 a	2,67 b	M
721	24,9 b	68,4 a	1 b	4,90 b	1,79 a	2,64 a	2,76 b	C
722	25,2 a	68,9 a	1 b	5,04 b	1,92 a	2,76 a	2,65 b	M
723	20,4 c	61,2 b	2 a	6,03 a	1,68 a	2,13 b	3,61 a	LF
726	24,2 b	66,8 a	2 a	5,58 a	1,73 a	2,18 b	3,22 a	M
727	26,4 a	66,7 a	2 b	5,12 b	1,81 a	2,47 a	2,89 b	M
728	24,9 b	66,6 a	2 b	5,42 b	1,83 a	2,47 a	3,03 b	M
730	24,6 b	64,7 a	2 b	5,82 a	1,81 a	2,27 b	3,27 a	M
731	27,1 a	68,2 a	1 b	5,24 b	1,85 a	2,48 a	2,85 b	M
732	24,9 b	53,7 c	2 a	5,43 b	1,73 a	2,35 b	3,14 a	M
734	26,6 a	70,1 a	2 b	6,04 a	1,73 a	2,36 b	3,55 a	LF
735	25,1 a	66,6 a	1 b	5,32 b	1,81 a	2,39 a	2,98 b	M
736	25,8 a	66,0 a	2 b	6,16 a	1,79 a	2,22 b	3,50 a	LF
737	22,6 c	62,4 b	2 a	6,23 a	1,68 a	2,11 b	3,70 a	LF
738	25,3 a	69,8 a	2 b	5,66 a	1,78 a	2,44 a	3,18 a	M
739	24,5 b	68,4 a	2 b	5,26 b	1,81 a	2,39 a	3,00 b	M
740	24,2 b	70,1 a	2 b	5,31 b	1,86 a	2,47 a	2,87 b	M
741	22,5 c	51,2 c	2 a	5,70 a	1,76 a	2,30 b	3,27 a	M
742	26,7 a	57,7 b	2 a	5,18 b	1,92 a	2,59 a	2,72 b	M
743	25,6 a	44,2 c	2 a	6,13 a	1,73 a	2,15 b	3,56 a	LF
744	19,9 c	60,4 b	2 b	5,65 a	1,72 a	2,31 b	3,34 a	M
745	26,2 a	68,3 a	1 b	5,34 b	1,81 a	2,48 a	3,01 b	M
746	25,1 b	69,0 a	2 b	5,11 b	1,86 a	2,58 a	2,78 b	M
747	25,4 a	66,2 a	2 b	5,67 a	1,69 a	2,11 b	3,44 a	M
748	25,7 a	53,6 c	3 a	5,94 a	1,76 a	2,15 b	3,37 a	M
750	23,9 b	62,8 b	2 a	5,95 a	1,78 a	2,24 b	3,35 a	M
751	26,3 a	63,5 b	2 a	5,97 a	1,69 a	2,02 b	3,57 a	M
752	24,5 b	65,7 a	2 a	5,75 a	1,75 a	2,36 b	3,33 a	M
753	18,5 c	57,8 b	2 a	6,38 a	1,75 a	2,21 b	3,67 a	LF
754	26,0 a	68,2 a	2 b	5,30 b	1,76 a	2,19 b	3,06 b	M

continuação APÊNDICE 2. Características fenotípicas de 150 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), comprimento de grão (CG), centro branco (CB), largura de grão (LG), espessura de grão (EG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L), tipo de grão (TG). Cachoeirinha, RS.

Genótipo	P1000G (g)	RENDENG (%)	CB	CG (mm)	LG (mm)	EG (mm)	C/L	TG <sup>1</sup>
755	21,0 c	61,5 b	2 a	5,87 a	1,59 a	1,98 b	3,69 a	M
757	22,4 c	62,7 b	2 b	5,73 a	1,72 a	2,22 b	3,39 a	M
760	22,0 c	63,6 b	2 a	6,06 a	1,71 a	2,11 b	3,54 a	LF
761	25,0 b	67,4 a	2 b	5,26 b	1,82 a	2,53 a	2,91 b	M
763	25,9 a	69,0 a	1 b	5,12 b	1,88 a	2,58 a	2,76 b	M
764	25,9 a	67,5 a	2 b	5,78 a	1,79 a	2,26 b	3,27 a	M
766	25,5 a	61,7 b	2 a	5,28 b	1,78 a	2,55 a	3,02 b	M
768	25,8 a	59,9 b	2 a	5,97 a	1,73 a	2,28 b	3,45 a	M
769	25,1 a	54,0 c	3 a	5,49 a	1,82 a	2,56 a	3,08 b	M
770	26,7 a	70,3 a	1 b	4,85 b	1,83 a	2,63 a	2,67 b	C
772	26,1 a	68,5 a	2 b	5,95 a	1,72 a	2,19 b	3,51 a	M
774	26,8 a	69,6 a	2 a	5,57 a	1,77 a	2,49 a	3,15 a	M
778	22,5 c	60,5 b	3 a	6,05 a	1,69 a	2,19 b	3,58 a	LF
779	25,8 a	57,9 b	2 a	5,82 a	1,72 a	2,31 b	3,40 a	M
780	25,7 a	61,3 b	3 a	5,78 a	1,78 a	2,49 a	3,27 a	M
782	24,5 b	64,9 a	3 a	5,57 a	1,64 a	2,37 b	3,39 a	M
783	25,7 a	67,3 a	1 b	5,08 b	1,78 a	2,62 a	2,86 b	M
784	23,6 b	63,5 b	2 b	5,34 b	1,68 a	2,26 b	3,23 a	M
786	25,8 a	67,4 a	2 a	5,16 b	1,88 a	2,51 a	2,76 b	M
787	24,0 b	66,5 a	2 b	4,93 b	1,83 a	2,49 a	2,72 b	C
788	25,3 a	65,3 a	2 a	5,61 a	1,80 a	2,41 a	3,14 a	M
789	28,2 a	69,1 a	2 b	5,05 b	1,86 a	2,66 a	2,72 b	M
790	27,6 a	70,6 a	1 b	5,03 b	1,93 a	2,75 a	2,60 b	M
791	24,5 b	63,5 b	3 a	5,94 a	1,80 a	2,35 b	3,29 a	M
792	25,3 a	64,2 a	2 a	6,28 a	1,79 a	2,24 b	3,51 a	LF
793	27,1 a	70,7 a	1 b	4,78 b	1,92 a	2,75 a	2,49 b	C
794	24,8 b	65,2 a	2 a	5,52 a	1,75 a	2,38 b	3,20 a	M
795	25,2 a	66,8 a	2 a	5,48 a	1,88 a	2,44 a	2,94 b	M
796	25,2 a	63,9 b	2 a	5,76 a	1,67 a	2,12 b	3,46 a	M
797	26,5 a	64,7 a	2 a	6,68 a	1,67 a	1,97 b	4,01 a	LF
798	26,2 a	64,9 a	2 a	6,15 a	1,71 a	2,07 b	3,57 a	LF
800	24,0 b	65,7 a	1 b	5,01 b	1,91 a	2,64 a	2,65 b	M
802	25,7 a	68,8 a	1 b	4,57 b	1,89 a	2,51 a	2,42 b	C
803	25,9 a	67,9 a	1 b	4,61 b	1,81 a	2,42 a	2,56 b	C
807	26,7 a	70,1 a	1 b	4,52 b	1,78 a	2,65 a	2,54 b	C
821	27,4 a	68,3 a	1 b	5,08 b	1,82 a	2,51 a	2,81 b	M

continuação APÊNDICE 2. Características fenotípicas de 150 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.). Peso de 1000 grãos (P1000G), renda de engenho (RENDENG), comprimento de grão (CG), centro branco (CB), largura de grão (LG), espessura de grão (EG) e relação comprimento/largura dos grãos (C/L), tipo de grão (TG). Cachoeirinha, RS.

Genótipo	P1000G (g)	RENDENG (%)	CB	CG (mm)	LG (mm)	EG (mm)	C/L	TG <sup>1</sup>
830	25,9 a	70,5 a	1 b	4,73 b	1,94 a	2,74 a	2,44 b	C
833	25,6 a	69,1 a	1 b	4,66 b	1,88 a	2,62 a	2,48 b	C
834	26,2 a	68,7 a	2 b	5,02 b	1,80 a	2,56 a	2,81 b	M
836	27,3 a	69,0 a	2 b	5,20 b	1,95 a	2,54 a	2,73 b	M
837	27,2 a	69,7 a	1 b	4,72 b	1,87 a	2,68 a	2,52 b	C
899	24,4 b	67,9 a	2 b	5,60 a	1,61 a	2,16 b	3,55 a	M
BRSAtalanta	25,9 a	69,5 a	2 b	5,44 b	1,73 a	2,35 b	3,19 a	M
Irga417	23,4 b	69,1 a	2 b	5,73 a	1,75 a	2,30 b	3,31 a	M
Nipponbare	26,5 a	70,9 a	2 b	4,80 b	1,88 a	2,72 a	2,56 b	C
<b>Média</b>	25,6	65,6	2	5,43	1,79	2,40	3,07	
<b>CV(%)</b>	8.53	8.92	33	13.41	7.66	12.35	18.82	

Médias seguidas de mesma letra minúscula na coluna não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott,  $p < 0,05$ .

<sup>1</sup> C = grão tipo curto; M = grão tipo médio; LF = grão tipo longo fino

## VITA

Renan Honorato Fernandes é filho de Braz Antunes Fernandes Filho e Lucieny Costa Honorato. Nasceu em Tubarão-SC em 27 de setembro de 1988.

Completo o ensino fundamental no Colégio Estadual Henrique Fontes, no ano de 2002, e o ensino médio no Colégio Energia, no ano de 2005, em Tubarão-SC. Em março de 2007 ingressou no curso de Agronomia na Universidade do Sul de Santa Catarina – UNISUL, em Tubarão-SC, realizando dois estágios com a equipe do Projeto Arroz na Estação Experimental de Itajaí da Empresa de Pesquisa e Extensão Rural de Santa Catarina – EPAGRI e graduando-se como Engenheiro Agrônomo em agosto de 2012.

Em março de 2013 iniciou o Mestrado em Fitotecnia, da Faculdade de Agronomia, da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Em dezembro de 2013 foi aprovado no concurso realizado pela Empresa de Pesquisa e Extensão Rural de Santa Catarina – EPAGRI, e em maio de 2014 iniciou os trabalhos nas atividades de assistência técnica e extensão rural, no município de São Martinho, região de Tubarão, no Estado de Santa Catarina.