



KAREN EDUARDA DO LAGO

**SELEÇÃO FENOTÍPICA DE PROGÊNIES DE ARROZ DE
TERRAS ALTAS AUXILIADA POR MARCADORES
MOLECULARES**

LAVRAS – MG

2026

KAREN EDUARDA DO LAGO

**SELEÇÃO FENOTÍPICA DE PROGÊNIES DE ARROZ DE TERRAS ALTAS
AUXILIADA POR MARCADORES MOLECULARES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Orientador (a)

Prof. Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho

Coorientador

Dr. Adriano Pereira de Castro

Coorientador (a)

Dra. Yasmin Vasques Berchembrock

LAVRAS -MG

2026

**Ficha Catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração
de Ficha Catalográfica da Biblioteca Universitária da UFLA, com
dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Lago, Karen Eduarda do.

Seleção fenotípica de progênies de arroz de terras altas auxiliada por marcadores
moleculares / Karen Eduarda do Lago. - 2026.

84 p.

Orientadora: Flávia Barbosa Silva Botelho

Coorientador: Adriano Pereira de Castro

Coorientadora: Yasmin Vasques Berchembrock

Dissertação (Mestrado Acadêmico) - Universidade Federal de Lavras, 2026.

Bibliografia.

1. Oryza sativa L.. 2. Diversidade genética. 3. Microsatélites. 4. Sustentabilidade.
5. Arroz de terras altas. I. Botelho, Flávia Barbosa Silva. II. Castro, Adriano Pereira
de. III. Berchembrock, Yasmin Vasques. IV. Universidade Federal de Lavras. V.
Título.

KAREN EDUARDA DO LAGO

**SELEÇÃO FENOTÍPICA DE PROGÊNIES DE ARROZ DE TERRAS ALTAS
AUXILIADA POR MARCADORES MOLECULARES
PHENOTYPIC SELECTION OF UPLAND RICE PROGENIES ASSISTED BY
MOLECULAR MARKERS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 29 de janeiro de 2026.

Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho	UFLA
Dra. Janine Magalhães Guedes Simão	EPAMIG
Dra. Tereza Cristina de Oliveira Borba	Embrapa Arroz e Feijão
Prof. Dr. Welison Andrade Pereira	UFLA

Orientador (a)

Prof. Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho

Coorientador

Dr. Adriano Pereira de Castro

Coorientador (a)

Dra. Yasmin Vasques Berchembrock

LAVRAS -MG

2026

*Aos meus pais Carlos e Rosimar, meu irmão Cristian e minha avó Margarida,
que me apoiaram e apoiam incondicionalmente.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por me sustentar até aqui. À Nossa Senhora do Carmo por me guiar e proteger. À Santa Teresinha do Menino Jesus e da Sagrada Face pela intercessão.

Ao meu pai Carlos pela confiança depositada em mim e o apoio à minha formação.

À minha mãe Rosimar pelo exemplo de dedicação e persistência na vida.

Ao meu irmão Crístian pela inspiração quanto à sede pelo conhecimento.

À minha avó Margarida pelo ensinamento de resiliência e fé incondicional.

Ao amado Luiz pela parceria e bons conselhos ao longo dessa jornada.

À toda minha família por serem quem são e manterem as minhas raízes firmes, o que me possibilita crescer.

À Sarah, cuja amizade passou pelo teste do tempo e da distância. Ao MUR Lavras e a todos os amigos que lá encontrei por serem refúgio em meio às turbulências.

À professora Flávia Botelho por ser minha “mãe acadêmica” e minha maior inspiração profissional. Muito além de conhecimento científico, nos transmite anseio pelo desafio e pelo novo, o que nos faz evoluir. Agradeço por abrir tantas portas para nós.

Ao grupo MelhorArroz UFLA por serem a âncora dessa pesquisa e por toda dedicação ao melhoramento do arroz de terras altas. Em especial, ao Gabriel, à Isadora e à Mirian que aceitaram o desafio de trabalhar com genética molecular, um campo novo para nós.

À prof. Lucimara, ao grupo do Laboratório de Genética Molecular da UFLA, à Dra. Tereza Borba, à Dra. Luana Rodrigues e à equipe do Laboratório de Biotecnologia da EMBRAPA Arroz e Feijão, que prontamente nos acolheram e orientaram.

À equipe de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da EMBRAPA que tornaram Santo Antônio de Goiás um lar, mesmo que temporário, para nós. Em especial à Dona Marlene por fazer isso se concretizar.

À Universidade Federal de Lavras, ao Departamento de Biologia e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA pela estrutura oferecida e as oportunidades de realização do Mestrado.

À Embrapa Arroz e Feijão e à EPAMIG pela parceria, que frutuosamente fomenta pesquisas tão relevantes para o desenvolvimento do arroz de terras altas no país.

O presente trabalho foi realizado com apoio da coordenação de aperfeiçoamento de pessoal de nível superior – brasil (capes) – código de financiamento 001. Agradeço também a CNPq e à FAPEMIG pelo apoio financeiro à realização de pesquisas do MelhorArroz UFLA.

Meu sincero agradecimento!

*“Se você sabe que está no caminho certo, se tem esse conhecimento interior, então ninguém
pode te desviar... não importa o que digam”
(Barbara McClintock)*

RESUMO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é a base da alimentação de cerca de 2,5 bilhões de pessoas. No Brasil, busca-se intensificar o cultivo de arroz de terras altas como alternativa sustentável, pois, nesse sistema, há menor emprego de água, associado à menor emissão de gases de efeito estufa. Nesse contexto, os programas de melhoramento visam à obtenção de genótipos precoces e produtivos para inserção no sistema de produção agrícola, tendo a diversidade genética como uma fonte de seleção. Dessa forma, objetivou-se avaliar o desempenho agrônomico e a diversidade genética das progênies do Ensaio de Rendimento de Famílias (ERF) na safra 2023/24, verificada por meio de análises moleculares com uso de marcadores SSR (*Simple Sequence Repeats*). Foram avaliadas 169 progênies em delineamento látice quadrado parcialmente balanceado 13x13 com duas repetições em três ambientes: Lavras (MG), Santo Antônio de Goiás (GO) e Sinop (MT). As características avaliadas foram dias para florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade (kg ha⁻¹). Os dados foram submetidos à análise de variância conjunta via modelos mistos (REML/BLUP) no *software* R. A caracterização molecular foi realizada com 24 marcadores microssatélites (SSR) analisados por eletroforese capilar. 24 marcadores microssatélites (SSR), 21 amplificaram, detectando-se 133 alelos (variação de 2 a 13 alelos por *locus*). As análises de agrupamento formaram 21 *clusters* tanto para dados fenotípicos quanto moleculares. Identificaram-se 20 progênies fenotipicamente superiores, as quais, ao serem contrastadas com os agrupamentos moleculares, distribuíram-se em nove *clusters* genéticos distintos. Conclui-se que há considerável diversidade genética a ser explorada e que a seleção simultânea baseada no desempenho agrônomico e na divergência molecular permite identificar progênies promissoras, mitigando o estreitamento da base genética do programa.

Palavras-chaves: *Oryza sativa* L.; diversidade genética; microssatélites; sustentabilidade.

ABSTRACT

Rice (*Oryza sativa* L.) is the dietary staple for approximately 2.5 billion people. In Brazil, there is a concerted effort to intensify upland rice cultivation as a sustainable alternative, given its reduced water requirements and lower greenhouse gas emissions. Within this context, breeding programs aim to develop early-maturing, high-yielding genotypes for integration into agricultural production systems, utilizing genetic diversity as a primary source for selection. Thus, this study aimed to evaluate the agronomic performance and genetic diversity of progenies from the Family Yield Trial (FYT) during the 2023/24 growing season, verified through molecular analysis using SSR (Simple Sequence Repeats) markers. A total of 169 progenies were evaluated using a 13x13 partially balanced lattice design with two replicates across three locations: Lavras (MG), Santo Antônio de Goiás (GO), and Sinop (MT). The traits evaluated included days to flowering (DTF), plant height (cm), and grain yield (kg ha⁻¹). Data were subjected to a joint analysis of variance via mixed models (REML/BLUP) using R software. Molecular characterization was performed with 24 microsatellite (SSR) markers analyzed by capillary electrophoresis. Of the 24 markers, 21 were successfully amplified, detecting 133 alleles (ranging from 2 to 13 alleles per locus). Cluster analyses identified 21 clusters for both phenotypic and molecular data. Twenty phenotypically superior progenies were identified; when contrasted with molecular clusters, these were distributed across nine distinct genetic groups. It is concluded that there is considerable genetic diversity to be exploited and that simultaneous selection based on agronomic performance and molecular divergence allows for the identification of promising progenies, thereby mitigating the narrowing of the program's genetic base.

Keywords: *Oryza sativa* L.; genetic diversity; microsatellites; sustainability.

INDICADORES DE IMPACTO

O arroz (*Oryza sativa* L.) desempenha papel central na segurança alimentar, sendo um dos cereais mais consumidos globalmente, sobretudo no continente asiático, onde se concentram os países mais populosos do mundo. Nesse contexto, o cultivo da cultura no sistema de terras altas destaca-se pela sustentabilidade ambiental, caracterizado pela utilização reduzida de água e emissão praticamente nula de gás metano (CH₄). As pesquisas em melhoramento genético da cultura têm alcançado resultados expressivos, não apenas no incremento da produtividade de grãos, mas também no desenvolvimento de genótipos tolerantes aos estresses abióticos e bióticos. Diante de um cenário de mudanças climáticas desafiadoras para a agricultura e da crescente demanda por práticas sustentáveis, os avanços no melhoramento genético de arroz de terras altas representam uma robusta contribuição para o cumprimento dos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) da Organização das Nações Unidas (ONU). Esse sistema de cultivo apresenta alinhamento direto com os objetivos 2 (Fome zero e agricultura sustentável), 6 (Água potável e saneamento), 12 (Consumo e produção responsáveis) e 13 (Ação contra a mudança global do clima) (Embrapa, 2020). Por fim, o impacto deste estudo transcende a disseminação de conhecimento científico. A identificação de progênies que conciliam diversidade genética e médias altas para as características de interesse agrônomo permite uma seleção assertiva de genótipos promissores a se tornarem futuras cultivares, mais resilientes e produtivas.

IMPACT INDICATORS

Rice (*Oryza sativa* L.) plays a pivotal role in global food security as one of the most widely consumed cereals, particularly in Asia, where the world's most populous nations are concentrated. In this context, upland rice cultivation is distinguished by its environmental sustainability, characterized by reduced water requirements and negligible methane (CH₄) emissions. Concurrently, research on genetic breeding has achieved significant results, not only in increasing grain yield but also in developing genotypes tolerant to abiotic and biotic stress. Given the challenging climate change scenario for agriculture and the growing demand for sustainable practices, advances in upland rice breeding represent a robust contribution to achieving the United Nations (UN) Sustainable Development Goals (SDGs). This cultivation system directly aligns goals 2 (Zero Hunger), 6 (Clean Water and Sanitation), 12 (Responsible Consumption and Production), and 13 (Climate Action) (Embrapa, 2020). Ultimately, the impact of this study transcends the dissemination of scientific knowledge. The identification of progenies that combine genetic diversity with superior performance for traits of agronomic interest enables the precise selection of promising genotypes with the potential to become future cultivars that are both more resilient and productive.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1: Uso global de cereais em 2034.	19
Figura 2: Pirâmide ilustrativa da estrutura do Programa Melhoramento de Arroz de Terras Altas da UFLA – MelhorArroz UFLA.	26
Figura 3: Localização dos ambientes de condução do Ensaio de Rendimento de Famílias (ERF), na safra 2023/24.	28
Figura 4 Dendrograma circular representativo da dissimilaridade fenotípica entre as 169 progênies do ERF 2023/24, obtido pelo método UPGMA.....	44
Figura 5: Mapa de calor (<i>heatmap</i>) representativo da matriz de dissimilaridade fenotípica entre as 169 progênies do ERF 2023/24.....	46
Figura 6 : Dendrograma circular representativo da dissimilaridade genética entre as 166 progênies do ERF 2023/24, obtido pelo método UPGMA.....	48
Figura 7: Mapas de calor (<i>heatmaps</i>) dos grupos 1, 2, 3 e 4 representando a dissimilaridade genética existente entre as progênies do ERF 2023/24 que compõem os respectivos grupos.	50
Figura 8: Mapas de calor (<i>heatmaps</i>) dos grupos 5, 6, 7 e 9 representando a dissimilaridade genética existente entre as progênies do ERF 2023/24 que compõem os respectivos grupos.	51
Figura 9: Dendrograma espelhado (<i>tanglegram</i>) confrontando os agrupamentos fenotípicos e moleculares das 166 progênies do ERF 2023/24.	52

LISTA DE GRÁFICOS

Gráfico 1: Estimativas de herdabilidade média obtidas via BLUP para número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha^{-1}) do ERF 2023/24, considerado a análise conjunta dos três ambientes.....	43
---	----

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Consumo mundial <i>per capita</i> de arroz para alimentação humana.....	19
Tabela 3: Marcadores microssatélites (SSR) componentes do Painel <i>Multiplex 1</i> , com seus respectivos intervalos de amplificação e fluorescências utilizadas.	31
Tabela 4: Marcadores microssatélites (SSR) componentes do Painel <i>Multiplex 2</i> , com seus respectivos intervalos de amplificação e fluorescências utilizadas.	31
Tabela 5: Marcadores microssatélites (SSR) componentes do Painel <i>Multiplex 3</i> , com seus respectivos intervalos de amplificação e fluorescências utilizadas.	32
Tabela 6: Reagentes e concentrações finais utilizados nas reações de PCR dos painéis <i>multiplex</i> de uma amostra.	32
Tabela 7: Programa da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR).	33
Tabela 8: Resumo da análise de variância conjunta para as características número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha ⁻¹) do ERF 2023/24, avaliado em Lavras (MG), Santo Antônio de Goiás (GO) e Sinop (MT).	40
Tabela 9: <i>Ranking</i> das 20 progênies do ERF 2023/24 para número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha ⁻¹), considerando a média conjunta dos três ambientes avaliados.	41
Tabela 10: Número de progênies constituintes dos 21 grupos formados pelo método UPGMA, com base nos BLUP.	44
Tabela 11: Parâmetros de diversidade genética estimados para os marcadores microssatélites (SSR) avaliado nas 166 progênies pertencentes ao ERF 2023/24.	47
Tabela 12: Distribuição das progênies constituintes dos 21 grupos formados pelo método UPGMA, com base na matriz de distância genética.	48
Tabela 13: Coeficiente de dissimilaridade genética média dos grupos compostos por duas ou mais progênies.	49
Tabela 14: Distribuição das 20 progênies superiores do ERF 2023/24 nos grupos formados pela análise molecular.	52

LISTA DE APÊNDICES

Tabela 1A: Progênies F _{3:4} pertencentes ao ERF do Programa de Melhoramento Genético de Arroz de Terras Altas da EMBRAPA Arroz e Feijão, em convênio com a UFLA e a EPAMIG.....	75
Tabela 2A Progênies do ERF 2023/24 que compõem os 21 clusters formados pelo agrupamento a partir da matriz de distância fenotípica obtida pelos BLUPs e a distância Euclidiana.	76
Tabela 3A: Progênies do ERF 2023/24 que compõem os 21 clusters formados pelo agrupamento a partir da matriz de distância genética obtida pela análise de diversidade genética através dos 21 SSRs.	77
Tabela 4A: Análise de variância para as características número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha ⁻¹) do ERF 2023/24, avaliado em Lavras (MG).	78
Figure 5A: Análise de variância para as características número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha ⁻¹) do ERF 2023/24, avaliado em Santo Antônio de Goiás (GO).....	78
Figura 1A: Dendrograma filogenético fenotípico das 169 progênies do ERF 2023/24.	80
Figura 2A: Dendrograma retangular fenotípico das 169 progênies do ERF 2023/24.	80
Figura 3A: Dendrograma filogenético genético das 166 progênies do ERF 2023/24.....	81
Figura 4A: Dendrograma retangular genético das 166 progênies do ERF 2023/24.....	81

LISTA DE SIGLAS

A	Número de Alelos por Loco
ANOVA	Análise de Variância
BLUP	Melhor Preditor Linear Não Viesado
CONAB	Companhia Nacional de Abastecimento
CV	Coefficiente de Variação
DBI	Departamento de Biologia da UFLA
DNA	Ácido Desoxirribonucleico
Embrapa Arroz e Feijão	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
EPAMIG	Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais
ERF	Ensaio de Rendimento de Famílias
F	Coefficiente de Endogamia
FAO	ONU para a Alimentação e a Agricultura
G x A	Interação Genótipos por Ambientes
H_e	Heterozigosidade Esperada
H_o	Heterozigosidade Observada
MAPA	Ministério da Agricultura e Pecuária
MelhorArroz UFLA	Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da UFLA
MLE	Método da Máxima Verossimilhança
NDFL	Número de Dias para Florescimento
ODS	Objetivos de Desenvolvimento Sustentável da ONU
ONU	Organização das Nações Unidas
ODS	Objetivo de Desenvolvimento Sustentável da ONU
pb	Pares de Bases do DNA
PCR	Reação em Cadeia da Polimerase
PIC	Conteúdo de Informação Polimórfica
SSR	<i>Simple Sequence Repeats</i> ou microssatélites
UFLA	Universidade Federal de Lavras
UPGMA	Método de Grupo de Pares Não Ponderados com Média Aritmética
USDA	<i>United States Department of Agriculture</i>

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	16
2. REFERENCIAL TEÓRICO	18
2.1. Impacto do arroz de terras altas na sustentabilidade econômica e ambiental	18
2.2. Papel do melhoramento de arroz de terras altas no Brasil	23
2.3. Marcadores moleculares aplicados ao melhoramento do arroz	26
3. MATERIAL E MÉTODOS	28
3.1. Locais de condução dos experimentos	28
3.2. Genótipos	29
3.3. Condução dos experimentos	29
3.4. Características avaliadas	29
3.4.1. Número de dias para florescimento	29
3.4.2. Altura de plantas	30
3.4.3. Produtividade de grãos	30
3.4.4. Análises moleculares	30
3.5. Análises estatísticas dos dados	34
3.5.1. Análises fenotípicas	34
3.5.2. Análises moleculares	38
3.5.3. Comparação entre as Análises Fenotípicas e Moleculares	39
4. RESULTADOS	40
4.1. Análises Fenotípicas	40
4.2. Análises Moleculares	46
4.3. Comparação entre as Análises Fenotípicas e Moleculares	51
5. DISCUSSÃO	54
6. CONCLUSÕES	59
7. CONSIDERAÇÕES FINAIS	60

REFERÊNCIAS	61
ANEXOS	73
APÊNDICES	75

1. INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais cultivados e consumidos no mundo (OECD/FAO, 2025). De acordo com dados da Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura - FAO (2025), na safra de 2024/25, correspondeu a 18,6% da produção mundial de cereais. Juntamente com os Estados Unidos, o Brasil destaca-se na produção do grão no continente americano, representando cerca de 31% do total mundial (Silva; Wander, 2023). A produção brasileira em 2024/25 foi 12,7 milhões de toneladas, das quais 9% corresponderam ao sistema de terras altas. Esse volume produzido representou um incremento de 20,6% em relação ao ano agrícola anterior (CONAB, 2025).

A inserção do arroz de terras altas no sistema de produção, especialmente sob pivô central, antecedendo às culturas de inverno, como feijão e trigo, em rotação com hortaliças e em sucessão à soja foi uma das contribuições para tal aumento da produção (Castro, 2024). Além do fornecimento de matéria orgânica, a palhada do arroz colabora para o controle biológico de doenças que acometem outras culturas presentes no sistema, como o mofo-branco (*Sclerotinia sclerotiorum*) no feijão e na soja. Ao se degradar lentamente, a palhada do arroz forma uma barreira física no solo, que impede a liberação dos esporos que infectam as plantas (EMBRAPA, 2023).

Como apresentado por Lacerda e Nascente (2021), uma das grandes conquistas recentes para o cultivo em terras altas foi o lançamento de cultivares melhoradas mais bem adaptadas às condições de alta fertilidade, o que permitiu a rotação com outras culturas. Dessa forma, é nítida a contribuição dos programas de melhoramento genético de arroz de terras altas para o êxito no lançamento de cultivares cada vez mais produtivas e estáveis (Botelho *et al.*, 2018; Breseghello *et al.*, 2011). Com isso, há um grande impacto na viabilização do cultivo da cultura, sobretudo no resgate do plantio sob esse sistema no estado de Minas Gerais, que é um dos papéis do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras – MelhorArroz UFLA.

Além da produtividade de grãos, um dos principais objetivos nos programas de melhoramento de arroz de terras altas atualmente, é a precocidade, ou seja, o menor ciclo de desenvolvimento da planta, por propiciar maior possibilidade de inserção no sistema de produção agrícola. O menor porte de planta é outra característica de interesse, pois está associada à redução do acamamento na fase final do ciclo da cultura. Contudo, para alcançar tais objetivos que permitam a recomendação de genótipos superiores, a presença da variabilidade genética é essencial (Borba *et al.*, 2009). Nas etapas iniciais dos programas é

imprescindível que haja diversidade genética, que atua como uma fonte para obtenção e seleção de progênies promissoras que correspondam às exigências agrícolas (Borém *et al.*, 2021). Além do mais, a existência de diversidade entre progênies, linhagens e cultivares é relevante para que se reduza a vulnerabilidade genética dos materiais em estudo e cultivados. Assim, a ampliação e ou manutenção da base genética gera a possibilidade de aumento do ganho genético dos programas de melhoramento (Castro *et al.*, 2005; Tanksley; McCouch, 1997 apud Borba *et al.*, 2007), e contribui para o surgimento de novas combinações alélicas (Borba *et al.*, 2007).

Faz-se necessário, para completo estudo e exploração adequada da diversidade genética no melhoramento de plantas, o emprego de marcadores moleculares de DNA (Ácido Desoxirribonucleico). Tal prática é capaz de favorecer o mapeamento de genes (Borém *et al.*, 2021), ao atestar variações no genoma e fornecer dados precisos de variabilidade (Borba, 2007). Dentre os tipos de marcadores moleculares disponíveis, os microssatélites, ou *Simple Sequence Repeats* (SSRs), são amplamente utilizados no estudo da diversidade (Borém; Caixeta, 2016). As sequências simples repetitivas (um a seis nucleotídeos repetidos em *tandem*) são fragmentos microssatélites e estão distribuídos em regiões codantes e não codantes ao longo do genoma. Com o emprego de *primers*, que margeiam os microssatélites, é possível mapear a variabilidade presente em determinada geração (Borém *et al.*, 2016).

A partir do emprego de ferramentas biotecnológicas integradas à fenotipagem, é possível realizar seleção auxiliada por marcadores moleculares. Essa estratégia contribui para o aumento da eficácia seletiva dos programas de melhoramento genético, permitindo a seleção de genótipos que apresentem variabilidade e desempenho fenotípico favorável.

Assim, a presente pesquisa tem por objetivo realizar o estudo da diversidade genética e fenotípica de progênies segregantes pertencentes ao Ensaio de Rendimento de Famílias (ERF) do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras – MelhorArroz UFLA, e, por meio da seleção auxiliada por marcadores moleculares microssatélites, selecionar os genótipos que associem alta variabilidade e bom desempenho agrônômico.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Impacto do arroz de terras altas na sustentabilidade econômica e ambiental

O arroz (*Oryza sativa* L.) é o cereal que compõe a base da alimentação de cerca de 2,5 bilhões de pessoas (Ferreira; Silva; Wander, 2021). Juntamente com o milho e o trigo, é responsável por suprir 40% do consumo calórico humano. Em uma dieta, o arroz é capaz de fornecer cerca de 20% de energia e 15% de proteína, de forma que se torna uma opção importante para o balanceamento nutricional (Avila; Marchezan; Walter, 2008).

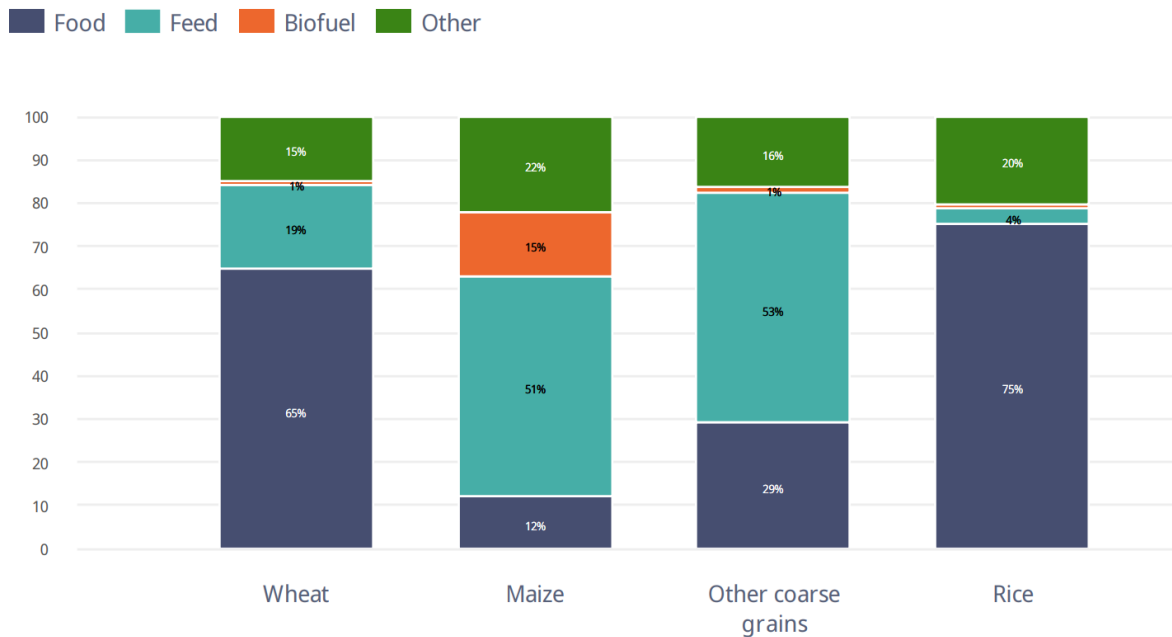
Esse cereal tem grande relevância cultural para o continente asiático, onde se concentra cerca de 90% da produção global e a maior região consumidora do grão (USDA, 2025). A China lidera o ranking como maior consumidor, o que representa cerca de 35,6% em escala global. O Brasil, que é o maior consumidor fora da Ásia, representa 1,5% (ECONOMY INSIGHTS, 2025).

Na safra 2024/25 o maior produtor mundial de arroz foi a Índia, com 150 milhões de toneladas, que representam 28% do volume global. A China ocupa o 2º lugar com 145,8 milhões de toneladas correspondentes a 27% da produção mundial. O Brasil, maior produtor fora do continente asiático, está na 10ª colocação do *ranking* com 8,68 milhões de toneladas, o que corresponde a 2% da produção mundial do grão (USDA, 2025).

A perspectiva para a safra 2025/26, de acordo com a FAO (2025), é de novo recorde histórico. A primeira previsão emitida projeta a produção global em 551,5 milhões de toneladas (arroz beneficiado), aumento de 0,9% em relação à safra anterior. A previsão para consumo também é máxima histórica de 549,1 milhões de toneladas, um crescimento de 1,7% (FAO, 2025).

Segundo OECD-FAO Agricultural Outlook 2025-2034, que apresenta projeções de produção, consumo e utilização de produtos agrícolas até 2034, o consumo alimentar de cereais deverá aumentar 1,1% ao ano (Figura 1). A perspectiva será atingir 1,28 bilhão de toneladas até 2034, impulsionada principalmente pelo crescimento populacional na Ásia e na África. Estima-se que, desse volume de cereal, 40% serão destinados ao consumo humano, em especial o trigo e o arroz. Projeta-se que a porcentagem de uso de arroz em 2034 será 35% em relação aos cereais para essa finalidade (OECD/FAO, 2025).

Figura 1: Uso global de cereais em 2034.



Fonte: OECD/FAO (2025).

Conforme o mesmo levantamento, projeta-se que a demanda global de arroz cresça 1% ao ano até 2034. Nos países asiáticos, responsáveis por 69% dessa projeção, a demanda será sustentada, sobretudo, pelo crescimento populacional. O cereal constitui um alimento, não apenas na Ásia, como também na América Latina e no Caribe, assumindo progressiva relevância na África. Estima-se um incremento de 0,8 kg no consumo *per capita* até 2034 (Tabela 1), impulsionado pelo mercado asiático e da África Subsaariana (OECD/FAO, 2025).

Tabela 1: Consumo mundial *per capita* de arroz para alimentação humana.

	kg/person/year		Growth rate (% p.a.)
	2022-2024	2034	
Africa	24.8	27.7	0.95
North America	10.4	10.8	0.50
Europe	6.4	6.8	0.22
Oceania	19.1	19.7	0.19
Latin America and Caribbean	25.2	24.9	-0.30
Asia	71.9	73.3	0.10
World	50.2	51.0	0.07

Fonte: OECD/FAO (2025).

Portanto, é possível associar o acesso ao arroz como uma forma de contribuir para o combate à desnutrição e à fome oculta, fortalecendo a segurança alimentar. Embora o

percentual da população afetada pela fome tenha apresentado redução de 0,3% em 2024 em relação a 2023, essa diminuição não foi uniforme. A insegurança alimentar agravou-se na maioria das sub-regiões da África e da Ásia Ocidental (FAO, 2025). Segundo projeções das Nações Unidas, 512 milhões de pessoas poderão estar cronicamente subalimentadas até 2030, sendo quase 60% desse contingente na África (ONU, 2025).

De acordo com a definição estabelecida pela Cúpula Mundial da Alimentação (World Food Summit), promovida pela FAO em 1996:

"A segurança alimentar existe quando todas as pessoas têm, em todos os momentos, acesso físico e econômico a alimentos suficientes, inócuos e nutritivos que satisfaçam as suas necessidades dietéticas e preferências alimentares, a fim de levarem uma vida ativa e saudável" (FAO, 1996, p. 203).

Ademais, uma alternativa promissora para incrementar o perfil nutricional dos alimentos é a biofortificação. Mundialmente, existem diversas pesquisas com o objetivo de selecionar cultivares de arroz com maiores teores nutricionais e desenvolver protocolos para a biofortificação na cultura, como é o caso do HarvestZinc, conduzido pelo programa HarvestPlus. Assim, evidencia-se que o arroz pode auxiliar diretamente no cumprimento do Objetivo de Desenvolvimento Sustentável (ODS) número 2 - Fome Zero e Agricultura Sustentável - da ONU.

No Brasil, observa-se forte associação do arroz e do feijão como prato tradicional na alimentação diária da população. Segundo informações mais recentes da Pesquisa de Orçamentos Familiares (POF) 2017-2018 do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), o consumo per capita de arroz da população brasileira é de 131,4 g/dia. Esse dado, que representa a quantidade de arroz consumida pelos participantes nas últimas 24 horas, indicou uma queda de 8% na frequência de consumo em relação à pesquisa anterior.

Outra informação relevante é a maior constância do cereal na alimentação de brasileiros com menor renda, quando comparado às classes de maior renda. Tal fato reforça a importância do arroz na constituição da segurança alimentar e como componente essencial e primordial da alimentação de pessoas com menor acesso a uma grande variedade de alimentos.

A preferência da população brasileira é por arroz branco do tipo longo-fino (agulhinha) e por grãos translúcidos, sem ocorrência de gessamento. Vale ressaltar que, embora essa imperfeição não implique prejuízos nutricionais ou culinários, ela acarreta a redução do rendimento de grãos inteiros na indústria (Coffman; Jennings; Kauffman, 1979; Ishimaru et al., 2009; Vieira, 2004).

Segundo Wander (2015), no Brasil, o arroz é produzido em três sistemas diferentes de

cultivo: sequeiro, no qual a água disponibilizada é proveniente da chuva; irrigado, em que a água é ofertada de forma controlada por inundação ou aspersão; e várzeas, sistema sem controle da lâmina de água, a qual provém do transbordamento dos rios (vazantes).

Existe também a definição de sistemas de cultivo de terras baixas e de terras altas. No sistema de terras baixas, o arroz é produzido sob inundação, com lâmina de água controlada ou não, ocorrendo geralmente em tabuleiros. De acordo com Almeida (2017), a expressão “terras baixas” advém da topografia presente no estado do Rio Grande do Sul, que hoje figura como maior produtor de arroz do país. Já no sistema de terras altas, a água suplementar é disponibilizada por aspersão ou precipitação pluvial. Ambos os sistemas possuem diferentes formatos de plantio e arranjos produtivos.

O arroz de terras altas, também denominado arroz de sequeiro, era historicamente utilizado na abertura de área por tolerar a acidez do solo. Como apresentado por Ferreira e Wander (2005), esse sistema já exibiu grande expressividade, mas apresentou tendência ao declínio, sofrendo redução de área e produção (Silva; Wander, 2013). No entanto, nas últimas décadas muitas pesquisas foram realizadas possibilitando inserir o arroz dentro do sistema de produção em rotação com outras culturas, aumentando a competitividade e a produtividade.

O Brasil, segundo dados da safra de 2024/25 do United States Department of Agriculture (USDA), ocupa a 10ª colocação no ranking global de produção de arroz, representando 1,6% do total mundial. De acordo com a CONAB (2025), a produção dessa mesma safra foi de 12,76 milhões de toneladas, cultivadas em uma área de 1,8 milhão de hectares. Tais números correspondem a aumento de 20,6% e 9,8 %, respectivamente, em relação à safra anterior. Quanto à produtividade média, o resultado foi 7,2 t/ha, o que também expressa um incremento de 9,8%. Esse desempenho positivo da safra advém da ampliação da área cultivada em ambos os sistemas (CONAB, 2025).

A Região Sul, onde predominantemente há produção do arroz no sistema de terras baixas, concentra cerca de 79,52% da produção total nacional. Na safra 2024/25, a área plantada na região foi de 1,14 milhão de hectares, dos quais 99,9% foram destinados ao cultivo irrigado, com destaque para o Rio Grande do Sul, que cultivou 968,1 mil hectares integralmente sob esse sistema. Quanto à produção, a região foi responsável por 10,14 milhões de toneladas, volume 20,4% superior ao da safra anterior (CONAB, 2025).

Em relação ao cultivo de arroz de terras altas, a safra 2024/25 registrou aumentos de 21,5% na área e de 37,6% no volume produzido, respectivamente, se comparado à temporada anterior. A área plantada no sistema foi de 394,7 mil hectares, equivalente a 22,4% do total cultivado no país. Quanto à produção, o volume obtido nesse formato de cultivo foi de 1,15

milhão de toneladas. O maior estado produtor de arroz de terras altas foi o Mato Grosso, com produção de 537,1 mil toneladas em uma área de 146,7 mil hectares e produtividade de 3,7 t/ha.

A perspectiva nacional da próxima safra de arroz (2025/26), de acordo com o 3º Levantamento da CONAB (CONAB, 2026), é de redução tanto para a produção, estimada em 11,17 milhões de toneladas, quanto para a área cultivada (1,62 milhão de hectares) e para a produtividade (6,9 t/ha). Em comparação a safra anterior, a queda percentual prevista é de 12,4%, 8,1% e 4,7%, respectivamente.

Um dos desafios do cultivo em terras baixas é seu impacto ambiental. De acordo com estudo publicado em boletim da Embrapa (2021), constatou-se que nesse sistema, sob cultivo pré-germinado (no qual há maior tempo de inundação), ocorre alta emissão de gás metano (6,2 kg CH₄ ha⁻¹ dia⁻¹), um dos gases de efeito estufa (GEE). O CH₄ possui grande capacidade de absorção de calor (radiação infravermelha), 28 vezes superior à do dióxido de carbono (CO₂), característica que eleva seu Potencial de Aquecimento Global (PAG) (MAPA/SENAR, 2020). A produção do gás metano nesse sistema advém da decomposição anaeróbica da matéria orgânica no solo, processo que favorece a fermentação e, conseqüentemente, a formação e a liberação de gases, como o CH₄ (Aulakh *et al.*, 2000).

Segundo publicação da EMBRAPA (Peixoto, 2022), o cultivo em sistema de terras altas abrange seis dos 17 Objetivos de Desenvolvimento Sustentável da ONU, sendo um deles o ODS 13 - Ação Contra a Mudança Global do Clima. Dessa forma, evidencia-se atuação da cultura para cumprimento das exigências para sustentabilidade.

Um dos fatores que alinha o cultivo de arroz de terras altas à perspectiva ecológica é a menor uso da água para produção, uma vez que não há formação de lâmina de inundação, dependendo da precipitação ou de irrigação suplementar (como pivô central). Portanto, nesse sistema, a emissão de CH₄ é praticamente nula. Ademais, o cereal produzido se enquadra no conceito de dieta sustentável, definida como aquela culturalmente aceita, economicamente justa, nutricionalmente adequada e que respeita a biodiversidade e o ecossistema local (National Academies of Sciences, Engineering, and Medicine, 2019).

O cultivo em terras altas ainda não expressa produtividade semelhante ao cultivo de terras baixas, por não propiciar condições idênticas ao habitat natural do arroz, que é o ambiente aquático. Contudo, houve significativo aprimoramento das cultivares lançadas para esse sistema, consolidando a cultura como uma opção viável para diversificação da produção de grãos. Conforme destacado por pesquisadores da EMBRAPA, houve os avanços no cultivo de arroz de terras altas ocorreram em duas frentes principais: a de ganhos genéticos, que permitiram aumento do rendimento das lavouras, e a de melhorias no manejo (Peixoto, 2022).

De acordo com Peixoto (2022), atualmente, o cultivo em terras altas, excede a função de abertura de áreas, sendo também uma excelente opção dentro do sistema de produção. Nesse sentido, a cultura possibilita a amortização dos custos empregados nessa recuperação, do mesmo modo que auxilia no suprimento da crescente demanda pelo grão (Carvalho *et al.*, 2020).

A expansão do cultivo de arroz de terras altas além de ambientalmente vantajosa é oportuna para logística de distribuição e abastecimento. A diversificação de áreas produtivas descentraliza a oferta, garantindo que o mercado consumidor seja menos afetado por intempéries climáticas que possam atingir regiões predominantemente produtoras e, conseqüentemente, comprometer a disponibilidade do alimento (Carvalho *et al.*, 2020).

2.2. Papel do melhoramento de arroz de terras altas no Brasil

De acordo com projeções das Nações Unidas, em 2080 a população mundial deverá atingir 10,3 bilhões. Estima-se que haverá um crescimento populacional significativo entre 2025 e 2054, impulsionado por países como Angola e outros oito nações africanas, que devem duplicar de tamanho até esse ano. Projeta-se que 20% do aumento esperado da população mundial ocorrerá no continente africano, e, para os próximos 30 anos, é esperado um crescimento de 79% da população da África Subsaariana. Devido às melhorias em saúde pública, medicina e nutrição, acredita-se que até 2054, a expectativa de vida mundial será de 77 anos (ONU, 2025). Diante desse cenário, de acordo com a FAO, até 2050 a demanda por alimentação humana deverá ser cerca de 60% a maior que a atual.

O arroz, por ser alimento básico e culturalmente presente na dieta de vários países, figura como um grande contribuinte para a garantia da segurança alimentar da população crescente. Assim, há necessidade de se intensificar a produtividade da cultura de maneira sustentável. O melhoramento genético é uma estratégia essencial nesse contexto, conforme demonstram Breseghello *et al.* (2011) ao estimarem o ganho genético do programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da EMBRAPA. O resultado obtido, para os 26 anos em estudo, foi um ganho médio de produtividade de 19,1 kg/ha, o que representa um aumento de 0,67% por ano. Ao se considera o recorte entre os anos de 2002 e 2009, o incremento em produtividade foi de 1,44% ao ano.

O avanço gerado pelo desenvolvimento dos programas de melhoramento de arroz de terras altas no lançamento de cultivares mais modernas (com grão longo fino e de boa qualidade,

além de adaptadas a diversos sistemas de produção), aliado ao aumento em tecnologia de manejo, possibilitou a inserção do arroz de terras altas em diversos cenários agropecuários. Um deles é a Integração Lavoura-Pecuária (ILP), na qual a cultivar BRS A501 CL, que possui tolerância a herbicidas do grupo das imidazolinonas, destaca-se no consórcio com forrageiras e na rotação com soja (Carvalho *et al.*, 2020). O controle de plantas daninhas (Castro *et al.*, 2018), a quebra da ponte verde para insetos e doenças no sistema (Nascente *et al.*, 2013) e o incremento da palhada do arroz, que aumenta a matéria orgânica no solo (Madari *et al.*, 2018), são alguns dos exemplos da vantagem da inserção do arroz nesse sistema.

São evidentes os efeitos das mudanças climáticas geradas pelo aquecimento global, como o aumento consecutivo da temperatura global e a irregularidade das chuvas. Nesse contexto, há diversas pesquisas sobre as consequências nocivas dessas alterações para a agricultura (Griffin; Jennings, 2024; CONAB, 2024; Rezaei, 2023; Távora *et al.*, 2022; FAO, 2021; Gray, 2021; EPA, s. d.). Portanto, é imprescindível que os programas de melhoramento estejam alinhados aos possíveis cenários climáticos futuros, para que sejam desenvolvidas cultivares adaptáveis às novas condições ambientais. Nesse sentido, a EMBRAPA Arroz e Feijão têm se empenhado em realizar trabalhos com arroz de terras altas visando à seleção de genótipos com tolerância ao déficit hídrico (Pereira *et al.*, 2017) e em conduzir o melhoramento genético em ambiente com estresse hídrico e altas temperaturas (Ramirez-Villegas *et al.*, 2018), como citado por Carvalho (2020).

Os principais atributos visados atualmente nos programas de melhoramento da cultura de terras altas são precocidade, produtividade, tolerância ao déficit hídrico e acamamento, além de resistência a doenças. Dentre as doenças mais expressivas na cultura destacam-se a brusone (*Pyricularia oryzae*), que pode ocorrer na folha, na panícula, no nó basal da panícula (chamada de “brusone do pescoço”) e no colmo (Borém; Nakano, 2015); mancha parda (*Bipolaris oryzae*); escaldadura (*Microdochium oryzae*); mancha de grãos (complexo de patógenos).

A fase vegetativa, que é aquela entre germinação (S1) e iniciação do primórdio floral (R0), apresenta variação quanto a sua duração, de acordo com as condições ambientais e a cultivar. No entanto na fase reprodutiva, entre R0 e a antese floral (R4), e na fase de maturação, entre R4 e plena maturação (R9), há relativa uniformidade de 30 a 35 dias entre as cultivares (Vergara, 1980 apud Borém; Nakano, 2015). Portanto, é na fase vegetativa que os melhoristas identificam materiais que se destacam quanto ao menor número de dias para atingir o estágio R0. Assim, a contabilização de dias para florescimento corresponde à avaliação de precocidade. O ciclo de desenvolvimento classifica as cultivares entre superprecoces (105 dias), precoces (106 e 120 dias), médias (121 e 135 dias) e tardias (136 e 150 dias) e muito tardias (mais de

150 dias) (Borém; Nakano, 2015).

Em parceria com a EMBRAPA Arroz e Feijão e a Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), a Universidade Federal de Lavras (UFLA) conta com o Programa de Pesquisa e Melhoramento de Arroz de Terras Altas (MelhorArroz UFLA). Desde 2013 busca selecionar linhagens que têm alta capacidade de se tornarem cultivares com recomendação específica para o estado de Minas Gerias, visando o resgate da cultura. A estrutura do programa está demonstrada na Figura 2. A fase inicial é o Ensaio de Rendimento de Famílias (ERF), que advém do ERF do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da EMBRAPA Arroz e Feijão, no qual são avaliadas progênies $F_{3:4}$. Ao serem selecionadas e selecionadas, as melhores progênies compõem a etapa de Multiplicação de Panículas (MP), em que há aumento do número de sementes das progênies $F_{4:5}$ promissoras.

Em seguida, no ensaio de Observação (OBS), realiza-se a avaliação do desempenho dos genótipos, que são fixados como linhagens $F_{4:6}$. Os que obtém melhor performance para as características visadas avançam para a fase Preliminar. Nesse momento, ocorre a implantação de campos em outras localidades com intuito de expor os materiais $F_{4:7}$ a atuação do fator ambiente em diversos locais, permitindo observar o desempenho e a interação genótipos por ambientes (GxA). As melhores linhagens integram a elite do programa ao avançarem para a última etapa: o ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU), correspondente à geração $F_{4:8}$. Dentre as linhagens que se destacarem após dois anos de avaliação no VCU, serão selecionadas as superiores para integrarem o VCU Nacional, conduzido pela EMBRAPA. Nessa fase, será possível observar a interação G x A desses genótipos em maior abrangência, visto que os experimentos serão implantados em diversos locais do país.

Figura 2: Pirâmide ilustrativa da estrutura do Programa Melhoramento de Arroz de Terras Altas da UFLA – MelhorArroz UFLA.



Fonte: MelhorArroz UFLA (2026).

2.3. Marcadores moleculares aplicados ao melhoramento do arroz

Marcadores moleculares são características, processos bioquímicos ou fragmentos de DNA que permitem a detecção de indivíduos geneticamente distintos. Dentre os tipos de marcadores genéticos utilizados em espécies vegetais estão os marcadores morfológicos, citológicos, bioquímicos e moleculares (Borém; Miranda, 2005 apud Borba, 2007). Um dos ganhos na utilização dos marcadores moleculares, além da detecção de polimorfismo de DNA no genoma, é a possibilidade de comparação entre genótipos oriundos de ambientes diferentes, tipos de tecidos e estágio de desenvolvimento distintos (Borém; Caixeta, 2016).

Os marcadores moleculares podem ser aplicados em programas de melhoramento nas fases de pré-melhoramento, melhoramento e pós-melhoramento. Na etapa de pré-melhoramento, são utilizados no estudo de diversidade genética, no auxílio à categorização e conservação de acessos em bancos de germoplasma, na criação de coleções nucleares e na construção de mapas genéticos de ligação e mapeamento comparativo. No melhoramento de plantas, alguns dos usos são a certificação de cruzamentos, seleção de genitores, predição de híbridos e seleção assistida por marcadores moleculares (SAM). Já no pós-melhoramento, são empregados na caracterização e avaliação de pureza genética de cultivares, verificação da presença de eventos transgênicos, identificação de mistura varietal e em testes de paternidade

(Borém; Caixeta, 2016).

Os marcadores do tipo microssatélite ou Sequências Simples Repetidas (*Simple Sequence Repeats* - SSR), são sequências dispostas em *tandem* presentes em regiões codantes e não codantes ao longo de todo genoma (Borém; Miranda, 2005). Caracterizam-se por serem regiões de DNA passíveis de amplificação, possuem Conteúdo de Informação de Polimorfismo (*Polymorphism Information Content* - PIC), além de serem codominantes, abundantes e multialélicos, o que contribui para sua utilização no estudo de diversidade genética (Varshney *et al.*, 2005). Flanqueando as regiões repetitivas, encontram-se sequências de DNA conservadas, o que permite a utilização de *primers* (iniciadores) para ampliações do DNA repetitivo por meio da técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) (Borém; Caixeta, 2016).

De acordo com Borba (2007), a partir de um projeto internacional, realizou-se o sequenciamento do genoma estrutural e funcional do arroz, o que possibilitou a identificação, na base de dados Gramene (www.gramene.org), de mais de 3.000 marcadores SSR descritos para a cultura. Encontra-se também nesse repositório o PanGenoma, que, na sua oitava versão, concentra 28 genomas de arroz sequenciados.

Há diversas aplicações para marcadores microssatélites na determinação da diversidade genética, como avaliação da estruturação genética entre subespécies *indica* e *japonica* (Li *et al.*, 2006 apud Borba, 2007) e verificação da heterogeneidade entre acessos de banco de germoplasma (Olufowote *et al.*, 1997 apud BORBA, 2007). Segundo estudo realizado por Nascimento *et al.* [s.d.], demonstrou-se que a caracterização com marcadores SSR com marcação fluorescente se mostrou eficaz para análise de variabilidade genética em arroz, possibilitando identificar indivíduos mais diversos para uso como fonte de variabilidade em cruzamentos.

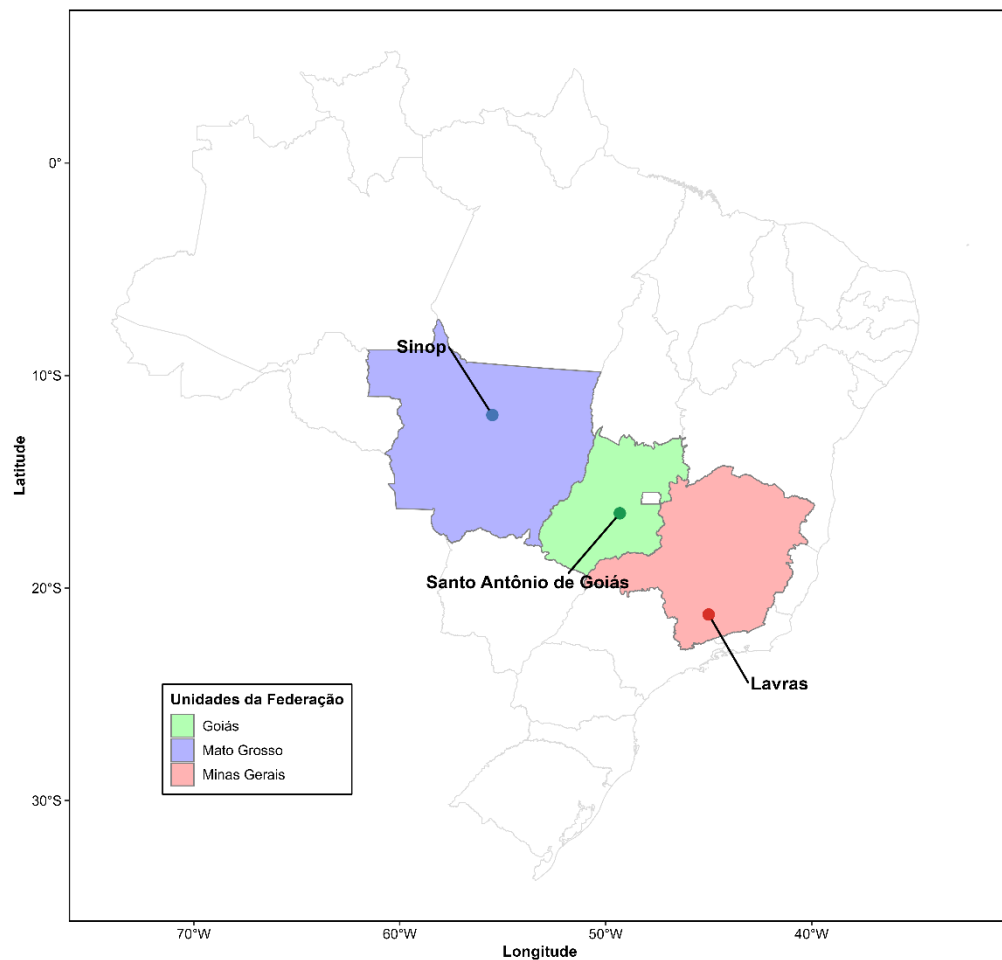
A utilização de SSRs fluorescentes permite concentrar em uma reação automatizada de PCR vários *primers*, os quais necessariamente amplificam em faixas de tamanho distintas, pré-requisito para implementação desse sistema. A eletroforese é conduzida em sequenciadores automáticos de DNA, nos quais a leitura das informações geradas é feita por meio de *lasers*, com auxílio de um marcador interno (padrão de peso molecular), que também é marcado com fluorescência e analisado juntamente com as amostras (Borba, 2007).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Locais de condução dos experimentos

Os campos experimentais do Ensaio de Rendimento de Progênes (ERF), safra 2023/24, foram implantados em três localidades: Lavras (MG), Santo Antônio de Goiás (GO) e Sinop (MT) (Figura 3). Em Santo Antônio de Goiás, em Goiás, o ERF foi implantado na Fazenda Capivara, onde localiza-se a sede da EMBRAPA Arroz e Feijão, e conduzido pela equipe de do Programa de Melhoramento Genético de Arroz de Terras Altas (Figura 3).

Figura 3: Localização dos ambientes de condução do Ensaio de Rendimento de Famílias (ERF), na safra 2023/24.



Fonte: Do autor (2025).

Em Sinop, Mato Grosso, o experimento foi conduzido pelo núcleo da EMBRAPA Arroz e Feijão alocado na EMBRAPA Agrossilvipastoril. Em Lavras, Minas Gerais, o ERF foi

conduzido pelo Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas – MelhorArroz UFLA, por meio do convênio da EMBRAPA Arroz e Feijão com a UFLA e a EPAMIG. O experimento foi implantado no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária (Fazenda Muquém) da Universidade Federal de Lavras (UFLA), que conta com um Centro de Melhoramento Genético de Plantas (CMGP) (Figura 3).

3.2. Genótipos

Foram avaliadas, na safra 2023/24, 166 progênies $F_{3:4}$ pertencentes ao ERF, originado do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da EMBRAPA Arroz e Feijão, e três testemunhas comerciais, a BRS A502, BRS A504 RH e AN Cambará. As identificações dos genótipos estão contidas na Tabela 1A, em anexo.

3.3. Condução dos experimentos

Os experimentos de campo foram conduzidos em delineamento de blocos incompletos do tipo látice quadrado parcialmente balanceado 13×13 , da categoria *resolvable*, com duas repetições. Os manejos empregados em todos os ambientes seguiram o recomendado para a cultura (Borém; Rangel; 2015), com exceção da aplicação de fungicidas e inseticidas, uma vez que a seleção de progênies resistentes as principais doenças e pragas que acometem a cultura é um dos objetivos do programa de melhoramento.

3.4. Características avaliadas

3.4.1. Número de dias para florescimento

Avaliou-se, em cada parcela, o número de dias corridos desde a semeadura até o momento em que 50% das plantas atingiram o estágio reprodutivo R3, definido como o início do florescimento, a emissão da panícula na bainha da folha bandeira.

3.4.2. Altura de plantas

O comprimento (em centímetros) compreendido entre a base da planta e a extremidade da panícula mais alta foi avaliado na fase final de desenvolvimento, com auxílio de uma régua graduada. Para isso, foram tomadas cinco plantas centrais em cada parcela, calculada a média da parcela e, posteriormente, a média da progênie.

3.4.3. Produtividade de grãos

A produtividade foi mensurada a partir da massa e do teor de umidade dos grãos colhidos, que no momento da colheita varia entre 18% a 20%, na área útil de cada parcela. Os valores foram corrigidos para umidade de 13% (Bragantini, 2006) e a produção foi extrapolada para um hectare (10.000 m²), obtendo-se a produtividade em (kg ha⁻¹).

3.4.4. Análises moleculares

Na área experimental de Lavras, foram colhidas 15 panículas de plantas individuais de cada tratamento e, posteriormente, retirou-se uma semente por panícula para compor a amostra representativa da progênie. Essas foram semeadas em *bulk* em bandejas e conduzidas em casa de vegetação no Departamento de Agricultura (DAG) da UFLA, mantidas a aproximadamente 25 °C e irrigadas ao menos uma vez por dia.

As bandejas foram manejadas até ponto em que as plântulas atingiram o estágio de quatro folhas, momento em que foram realizadas as coletas das amostras foliares. Essas foram retiradas de folhas jovens e saudáveis, cortando-se segmentos de três centímetros, que compuseram o conjunto representativo (*bulk*) das 15 plântulas de cada progênie do ERF.

O material foliar de cada genótipo foi acondicionado em envelopes de papel alumínio, devidamente identificados com a numeração da parcela, e mantidos em gelo. Após a finalização da coleta, as amostras foram armazenadas em freezer -20 °C no Laboratório de Genética Molecular do Departamento de Biologia (DBI), pertencente ao Instituto de Ciências Naturais (ICN) da UFLA.

O DNA genômico foi extraído, seguindo protocolo de extração de Doyle e Doyle (1987) com modificações propostas pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), em anexo. O tampão de extração utilizado foi composto por CTAB 2%, Tris-HCl 100 mM (pH 8,0), NaCl

1,4 M, EDTA 20 mM (pH 8,0), PVP 1% e β -mercaptoetanol 0,2%.

A quantificação e a verificação da qualidade do DNA foram realizadas em espectrofotômetro NanoDrop Lite Plus (Thermo Scientific), considerando-se a razão de absorvância a 260 e 280 nm (A260/A280) (Barbosa, 1998). Por fim, foram separadas alíquotas de 25 μ L de DNA para serem encaminhadas ao Laboratório de Biotecnologia da EMBRAPA Arroz e Feijão.

Inicialmente houve a padronização do DNA para concentração de 100 ng. Com base na concentração obtida na quantificação, calculou-se o volume de DNA a ser diluído em água ultrapura. A partir dessas amostras diluídas, organizou-se a placa matriz das reações, da qual foram retiradas as alíquotas de DNA para montagem de cada uma das três reações *multiplex*. Na sequência, procedeu-se à preparação das placas para a reação de PCR.

As amostras foram submetidas à análise com 24 microssatélites (SSRs) marcados com fluorocromos arranjados em três painéis *multiplex* com oito pares de *primers* cada (Tabelas 3, 4 e 5).

Tabela 2: Marcadores microssatélites (SSR) componentes do Pannel *Multiplex* 1, com seus respectivos intervalos de amplificação e fluorescências utilizadas.

Marcador SSR	Produto Amplificado (pb)	Fluorescência
4653	80-170	FAM
OG106	200-250	FAM
RM103	300-350	NED
RM257	104-192	NED
RM07	160-195	PET
RM287	90-135	PET
RM38	246-278	VIC
RM204	106-190	VIC

Fonte: Do autor (2025).

Tabela 3: Marcadores microssatélites (SSR) componentes do Pannel *Multiplex* 2, com seus respectivos intervalos de amplificação e fluorescências utilizadas.

Marcador SSR	Produto Amplificado (pb)	Fluorescência
RM210	115-165	FAM
RM222	200-215	FAM

RM253	90-120	NED
RM309	150-180	NED
RM171	310-344	PET
RM231	170-196	PET
RM14	160-200	VIC
OG10	80-140	VIC

Fonte: Do autor (2025).

Tabela 4: Marcadores microssatélites (SSR) componentes do Painei *Multiplex 3*, com seus respectivos intervalos de amplificação e fluorescências utilizadas.

Marcador SSR	Produto Amplificado (pb)	Fluorescência
RM207	84-158	FAM
RM252	193-277	FAM
RM11	123-145	NED
RM55	200-245	NED
OG44	160-182	PET
RM229	100-130	PET
RM248	80-110	VIC
RM263	135-220	VIC

Fonte: Do autor (2025).

A montagem das reações de amplificação dos três painéis se deu utilizando 0,2 μL água ultrapura, 2,5 μL do reagente Master Mix 2x, 0,5 μL de Q Solution 5x e 1 μL de cada par de *primer* que compõe o *multiplex* (Tabela 6).

Tabela 5: Reagentes e concentrações finais utilizados nas reações de PCR dos painéis *multiplex* de uma amostra.

Componente	Volume para 1 reação (μL)
Água ultrapura	0,2
Master Mix (2x)	2,5
QSolution (5x)	0,5
Primer 1 (10 μM)	0,1
Primer 2 (10 μM)	0,1

Primer 3 (10 μ M)	0,1
Primer 4 (10 μ M)	0,1
Primer 5 (10 μ M)	0,1
Primer 6 (10 μ M)	0,1
Primer 7 (10 μ M)	0,1
Primer 8 (10 μ M)	0,1
DNA	1
Total	5

Fonte: Do autor (2025).

Para montagem das reações, foram dispensados, nos poços da placa de PCR, 4 μ L da solução de cada painel *multiplex*, sendo acrescentado 1 μ L de DNA. Posteriormente, a placa foi vedada com material apropriado e inserida no termociclador Veriti 96-Well Thermal Cycler® (Applied Biosystems) para execução da PCR.

Tabela 6: Programa da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR).

Estágio	Temperatura	Tempo	Ciclo
1 ^a	95 °C	15 minutos	
	94 °C	30 segundos	
2 ^a	56 °C	1 minuto e 30 segundos	40 ciclos
	72 °C	1 minuto e 30 segundos	
3 ^a	60 °C	30 minutos	
4 ^a	10 °C	∞	

Fonte: EMBRAPA Arroz e Feijão (2025).

Na sequência, o produto da amplificação foi diluído utilizando 35 μ L de água milli-Q autoclavada. As amostras diluídas foram preparadas para eletroforese capilar mediante a adição de formamida Hi-Di e do marcador de peso molecular LIZ 500. Por fim, a leitura foi realizada no 3500xL® (Applied Biosystems).

Os dados obtidos por meio da fluorescência gerada pela amplificação dos *primers* foram captados e exportados para análise digital. Posteriormente, procedeu-se à genotipagem utilizando-se o *software* GeneMapper™ (Applied Biosystems). Nessa etapa, foram excluídas as ampliações inespecíficas (“ruídos”), de forma a manter somente as informações contendo fragmentos amplificados específicos e nítidos.

3.5. Análises estatísticas dos dados

3.5.1. Análises fenotípicas

Os dados oriundos dos três ambientes foram submetidos a verificação da normalidade dos resíduos pelo teste de Shapiro-Wilk ($P \leq 0,05$). Na ausência de normalidade, procedeu-se a transformação de dados. A metodologia aplicada foi a Transformação de Box - Cox (Box; Cox, 1964), na qual estima-se o parâmetro *lambda* (λ), por meio da maximização da log-verossimilhança, considerando ótimo aquele valor com o qual os resíduos da variável mais se aproximam da distribuição normal. Tal parâmetro foi estimado pelo Método da Máxima Verossimilhança (MLE), utilizando a função *powerTransform* do pacote *car* (Fox; Weisberg, 2019) no ambiente R (R Core Team, 2024).

A fórmula matemática utilizada para transformação dos dados foi:

$$Y^{(\lambda)} = \frac{X^\lambda - 1}{\lambda}, \text{ para } \lambda \neq 0$$

$$Y^{(\lambda)} = \ln(X), \text{ para } \lambda = 0$$

Em que:

$Y^{(\lambda)}$: Dado transformado;

X: Dado original cujos resíduos não seguem a distribuição normal.

λ : Parâmetro de transformação estimado.

Com dados normalizados, realizaram-se as análises de variância de cada ambiente e a análise conjunta. Nas avaliações individuais, a análise de variância (ANOVA) foi realizada utilizando a função *aov* do pacote *stats*. O teste de comparação das médias empregado foi o de Scott-Knott ($p < 0,05$) (Scott; Knott, 1974), obtido através da função *SK* do pacote *agricolae*

(De Mendiburu, 2021), ambos no ambiente computacional R. Após as análises, procedeu-se a transformação inversa das médias para a escala original, facilitando assim a interpretação dos resultados.

Nas análises individuais o modelo estatístico considerou o efeito de genótipos como aleatório. O modelo empregado foi:

$$y_{ijk} = \mu + r_k + b_{j(k)} + t_i + e_{ij(k)}$$

Em que:

y_{ijk} : Valor observado na parcela que recebeu a progênie i , na repetição k , no bloco j (dado transformado por Box-Cox);

μ : Constante associada às observações;

r_k : Efeito da repetição k ($k = 1, 2$);

$b_{j(k)}$: Efeito do bloco j na repetição k ;

t_i : Efeito fixo da progênie i ($i = 1, 2, \dots, 169$);

e_{ijk} : Efeito do erro experimental associado à observação da parcela que recebeu a progênie i , na repetição k , no bloco j , pressupondo $e_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$;

Para avaliar a precisão experimental calculou-se o Coeficiente de Variação (CV), conforme a fórmula:

$$CVe (\%) = \frac{\sqrt{QME}}{\bar{X}} \times 100$$

Em que:

QME: Quadrado Médio do Erro (obtido na ANOVA);

\bar{X} : Média geral do experimento no respectivo ambiente.

Para análise conjunta dos ambientes, empregou-se a abordagem de Modelos Lineares Mistos (LMM), adequado ao desbalanceamento dos dados e ao cálculo da interação genótipos por ambientes (G x A). Para estimação dos componentes de variância o método utilizado foi o da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). A significância dos efeitos aleatórios foi mensurada pela Análise de Deviance (ANDEV) e verificada pelo Teste da Razão de Verossimilhança (LRT - *Likelihood Ratio Test*).

Adotou-se o modelo estatístico que considerou os efeitos de ambientes e blocos como fixos, e genótipos, interação genótipos x ambientes, e erro experimental como aleatórios. A equação do modelo matricial utilizada foi:

$$y = X\beta + Z_g + W_{qs} + e$$

Em que:

y : Vetor de dados fenotípicos;

β : Vetor dos efeitos fixos;

g : Vetor dos efeitos aleatórios de genótipos;

qs : Vetor dos efeitos aleatórios da interação genótipos x ambientes;

e : Vetor de erros aleatórios (resíduos);

X, Z, W : São as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente.

Para predição dos valores genéticos, empregou-se o Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP), por meio do pacote *lme4* (Bates *et al.*, 2015). Por fim, os valores genéticos preditos foram somados à média geral do experimento e, posteriormente, realizou-se a transformação inversa para a escala original das variáveis (através da função inversa de Box-Cox), visando à melhor compreensão dos resultados.

Estimou-se a herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) baseada na média das 169 progênies para cada característica em cada ambiente. A abordagem empregada para o cálculo foi a proposta por Cullis *et al.* (2006), dada por:

$$h_a^2 = 1 - \frac{\delta_{Blup}}{2\sigma_g^2}$$

Em que:

h_a^2 : Herdabilidade média no sentido amplo;

δ_{Blup} : Desvio padrão das estimativas das médias BLUP;

σ_g^2 : Variância genética.

A partir dos BLUPs dos genótipos, foram gerados gráficos de barra para a ilustração do desempenho das progênies para as três características. Para a elaboração gráfica, utilizaram-se os pacotes *openxlsx* (Schauberger; Walker, 2023) e *tidyverse* (Wickham *et al.*, 2019), do qual

foi empregada especialmente a biblioteca *ggplot2* (Wickham, 2016), no ambiente computacional R.

A matriz de distância fenotípica das 169 progênies foi construída a partir dos valores preditos, com base na Distância Euclidiana, utilizando-se funções nativas do pacote *stats* no ambiente R.

$$d_{ij} = \sqrt{(P_i - P_j)^2 + (A_i - A_j)^2 + (F_i - F_j)^2}$$

Em que:

d_{ij} : Distância Euclidiana i e j;

$(P_i - P_j)^2$: Diferença ao quadrado entre os genótipos i e j quanto a característica produtividade;

$(A_i - A_j)^2$: Diferença ao quadrado entre os genótipos i e j quanto a característica altura;

$(F_i - F_j)^2$: Diferença ao quadrado entre os genótipos i e j quanto a característica florescimento.

Devido a diferença das escalas das características avaliadas, fez-se necessária a padronização via Z-Score, como recomendado por Cruz *et al.* (2012), no *software* estatístico R. Com base na matriz de distância, realizou-se o agrupamento pelo método Método de Grupo de Pares Não Ponderados com Média Aritmética (UPGMA). A partir desse agrupamento, foram gerados dendrogramas nos formatos circular, retangular e filogenético, utilizando o pacote *factoextra* (Kassambara; Mundt, 2020) e *Polychrome* (Coombs, 2019) no ambiente R.

Para estipulação do ponto de corte, utilizou-se o método de Mojena (1977):

$$PC = \bar{h} + k \times s_h$$

Em que:

PC: Ponto de corte;

\bar{h} : Média das alturas do dendrograma;

k : Constante;

s_h : Desvio padrão das alturas do dendrograma;

Ademais, elaborou-se um mapa de calor (*heatmap*) para representar a dissimilaridade fenotípica entre as progênies, comparando-as par a par. Para a sua construção, foram

empregados os pacotes *ggplot2* (Wickham, 2016), *reshape2* (Wickham, 2007) e *Polychrome* (Coombs, 2019) no ambiente R.

3.5.2. Análises moleculares

Os dados moleculares foram codificados com base nos polimorfismos detectados nos fragmentos amplificados, gerando uma matriz numérica de genótipos. A codificação considerou a identificação dos alelos (01, 02, 03, ... n) em cada *locus*. Desse modo, os genótipos homocigotos foram representados como 0101, 0202, 0303 ... nn, e os heterocigotos como 0102, 0103, 0203, ... nm.

A partir da matriz gerada, estimaram-se os parâmetros genéticos para cada marcador molecular: Número de Alelos por Loco (A) e Heterocigotidade Esperada (H_e). Todos os cálculos foram realizados por meio de rotinas desenvolvidas no ambiente computacional R (R Core Team, 2024), sem o emprego de pacotes adicionais.

As distâncias genéticas (dissimilaridade) entre os pares de progênies foram estimadas por meio do complemento do índice ponderado. O agrupamento das progênies foi realizado pela metodologia UPGMA e o Coeficiente de Correlação Cofenético (CCC) foi calculado para avaliar a confiabilidade dos agrupamentos, sendo ambas as análises executadas utilizando o software GENES (Cruz, 2013).

Com base na frequência alélica, gerou-se um gráfico de frequência alélica para cada marcador molecular. Ademais, a matriz de dissimilaridade foi exportada para o ambiente R a fim de gerar os dendrogramas (circular, filogenético e retangular). O ponto de corte foi estipulado em 62.35%, calculado pela metodologia de Mojena (1977). Para a visualização gráfica e distinção dos grupos, utilizaram-se os pacotes *factoextra* (Kassambara; Mundt, 2020), *ggplot2* (Wickham, 2016), *Polychrome* (Coombs, 2019).

Adicionalmente, foi gerado o mapa de calor de todo o ERF. Para os grupos formados por seis ou mais progênies, foram gerados *heatmaps* individuais com base em suas respectivas matrizes de dissimilaridade. Nessa análise, foram empregados os pacotes *pheatmap* (Kolde, 2019) e *corrplot* (Wei; Simko, 2021). Por fim, calculou-se o coeficiente de dissimilaridade média de cada um dos 21 *clusters*, a fim de verificar a diversidade genética remanescente dentro dos grupos, utilizando rotinas próprias no R, sem pacotes adicionais.

3.5.3. Comparação entre as Análises Fenotípicas e Moleculares

Para avaliar a congruência entre a diversidade genética e fenotípica das progênies do ERF, realizou-se uma análise comparativa dos agrupamentos. Foi elaborado um *tanglegram* (dendrograma espelhado), que permite visualização simultânea das estruturas de agrupamento conectadas por linhas que indicam a correspondência entre as duas análises.

O procedimento foi realizado no ambiente estatístico R (R Core Team, 2024), utilizando o pacote *dendextend* (Galili, 2015). Os dendrogramas foram construídos a partir das matrizes de distância molecular e fenotípica anteriormente obtidas, utilizando o método UPGMA. Devido à diferença amostral entre os conjuntos de dados fenotípicos (169 progênies) e moleculares (166 progênies), procedeu-se à interseção dos dados, mantendo-se para a análise comparativa apenas as 166 progênies comuns a ambas as matrizes.

A qualidade do alinhamento entre as árvores foi quantificada pelo índice de emaranhamento (*entanglement*), que varia de 0 (alinhamento perfeito) a 1 (desalinhamento total). Adicionalmente, para verificar a correlação linear entre as matrizes de distância, aplicou-se o Teste de Mantel (Mantel, 1967), utilizando o pacote *vegan* (Oksanen *et al.*, 2024) implementado no ambiente R.

4. RESULTADOS

4.1. Análises Fenotípicas

Os resultados da análise de variância conjunta para as características número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha⁻¹) avaliadas em Lavras (MG), Santo Antônio de Goiás (GO) e Sinop (MT) estão apresentados na Tabela 8.

Tabela 7: Resumo da análise de variância conjunta para as características número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha⁻¹) do ERF 2023/24, avaliado em Lavras (MG), Santo Antônio de Goiás (GO) e Sinop (MT).

	GL	P – Valor		
		NDFL	Altura de plantas	Produtividade de grãos
Ambientes	2	< 0,0001***	0,0069 **	0,0200 *
Repetições (Ambientes)	3	1,0000 ns	0,7746 ns	0,4123 ns
Blocos	72	0,0377 *	< 0,0001***	< 0,0001***
Genótipos	168	< 0,0001***	< 0,0001***	0,0004 ***
Genótipos x Ambientes	336	< 0,0001 ***	0,9997 ns	< 0,0001***
CV (%)		4,9 %	10,46 %	20,86 %
Média		76	91,6	4.563,5

Legenda: Códigos de interpretação da significância estatística: p – valor ≤ 0,001 = ‘***’; p – valor ≤ 0,01 ‘**’; p – valor ≤ 0,05 = ‘*’; GL = Graus de liberdade.

Fonte: Do autor (2026).

A fonte de variação genótipos classificou-se como significativa para as características avaliadas, demonstrando que foi detectada variância genética entre as progênies do ERF. O efeito de ambientes também foi significativo para os atributos, o que sugere que houve variação entre os locais de avaliação. A interação genótipos por ambientes (G x A) apresentou-se altamente significativa para florescimento e produtividade, em contrapartida, para altura tal efeito mostrou-se não significativo.

Segundo Pimentel-Gomes (2009), o coeficiente de variação de florescimento (4,9%) classificou-se como baixo, o que demonstra a alta precisão experimental e excelente controle

do erro ambiental. Altura (10,46%) apresentou CV médio, estimativa que não diminui a confiabilidade dos dados apresentados. O caráter produtividade de grãos apresentou maiores valores de CV, sendo estimado em 20,86%.

A média do número de dias decorridos da semeadura para o florescimento das 169 progênies do ERF foi de 76 dias. Quanto à altura de plantas, as progênies apresentaram uma média de 91.6 cm, o resultado se mostra positivo, pois plantas mais baixas possuem menor risco de acamamento, condição indesejável em um programa de melhoramento. Considerando o caráter produtividade de grãos, a média geral das progênies (4.563,5 kg. ha⁻¹) superou significativamente a média nacional da safra 2023/24 (2586,68 kg. ha⁻¹), segundo dados da CONAB (2024).

A Tabela 9 apresenta o *ranking* das 20 progênies que obtiveram estimativas menores que a média geral dos 169 tratamentos para característica NDFL e superiores à média para produtividade, elencando assim genótipos que associem precocidade e produtividade de grãos. Embora haja progênies com valores superiores à média geral para altura de plantas, nenhum deles ultrapassa um metro, limite estipulado para seleção de plantas de arroz de terras altas (Breseghello *et al*).

Tabela 8: *Ranking* das 20 progênies do ERF 2023/24 para número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha⁻¹), considerando a média conjunta dos três ambientes avaliados.

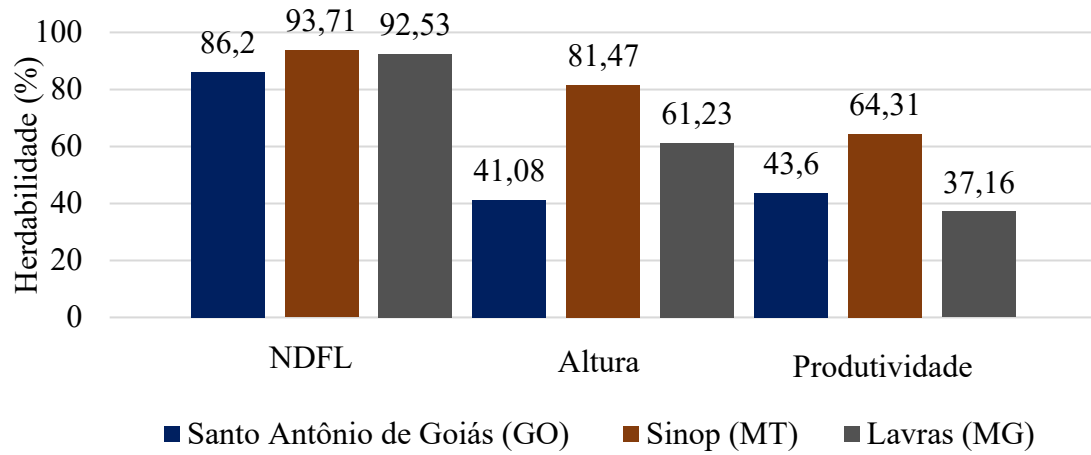
Progênies	NDFL (dias)	Altura de plantas (cm)	Produtividade de grãos (kg. ha⁻¹)
109	73,27	90,46	4613,08
99	73,67	89,95	4942,41
144	74,20	95,45	4683,07
62	74,37	91,70	4697,01
36	74,69	93,85	4897,33
145	74,72	92,27	4893,99
21	74,85	88,76	4757,37
8	74,85	95,61	4998,41
131	74,89	90,12	4963,23
159	74,97	91,36	5001,98
124	75,20	92,10	4789,71
23	75,23	95,39	4662,11

108	75,36	93,47	4739,46
37	75,38	88,54	4708,13
162	75,47	96,56	4699,01
161	75,52	93,71	4817,64
4	75,52	94,84	4675,55
61	75,52	94,71	4718,78
12	75,60	94,22	4973,28
19	75,71	90,19	4710,64
Média (20 progênes)	74,95	92,66	4797,11
Média (169 progênes)	76,30	91,60	4563,47

Fonte: Do autor (2026).

A herdabilidade no sentido amplo foi calculada a partir dos valores preditos para as características avaliadas considerando o desempenho das progênes nos três ambientes (Gráfico 1). Nota-se que para NDFL, em todos os locais, e altura de plantas em Lavras e Sinop, a herdabilidade foi alta. Ainda para altura de plantas, no ambiente de Santo Antônio de Goiás, a herdabilidade apresentou valor moderado, sugerindo relativa influência ambiental sobre a variabilidade fenotípica. Quanto à produtividade de grãos, em Lavras e Santo Antônio de Goiás as estimativas de herdabilidade podem ser consideradas baixas. Em contrapartida, em Sinop tal característica apresentou herdabilidade alta.

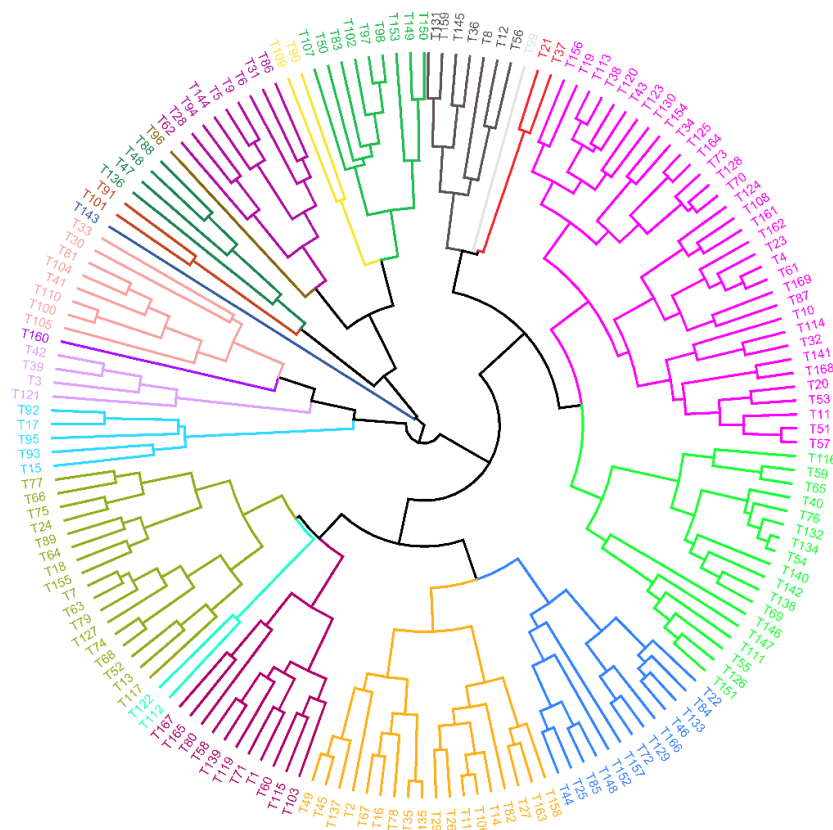
Gráfico 1: Estimativas de herdabilidade média obtidas via BLUP para número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha⁻¹) do ERF 2023/24, considerado a análise conjunta dos três ambientes.



Fonte: Do autor (2026).

Para verificação do agrupamento das progênies com maiores similaridade fenotípica para os caracteres avaliados, dendrograma circular (Figura 4). O ponto de corte, calculado segundo Mojena (1977), foi 1,4, o que proporcionou o agrupamento dos genótipos em 21 *clusters*.

Figura 4 Dendrograma circular representativo da dissimilaridade fenotípica entre as 169 progênies do ERF 2023/24, obtido pelo método UPGMA.



Legenda: As cores representam a distinção entre os agrupamentos gerados.

Fonte: Do autor (2026).

A Tabela 10 apresenta o número de genótipos que compõem cada grupo. A identificação das progênies que formam cada *cluster* se encontra no anexo (Tabela 2A), juntamente com os dendrogramas filogenético e retangular (Figuras 1A e 2A). O grupo 2 destaca-se como o mais numeroso, composto por 34 progênies, seguido de outros cinco grupos cujas composições variam de 11 a 18 progênies. Onze grupos são formados por dois a nove genótipos e outros quatro *clusters* apresentam apenas uma progênie.

Tabela 9: Número de progênies constituintes dos 21 grupos formados pelo método UPGMA, com base nos BLUP.

IDENTIFICAÇÃO DO GRUPO	NÚMERO DE COMPONENTES
1	11
2	34
3	8

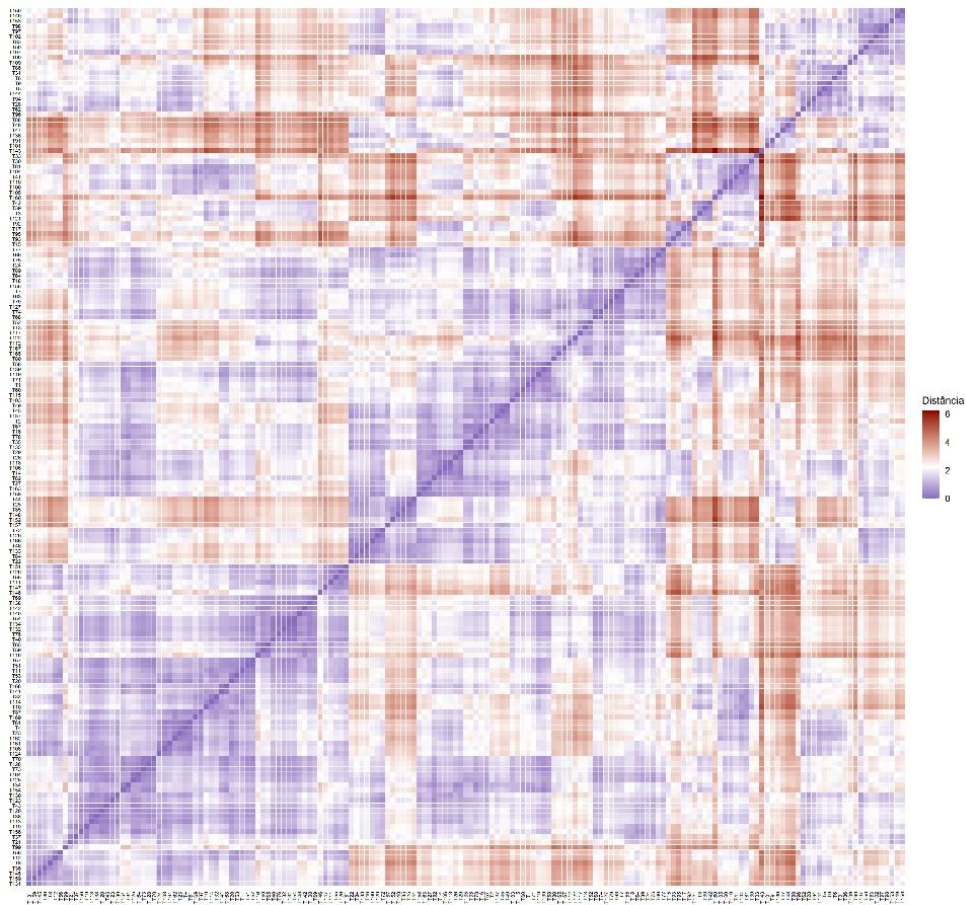
4	2
5	9
6	18
7	2
8	18
9	2
10	17
11	7
12	4
13	13
14	4
15	1
16	9
17	5
18	1
19	2
20	1
21	1

Fonte: Do autor (2026).

As testemunhas que foram avaliadas no ERF, BRS A502 (T1), BRS A504 CL (T2) e AN Cambará (T3), se agruparam nos *clusters* 1, 6 e 12, respectivamente. As 20 progênies superiores que foram apresentadas na Tabela 9 agruparam-se em seis *clusters* distintos, sendo oito dos genótipos no grupo 2, seis no *cluster* 11, dois tratamentos nos grupos 16 e 19, e uma progênie no *clusters* 7 e 21. Tal resultado evidencia que apesar de apresentarem médias altas para as características avaliadas houve dissimilaridade fenotípica entre elas.

A Figura 5 ilustra o mapa de calor, que evidencia a distância existente entre as 169 progênies quanto ao desempenho fenotípico. No mapa, há representação da distância genética de pares de tratamentos por cores. A linha diagonal do *heatmap* representa a distância de um tratamento com ele mesmo, que é zero, portanto, azul de tom mais escuro. Como houve agrupamento por similaridade, espera-se que nos mapas de calor dos grupos não haja representação de células tão distantes, ou seja, expressivamente avermelhadas.

Figura 5: Mapa de calor (*heatmap*) representativo da matriz de dissimilaridade fenotípica entre as 169 progênies do ERF 2023/24.



Legenda: Progênies distantes fenotipicamente são representados por células avermelhadas e as mais similares por células azuladas.

Fonte: Do autor (2026).

Nota-se que na região central e inferior esquerda do mapa há grandes blocos azulados e esbranquiçados, que demonstram maior similaridade fenotípica entre as progênies que estão pareadas nessa região. Em contrapartida, no restante do *heatmap* constam diversas pontuações avermelhadas, que sugerem diferentes graus de dissimilaridade entre os genótipos pareados.

4.2. Análises Moleculares

24 marcadores moleculares microssatélites utilizados para a genotipagem das 166 progênies do ERF 2023/24, 21 apresentaram boa amplificação (Tabela 11). Detectaram-se 133 alelos ao total, com variação de dois a treze alelos por *locus*. Heterozigosidade Esperada (*He*)

média foi 0,4867.

Tabela 10: Parâmetros de diversidade genética estimados para os marcadores microssatélites (SSR) avaliado nas 166 progênies pertencentes ao ERF 2023/24.

Marcadores Microssatélites	N	A	H_e	H_o
4653	159	13	0,8032	0,4591
OG10	156	6	0,6084	0,2756
OG106	158	13	0,7419	0,1329
OG44	161	8	0,4025	0,1863
RM07	153	5	0,1361	0,0588
RM103	140	5	0,6731	0,1286
RM11	159	5	0,434	0,2138
RM14	138	2	0,0286	0
RM171	150	3	0,149	0,0533
RM204	159	11	0,7562	0,3082
RM207	158	9	0,7156	0,3038
RM210	163	8	0,7653	0,2086
RM222	153	6	0,5585	0,2745
RM229	156	7	0,6978	0,2821
RM231	160	4	0,3946	0,1375
RM252	160	3	0,0248	0
RM253	160	4	0,5447	0,2562
RM263	162	5	0,5866	0,1358
RM287	153	7	0,0828	0,0458
RM309	164	2	0,4438	0,189
RM38	100	7	0,673	0,18
Média	153	6	0,4867	0,1824
Total	-	133	-	-

Legenda: N = Número de progênies em que o microssatélite mapeou algum alelo; A = Número de alelos amplificados por *locus*; H_e = Heterozigosidade Esperada; H_o = Heterozigosidade Observada.

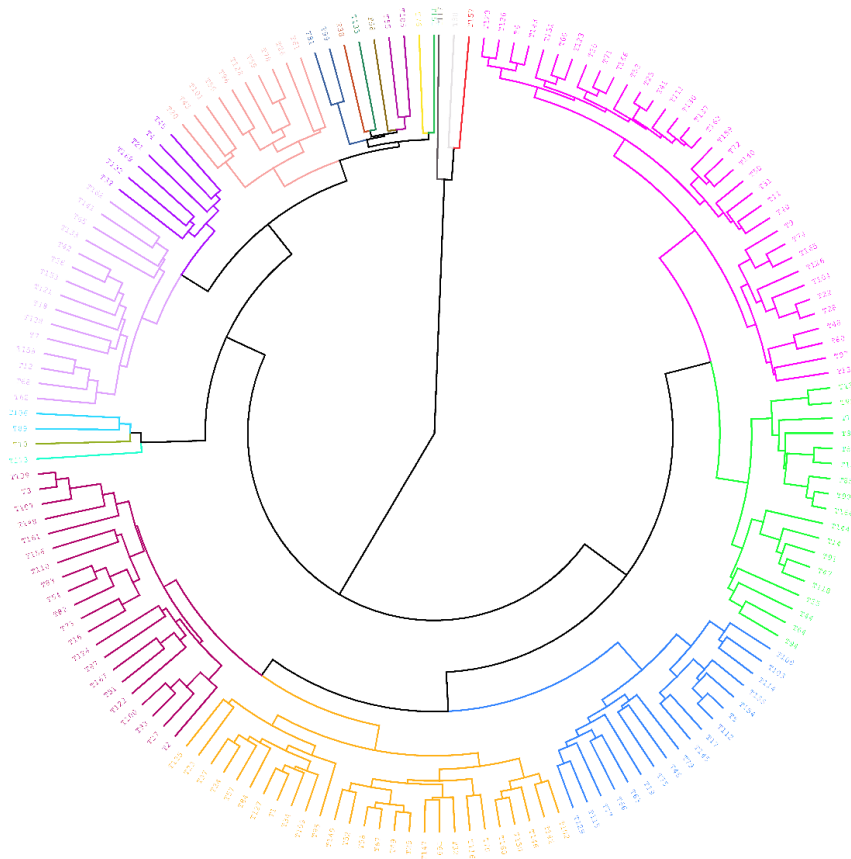
Fonte: Do autor (2026).

A matriz de distância (dissimilaridade) foi obtida por meio do complemento do índice ponderado, utilizando o software GENES. Com base na matriz, foi gerado, através da metodologia UPGMA, um dendrograma circular (Figura 6). A classificação de grupos foi calculada pela metodologia de Mojena (1977), que estipulou o ponto de corte em 62,35%. Assim, as 166 progênies foram divididas em 21 grupos de acordo com a similaridade genética entre elas, baseada em marcadores moleculares. A separação é evidenciada na Figura 6 pela distinta coloração entre os agrupamentos. As identificações dos tratamentos que se agruparam em cada *cluster* estão evidenciadas na Tabela 2A, em anexo.

É possível notar que alguns grupos são compostos por apenas uma progênie, que se

diferenciou geneticamente das demais, e outros grupos englobam maior número de progênes, que têm relativo grau de similaridade entre si. Essas informações são ressaltadas na Tabela 12, e por meio dos dendrogramas retangular e filogenético (Figuras 3A e 4A, respectivamente), que se encontram no anexo.

Figura 6 : Dendrograma circular representativo da dissimilaridade genética entre as 166 progênes do ERF 2023/24, obtido pelo método UPGMA.



Fonte: Do autor (2026).

Essa variabilidade foi evidenciada no número grande de grupos formados, ilustrados nos dendrogramas (Figuras 6, 3A e 4A). A Tabela 12 demonstra a expressiva variação número de tratamentos que compõe cada um dos 21 grupos. O grupo 5 é formado por 35 progênes, sendo o maior em número. Outros 10 grupos são formados por apenas uma progênie.

Tabela 11: Distribuição das progênes constituintes dos 21 grupos formados pelo método UPGMA, com base na matriz de distância genética.

IDENTIFICAÇÃO DO GRUPO	NÚMERO DE COMPONENTES
1	27
2	21
3	6
4	18
5	35
6	15
7	18
8	1
9	10
10	1
11	2
12	1
13	1
14	2
15	1
16	2
17	1
18	1
19	1
20	1
21	1

Fonte: Do autor (2026).

Para a análise de coeficiente de dissimilaridade, foram empregados apenas os 11 grupos compostos por 6 ou mais progênies, por se tratar de uma análise que compara a diversidade existente entre as progênies que se agruparam (Tabela 13). É possível identificar, portanto, dentro de quais grupos ainda há relativa expressão da diversidade genética.

Nota-se que o grupo 3, cujo coeficiente de dissimilaridade é 0,6467, ainda preserva maior variabilidade dentre as progênies que o compõem. O grupo 5, que é o maior quanto ao número de tratamentos, possui a menor taxa de dissimilaridade (0,3098), o que sugere que as 35 progênies que o constituem são similares geneticamente.

Tabela 12: Coeficiente de dissimilaridade genética média dos grupos compostos por duas ou mais progênies.

IDENTIFICAÇÃO DO GRUPO	NÚMERO DE PROGÊNIES	COEFICIENTE DE DISSIMILARIDADE MÉDIA
1	27	0,4018
2	21	0,5309
3	6	0,6467
4	18	0,5059
5	35	0,3098

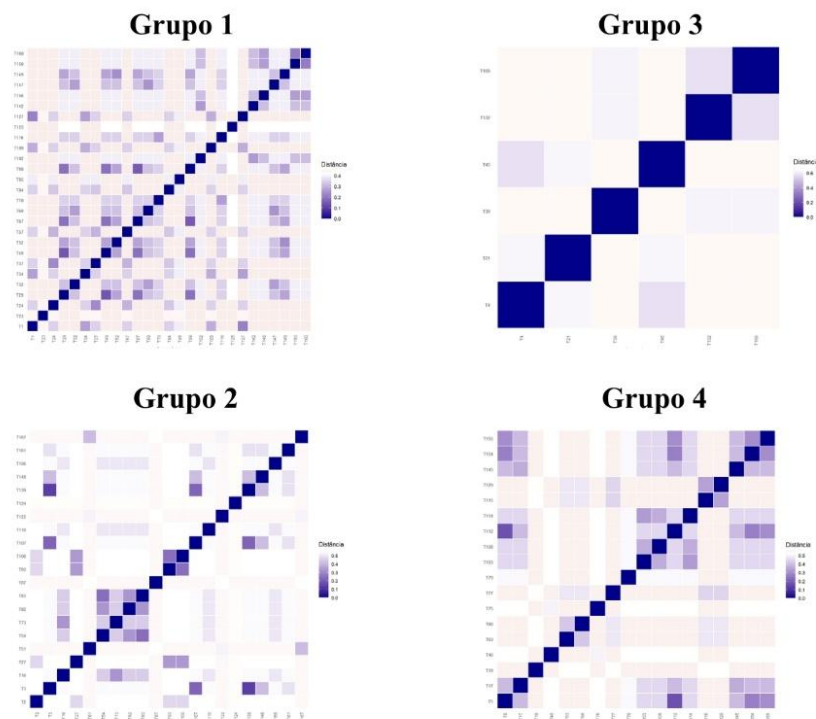
6	15	0,5398
7	18	0,4272
9	10	0,5443

Fonte: Do autor (2026).

Essa variabilidade é mais bem observada nas Figuras 7 e 8, que apresentam os mapas de calor (*heatmaps*) desses oito grupos. Na Figura 7 estão representados os mapas de calor dos *clusters* 1, 2, 3 e 4. Os grupos 1, 2 e 4 são compostos por 27, 21 e 18 progênies, respectivamente. Embora sejam maiores, os *clusters* são mais similares entre si, quando comparados ao grupo 3, que é composto por apenas seis progênies. O coeficiente de dissimilaridade desse grupo é 0,6, que o classifica como o mais diverso entre todos os agrupamentos.

Os tons acentuadamente mais brancos e avermelhados das células do *heatmap* do *cluster* 3 expressam a maior dissimilaridade genética entre os tratamentos. A presença de tons esbranquiçados e ligeiramente arroxeados nos mapas dos grupos 2 e 4, e tons ainda mais azulados no grupo 1, refletem maior similaridade entre as progênies desses *clusters*.

Figura 7: Mapas de calor (*heatmaps*) dos grupos 1, 2, 3 e 4 representando a dissimilaridade genética existente entre as progênies do ERF 2023/24 que compõem os respectivos grupos.

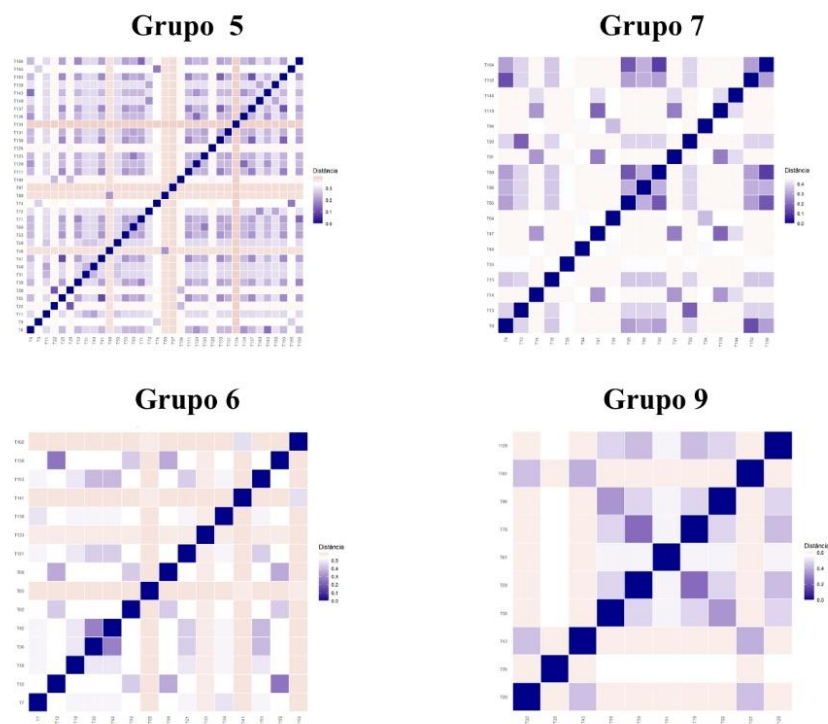


Fonte: Do autor (2026).

A Figura 8 ilustra os *heatmaps* dos grupos 5, 6, 7 e 9. O *cluster* 5, o mais numeroso e o

menos diverso entre todos os *clusters*, é composto por 35 progênies dissimilares entre si em 0,3. A predominância de tons azulados no mapa de calor corrobora tal evidência. Os grupos 6, 7 e 9, formados por 15, 18 e 10 tratamentos, respectivamente, apresentam maior grau de dissimilaridade entre si, com seus coeficientes variando entre 0,4 e 0,5. A presença de células esbranquiçadas e levemente avermelhadas nesses *heatmaps* evidenciam a maior dissimilaridade presente nesses *clusters*.

Figura 8: Mapas de calor (*heatmaps*) dos grupos 5, 6, 7 e 9 representando a dissimilaridade genética existente entre as progênies do ERF 2023/24 que compõem os respectivos grupos.



Fonte: Do autor (2026).

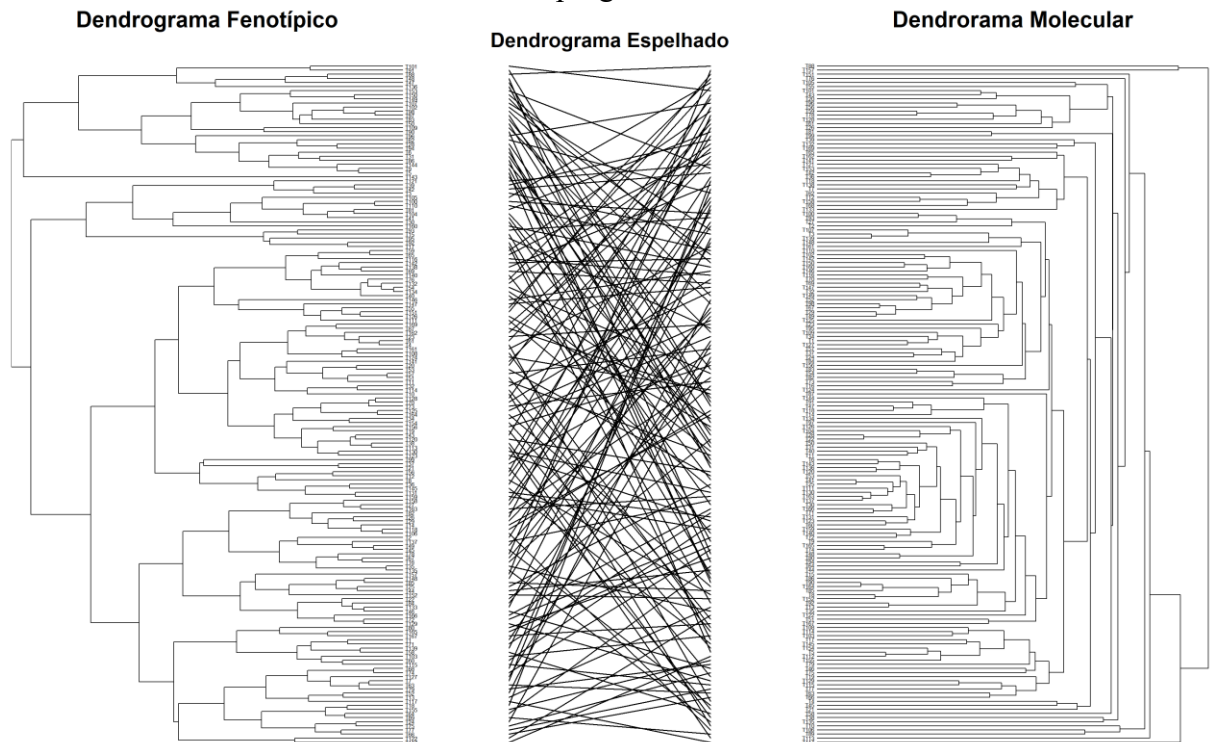
4.3. Comparação entre as Análises Fenotípicas e Moleculares

O dendrograma espelhado (*tanglegram*) revelou uma divergência acentuada entre o dendrograma fenotípico e o molecular, evidenciado pelo entrelaçamento complexo entre as linhas que conectam os agrupamentos. Essa observação visual foi confirmada pelo índice de emaranhamento (*entanglement*) de 0,402, demonstrando um alinhamento insatisfatório entre os grupos formados pelas duas análises.

Estatisticamente, a ausência de congruência foi ratificada pelo Teste de Mantel (999

permutações). O coeficiente de correlação obtido foi próximo de zero (-0.02145), com p-valor de 0.694. Considerando o nível de significância de 5%, não se rejeita a hipótese nula, confirmando a independência entre as distâncias genéticas e fenotípicas.

Figura 9: Dendrograma espelhado (*tanglegram*) confrontando os agrupamentos fenotípicos e moleculares das 166 progênies do ERF 2023/24.



Fonte: Do autor (2026).

Diante da independência verificada entre as distâncias genéticas e fenotípicas, adotou-se uma estratégia de seleção simultânea visando conciliar alto desempenho agrônomico e manutenção da variabilidade. Para tanto, analisou-se a distribuição das 20 progênies superiores (identificadas a partir da ANOVA conjunta) dentro dos agrupamentos moleculares previamente gerados. A classificação dessas progênies elite em relação aos *clusters* genéticos é apresentado na Tabela 14.

Tabela 13: Distribuição das 20 progênies superiores do ERF 2023/24 nos grupos formados pela análise molecular.

Grupo (Molecular)	Progênies	Classificação (Fenotípica)
1	T109	1º

	T23	12°
	T37	14°
2	T124	11°
	T161	16°
3	T21	7°
	T4	17°
	T145	6°
4	T108	13°
	T19	20°
5	T131	9°
	T159	10°
	T62	4°
6	T36	5°
	T162	15°
	T12	19°
7	T144	3°
	T8	8°
9	T61	18°
14	T99	2°

Fonte: Do autor (2026).

A distribuição das 20 progênies superiores em nove agrupamentos moleculares distintos evidencia a existência de variabilidade genética remanescente no estrato, favorecendo a seleção de genótipos que aliam alto desempenho e divergência genética. Um indicativo promissor dessa diversidade é o fato das quatro primeiras colocadas do ranking (T109, T99, T144 e T62) terem sido alocadas em grupos completamente distintos (Grupos 1, 14, 7 e 6, respectivamente).

Quanto à frequência de alocação, o grupo 6 concentrou o maior número de genótipos (4), seguido pelos grupos 1 e 4 (3 genótipos cada) e pelos grupos 2, 3, 5 e 7 (2 genótipos cada). Em contrapartida, os *clusters* 9 e 14 foram representados por apenas uma progênie cada. Neste contexto, destaca-se a progênie T99: sua 2ª colocação no *ranking* geral, aliada ao seu isolamento no grupo 14, evidencia um genótipo que combina alto desempenho agrônomico com uma constituição genética singular frente às demais progênies.

5. DISCUSSÃO

Os resultados fenotípicos demonstraram que há diversidade genética a ser explorada entre as 169 progênies pertencentes ao experimento ERF (Tabela 8). O coeficiente de variação (CV) mensurado na análise de variância expressa a precisão experimental, tendo as características NDFL (4,9%) e altura de plantas (10,46%) obtidos coeficientes baixo e intermediário, respectivamente (Pimentel-Gomes, 2009).

Segundo classificação proposta para cultura de arroz por Costa *et al.* (2002), coeficientes de variação entre 12,20% e 27,90% são classificados como médio para produtividade de grãos. Desse modo, o resultado obtido (20,86%) para tal característica encontra-se nessa faixa, sugerindo precisão experimental e confiabilidade dos resultados obtidos. Esse resultado é corroborado por outros trabalhos da literatura, que classificam a estimativa também como média precisão experimental (Garcia, 1989; Amaral *et al.*, 1997).

A detecção de significância estatística aliada às magnitudes das estimativas médias expressas para NDFL, altura de plantas e produtividade de grãos sugere, a princípio, a existência de variabilidade genética para a seleção de genótipos precoces, de baixa estatura e produtivos. O efeito ambiente também se mostrou significativo estatisticamente, refletindo os diferentes efeitos das localidades no desempenho fenotípico das progênies.

A interação G x A foi significativa para NDFL e produtividade de grãos, e não significativa para altura de plantas (Tabela 8). Tal resultado demonstra que a expressão fenotípica para NDFL e produtividade, ou seja, a resposta das progênies às variações ambientais de Lavras, Santo Antônio de Goiás e Sinop não foi coincidente. Isso reduz a inferência sobre correlação direta entre o fenótipo e o genótipo das plantas (Borém *et al.*, 2021), visto que, ocorrência de interação GxA, considerável parcela do fenótipo observado não tem sua origem na variância genética entre as plantas, mas sim na variância ambiental. Em contrapartida, o resultado obtido para altura, indica maior estabilidade das progênies nos diferentes ambientes para essa característica.

De acordo com Bradshaw (1965 apud Borém *et al.*, 2021, p 94), a heterozigose dos genótipos é inversamente proporcional à sua plasticidade fenotípica aos diferentes ambientes. Desse modo, é plausível supor que progênies em gerações iniciais, como o ERF, que está em F_{3:4}, possuem menor plasticidade fenotípica, portanto, comportamento mais variável às diferenças de ambiente.

Aproveitar-se da interação genótipos por ambientes, como cita Chaves (2001, p 675 apud Ramalho *et al.*, 2024, p 326), é extremamente relevante no processo de seleção, pois

garante que sejam selecionados genótipos testados em diferentes locais, possibilitando a ampliação da recomendação desses. Tal pensamento corrobora a relevância dos resultados apresentados na Tabela 9, que exhibe o ranking das 20 progênies superiores para as características avaliadas nos três ambientes. O ranqueamento priorizou as variáveis NDFL e produtividade de grãos, visando a seleção de genótipos mais próximos ao ideótipo de progênies precoces e produtivas.

As 20 progênies estão abaixo da média de número de dias para florescimento e acima da média de produtividade de grãos, obtidas pelos 169 genótipos avaliados (Tabela 9). Embora haja genótipos mais altos do que a média geral, todos são inferiores a um metro, valor médio indicado para reduzir chances de acamamento (Breseghello *et al.*, 2006; Berchembrock *et al.*, 2019; Berchembrock *et al.*, 2025).

Desse modo, essas progênies mostram-se promissoras para o processo de seleção e avanço. Os tratamentos 109, 99, 144, 62 e 36, que são, respectivamente, os cinco genótipos superiores do *ranking*, são mais precoces que a BRS A502, uma das cultivares amplamente plantada (EMBRAPA, 2020). Vale ressaltar, que tais progênies apresentaram maiores estimativas de produtividade de grãos do que a média nacional na safra 2023/24 para a cultura do arroz de terras altas (CONAB, 2024). Tais evidências confirmam o potencial existente dentre as progênies do ERF para seleção de linhagens promissoras.

A variância fenotípica observada entre as progênies na ANOVA foi mais bem explicada pelo cálculo da herdabilidade no sentido amplo para as características nos três ambientes (Gráfico 1). Evidenciou-se pelos altos valores de herdabilidade que, para a característica NDFL, em todas as localidades avaliadas, a variância fenotípica observada é substancialmente explicada pela variância genética entre as progênies. Portanto, demonstrou-se que para precocidade houve pouca influência da variância ambiental na expressão do fenótipo, fato importante para o sucesso da seleção.

Quanto à altura, as herdabilidades foram oscilantes entre os ambientes. Em Lavras, a estimativa verificada para a variável foi 61,23, o que demonstra influência ambiental na variância fenotípica observado com validação em precisão experimental regular, pois o coeficiente classificou-se como médio. Para Santo Antônio de Goiás e Sinop os cenários foram opostos. No primeiro ambiente a herdabilidade (41,08) foi baixa, demonstrando que houve grande efeito ambiental na expressão fenotípica para altura nesse local. Em Sinop, a herdabilidade verificada foi alta (81,47), traduzindo que a manifestação da variância fenotípica da característica nesse local foi essencialmente de origem genética, havendo pouca influência ambiental.

Por último, a herdabilidade da característica produtividade mostrou-se baixa em Lavras

e Sto. Antônio de Goiás (37,16 e 43,6, respectivamente). Valores de herdabilidade baixos para produtividade são comuns, por se tratar de uma característica quantitativa, ou seja, controlada por muitos genes e com grande influência ambiental. Portanto, é esperado que a variância fenotípica exibida pelas progênes seja em menor parte advinda da variância genética e em maior proporção da variância ambiental. No entanto, em Sinop a herdabilidade verificada foi 64,31, relativamente alta, sugerindo que grande parte da variância fenotípica é de origem genética.

As progênes estão relativamente distribuídas entre *clusters*, estando 65,7% delas concentradas em 6 grupos formados por mais de 10 tratamentos. Tal dado evidencia que mais de 50% dos genótipos estão agrupados em menos da metade dos *clusters* formados. Isso sugere que embora tenham sido formados muitos *clusters*, grande parte dos tratamentos obtiveram desempenho significativamente semelhante, se agrupando de acordo com a similaridade entre elas. Há apenas um *cluster* mais numeroso, o grupo 2, formado por 34 progênes. Outros quatro grupos (16, 18, 20 e 21) são formados por apenas uma progênie, que despontam, individualmente, quanto a dissimilaridade fenotípica dessas.

A diversidade genética é imprescindível nas fases iniciais dos programas de melhoramento genético, pois atua como fonte de variabilidade na seleção de progênes e provê ganho genético em gerações subsequentes (Swarup *et al.*, 2021; Borém, 2021). Explorar a diversidade é uma das estratégias na busca por genótipos promissores, com adaptação a múltiplos ambientes, possibilitando uma recomendação abrangente das cultivares (Singh, 2022; Ramalho *et al.* 2024, Swarup *et al.*, 2021).

Dentro dessa demanda, os microssatélites são ferramentas amplamente empregadas no estudo de diversidade genética devido ao polimorfismo e à codominância, características intrínsecas a esses marcadores. Dessa forma, consolidaram-se como uma estratégia essencial em suporte ao melhoramento convencional, ao permitir maior precisão na seleção (Ferreira; Grattapaglia, 1998 apud Borba, 2007; Borba *et al.*, 2009a; Borba *et al.*, 2009b; Moretti *et al.*, 2025).

Fundamentar a seleção apenas no desempenho fenotípico das progênes em um único ambiente, mesmo nas gerações iniciais dos programas de melhoramento impõe riscos significativos de estreitamento da base genética ao longo das etapas de seleção, resultando em insucesso na recomendação de cultivares adaptadas e estáveis a múltiplos ambientes.

No presente trabalho, avaliaram-se progênes F_{3:4} pertencentes ao ERF, em apenas um ambiente, para seleção e avanço do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da UFPA. Nesse contexto, a análise de diversidade genética com emprego dos marcadores SSR

consolida-se como uma alternativa viável para auxiliar a seleção, mitigando o risco associado à avaliação em ambiente único.

Verificou-se que, o ERF, mesmo sendo oriundo de cruzamentos biparentais, apresentou expressiva diversidade genética, que foi evidenciada na divisão das progênies em 21 grupos, como observado nos dendrogramas (Figuras 6, 3A e 4A). Nota-se que há variabilidade considerável para seleção entre as 166 progênies, demonstrado de forma evidente pelos 10 dos grupos compostos individualmente por apenas 1 progênie (Tabela 12). Essas podem, portanto, serem consideradas significativamente distintas entre si e das demais. Como trata-se de marcadores não associados a QTLs (*Quantitative Trait Locus*) específicos ou genes de interesse, não é possível inferir sobre quais são as causas exatas de tamanha diferenciação entre esses genótipos.

Como evidenciado por Castro *et al.* (2005 apud Borba *et al.* 2009a), a partir de 1980 houve significativa redução nos ganhos genéticos para produtividade nos experimentos de linhagens elite em programas de melhoramento de arroz de terras altas. Uma explicação possível para tal ocorrência é o frequente uso de genitores geneticamente similares nos cruzamentos, o que reduziu a variabilidade genética disponível para seleção (Tanksley; McCouch, 1997; Borba *et al.* 2009a). Tal argumento é embasado na pesquisa realizada por Rangel *et al.* (1996 apud Borba *et al.* 2009a), na qual relatam que aproximadamente 70% do *pool* gênico das cultivares de arroz de terras altas lançadas entre os anos de 1980 e 1992 advinham de apenas sete genitores.

Ao avaliar individualmente a distância genética de cada um dos grupos formados por seis ou mais progênies, ilustrados nos mapas de calor (Figuras 7 e 8), verificou-se que, mesmo após o agrupamento, alguns *clusters* mantiveram relativa diversidade. Portanto, pode-se inferir que a seleção dentro não reduziria drasticamente a variabilidade genética, pois suas progênies ainda mantêm distância genética. Tal estratégia mostra-se eficiente, conforme elucidado por Oliveira *et al.*, (2020) em seu trabalho que obteve agrupamentos por coeficiente de dissimilaridade genética, a partir dos quais pode identificar genótipos diversos a serem selecionados para avanço no programa de melhoramento.

Em contrapartida, o *cluster* 5, embora mais numeroso, apresentou menor coeficiente de dissimilaridade (0,3098) (Tabela 13). Tal resultado sugere que as 35 progênies pertencentes ao grupo são similares entre si, indicando uma base genética mais restrita dentro do conjunto. O que sugere, portanto, que a seleção de genótipos dentro desse *cluster* causaria redução da variabilidade em etapas subsequentes (Borém *et al.*, 2021 p 218; Swarup *et al.*, 2021).

Dessa forma, evidencia-se que a integração entre estudos de diversidade genética e

avaliações fenotípicas amplia significativamente o embasamento para a tomada de decisão no melhoramento genético. A seleção baseada exclusivamente em caracteres fenotípicos, por exemplo, poderia favorecer a escolha de um elevado número de indivíduos do grupo 5, configurando um risco estratégico, uma vez que tal prática pode conduzir à redução precoce da variabilidade genética. Em contraste, a utilização de progênies pertencentes ao grupo 3 implicaria menor comprometimento dessa variabilidade, visto que esse *cluster* é composto por indivíduos geneticamente mais divergentes entre si.

Integrando as análises fenotípicas e moleculares, o *tanglegram* (dendrograma espelhado), evidenciou a ausência de congruência entre os padrões de agrupamentos (Figuras 4 e 6). Não houve evidência de genótipos agrupados de forma consistente em ambas as abordagens. Tal resultado indica, portanto, que perfil molecular baseado nos marcadores utilizados não reflete a variabilidade fenotípica das características agrônômicas mensuradas nas progênies, o que demonstra a grande complexidade inerente ao melhoramento genético vegetal, sobretudo em gerações iniciais, onde a variabilidade genética presente é proeminente.

Diante dessa divergência, não é possível fundamentar a seleção de progênies baseando-se exclusivamente em uma ou outra fonte de dados, visto que o objetivo do programa é obter genótipos que aliem diversidade genética e médias altas. Para contornar essa limitação, associou-se as *ranking* das 20 progênies de melhor desempenho fenotípico aos seus respectivos grupos moleculares (Tabela 14), promovendo uma caracterização mais robusta desses genótipos para seleção (Collard *et al.*, 2005).

Através dessa comparação, os 20 genótipos superiores distribuíram-se em nove *clusters* moleculares, o que possibilitou a seleção de ao menos uma progênie em cada um desses grupos. Destaca-se a divergência entre os quatro primeiros colocados na classificação fenotípica, que foram agrupados em *clusters* genéticos distintos. Tal constatação, permite elegê-las como potenciais progênies a serem selecionadas.

Essa abordagem possibilita seleção assertiva de genótipos que compartilham médias altas e pertençam a *clusters* genéticos distintos (Xu; Crouch, 2008). Tal estratégia é fundamental para evitar o estreitamento da base genética do programa MelhorArroz UFLA, assegurando a seleção de progênies promissoras sem comprometer a diversidade necessária para ciclos futuros de seleção.

6. CONCLUSÕES

A partir do estudo da diversidade genética e fenotípica de progênies segregantes pertencentes ao Ensaio de Rendimento de Famílias (ERF) do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras – MelhorArroz UFLA, foi possível identificar e selecionar genótipos que associam alta variabilidade genética e bom desempenho agrônômico.

A seleção pautada pela comparação e associação entre o *ranking* de desempenho fenotípico e dos grupos moleculares correspondentes, possibilita selecionar ao menos nove progênies geneticamente divergentes e com médias altas para as características de interesse agrônômico.

7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A pesquisa realizada reforça a relevância do uso de ferramentas moleculares associadas à fenotipagem para o aumento da eficiência do processo de seleção. Tais instrumentos otimizam o trabalho do melhorista, uma vez que a análise combinada desses dados propicia um mapeamento amplo da diversidade genética e fenotípica presente no programa de melhoramento.

Os resultados obtidos pelas análises fenotípicas e moleculares evidenciam a diversidade existente no Ensaio de Rendimento de Famílias. No presente trabalho, a não coincidência dos agrupamentos de ambas avaliações sugere a necessidade de comparação e estudo individual entre os resultados para seleção de progênies promissores. A partir da identificação dos 20 genótipos superiores e a localização desses no agrupamento molecular, foi possível selecionar ao menos nove progênies diversas e com medias altas para as características de interesse agrônômico.

REFERÊNCIAS

- ABADAM, Vidalina. **Rice - rice sector at a glance**. Disponível em: <https://www.ers.usda.gov/topics/crops/rice/rice-sector-at-a-glance>. Acesso em: 3 jan. 2026.
- AGÊNCIA IBGE NOTÍCIAS. **POF 2017-2018: brasileiro ainda mantém dieta à base de arroz e feijão, mas consumo de frutas e legumes é abaixo do esperado**. 21 de ago. de 2020. Editoria: Estatísticas Sociais. Disponível em: <https://agenciadenoticias.ibge.gov.br/agencia-sala-de-imprensa/2013-agencia-de-noticias/releases/28646-pof-2017-2018-brasileiro-ainda-mantem-dieta-a-base-de-arroz-e-feijao-mas-consumo-de-frutas-e-legumes-e-abaixo-do-esperado>. Acesso em: 20 de jan. de 2025.
- ALMEIDA, I.R.; EMYGDIO, B. M.; ROSA, A. P. S. A.; OLIVEIRA, A. C. B. **Cultivo de soja e milho em terras baixas do Rio Grande do Sul**. Embrapa, Brasília, 2017.
- ALVES, N. B. **Avanço do programa de melhoramento genético de arroz de terras altas e ganhos para resistência a doenças fúngicas**. 2018. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2018.
- AMARAL, A.M. do; MUNIZ, J.A.; SOUZA, M. de. **Avaliação do coeficiente de variação como medida da precisão na experimentação com citros**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.32, n.12, p.1221-1225, dez. 1997.
- AULAKH, M. S.; WASSMANN, R.; RENNENBERG, H. Methane transport capacity of rice plants. I. Influence of methane concentration and growth stage analyzed with an automated measuring system. In: WASSMANN, R.; LANTIN, R. S.; NEUE, H. U. (Ed.). **Methane emissions from major rice ecosystems in Asia**. Dordrecht: Springer, 2000. p. 69–83. (Developments in Plant and Soil Sciences, v. 91).
- BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE ARROZ E FEIJÃO. **Embrapa Rice and Beans**. Web Content Display. *Online*. Disponível em: [https://www.embrapa.br/en/arroz-e-feijao/infraestrutura/banco-ativo-de-germoplasma#:~:text=Criado%20em%201975%2C%20o%20Banco,de%20arroz%20\(Oryza%20spp.\)](https://www.embrapa.br/en/arroz-e-feijao/infraestrutura/banco-ativo-de-germoplasma#:~:text=Criado%20em%201975%2C%20o%20Banco,de%20arroz%20(Oryza%20spp.)). Acesso: 07, out e 2024.
- BARBOSA, M. M. **Quantificação e controle da qualidade do DNA genômico**. In: MILACH S. C. K. (Ed). Marcadores moleculares em plantas. Porto Alegre, 1998. p. 99- 106.
- BARROS, R. P. de. **Arroz de terras altas sob irrigação no Cerrado pode complementar abastecimento no País**. 5 mar. 2024. Disponível em: <https://www.embrapa.br/en/busca-de>

noticias/-/noticia/87246835/arroz-de-terras-altas-sob-irrigacao-no-cerrado-pode-complementar-abastecimento-no-pais. Acesso em: 12 jan. 2026.

BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. **Fitting linear mixed-effects models using lme4**. Journal of Statistical Software, v. 67, n. 1, p. 1-48, 2015. DOI: 10.18637/jss.v067.i01. Disponível: <https://www.jstatsoft.org/article/view/v067i01>

BERCHEMBROCK, Y. V.; GUEDES, I.; SIMÕES, J. M. G.; CASTRO, A. P. de; BOTELHO, F. B. S. **CMG1590: genótipo de arroz de terras altas com potencial agrônômico para minas gerais**. XIII Congresso Brasileiro de Arroz Irrigado. Pelotas, 2025. Disponível em: <https://sosbai.com.br/uploads/trabalhos/cmg1590-genotipo-de-arroz-de-terras-altas-com-potencial-agronomico-para-minas-gerais_681.PDF>. Acesso em: 23 jan. 2026.

BERCHEMBROCK, Y. V.; LIMA, I. P. de; TOMÉ, L. M.; CARDOSO, F. P.; MARANHÃO, W. A.; OLIVEIRA, T. V. S. de; SILVA, G. A. de M. BOTELHO, F. B. S. **Avaliação de linhagens elites de arroz de terras altas para o estado de minas gerais**. XI Congresso Brasileiro de Arroz Irrigado. Resumo expandido. Balneário Camboriú, 2019. Disponível em: <https://www.sosbai.com.br/uploads/trabalhos/avaliacao-de-linhagens-elites-de-arroz-de-terras-altas-para-o-estado-de-minas-gerais_908.pdf>. Acesso em: 23 jan. 2026.

BIOVERSITY INTERNATIONAL, IRRI E AFRICARICE. **Descritores para arroz silvestre e cultivado (*Oryza spp.*)**. Bioversity International, Roma, Itália; International Rice Research Institute, Los Baños, Filipinas; AfricaRice, Centro de Arroz da Africa, Cotonou, Benin, 2011.

BORBA, T. C. de O. **Diversidade genética e mapeamento associativo para produção e qualidade de grão dos acessos melhorados da coleção nuclear de arroz da EMBRAPA**, 2007. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás -Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, 2007.

BORBA, T. C. de O.; BRONDANI, R. P.; RANGEL, P. H.; BRONDANI, C. **Microsatellite marker-mediated analysis of the EMBRAPA Rice Core Collection genetic diversity**. Genetica, v. 137, n. 3, p. 293–304, 9 jul. 2009a. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19588255/>

BORBA, T. C. de O.; MENDES, C. dos A.; GUIMARÃES, E. P.; BRUNES, T. O.; FONSECA, J. R.; BRONDANI, R. V.; Claudio BRONDANI, C. **Genetic variability of Brazilian rice landraces determined by SSR markers**. EMBRAPA, Brasília, v.44, n.7, p.706-712, jul. 2009. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/AI-SEDE-2010/46943/1/44n07a09.pdf>. Acesso em: 05 de mar. de 2025.

BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores moleculares**. Viçosa-MG: Ed. UFV, 2016.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021.

BORÉM, A.; NAKANO, P. H. (ed.). **Arroz: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Ed, UFV, 2015.

BOTELHO, F. B. S.; SOARES, P. C.; CASTRO, A. P. de; TORGA, P. P.; REIS, M. de S.; RODRIGUES, C. S. **Melhoramento genético do arroz em Minas Gerais: avanços e perspectivas**. In: **Arroz: do campo à mesa**. Informe Agropecuário, EPAMIG. v. 39, n. 301, 2018.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R. L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R. W. **Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms**. American Journal of Human Genetics, v. 32, n. 3, p. 314-331, 1980. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC1686077/>. Acesso em: 13 jan. 2026.

BOX, G. E. P., COX, D. R. **An analysis of transformations**. Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological), Vol. 26, No. 2. (1964), pp. 211-252. Disponível: <https://www.ime.usp.br/~abe/lista/pdfQWaCMboK68.pdf>. Acesso em: 13 jan. 2026.

BRADSHAW, A.D. **Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants**. Adv. Gent., v.13, p. 115-155, 1965

BRAGANTINI, C. **Secagem e beneficiamento de sementes**. In: SANTOS, A. B. dos; STONE, L. F.; VIEIRA, N. R. de A. (Ed.). **A cultura do arroz no Brasil**. 2. ed. rev. ampl. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006. p. 813-842.

BRASIL. **Instrução Normativa nº 6, de 16 de fevereiro de 2009**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Gabinete do Ministro, 18 fev. 2009. Disponível em: <https://sistemasweb.agricultura.gov.br/sislegis/action/detalhaAto.do?method=visualizarAtoPortalMapa&chave=1687046295>. Acesso em: 05 de mar. de 2025.

BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O. P. de; RANGEL, P. H. N.; CORDEIRO, A. C. C.; PEREIRA, J. A. A.; FONSECA, V. L. da S.; FONSECA, J. R. **Results of 25 Years of Upland Rice Breeding in Brazil**. Crop Science 51: 914-923. 2011.

BRESEGHELLO, F.; CASTRO, E. de M. de; MORAIS, O. P. de. **Progresso genético pelo melhoramento de arroz de terras altas da Embrapa para os Estados de Goiás, Minas Gerais, Maranhão, Piauí e Mato Grosso**. Santo Antônio de Goiás. Embrapa Arroz e Feijão, 2006. 24 p. - (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Arroz e Feijão, ISSN 1678-

9571 ; 20).

CARVALHO, M. T. M. CASTRO, A. P. de; FERREIRA, C. M.; LACERDA, M. C.; LANNA, A. C.; SILVA-LOBO, V. L.; SILVA, M. A. S. da; COLOMBARI FILHO, J. M. **O arroz de terras altas como estratégia para segurança alimentar, intensificação ecológica e adaptação à mudança do clima: rumo aos objetivos de desenvolvimento sustentável para o milênio.** Comunicado Técnico, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, v. 252, 2020. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1121735/1/CNPAF2020ct252.pdf>. Acesso em: 03 de fev. 2025.

CASTRO, A. P. de.; RANGEL, P. H. N.; LACERDA, M. C.; FURTINI, I. V.; FRAGOSO, D. de B.; CORDEIRO, A. C. C.; SOUSA, N. R. G.; MORAIS, O. P. de; AZEVEDO, R. de; UTUMI, M. M.; PEREIRA, J. A.; OLIVEIRA, I. J. de; CUSTÓDIO, D. P.; SANTOS, B. M. dos. **BRS A501 CL: cultivar de arroz de terras altas resistente a herbicida.** Comunicado técnico, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, v. 242, 2018.

CASTRO, E. da M. de; VIEIRA, N. R. de A.; RABELO, J. A. **Qualidade de grãos em arroz.** EMBRAPA, 1999.

CLIMATE CHANGE IMPACTS ON AGRICULTURE AND FOOD SUPPLY. EPA: **United States Environmental Protection Agency**, 2025. Disponível em: <https://www.epa.gov/climateimpacts/climate-change-impacts-agriculture-and-food-supply#topc>. Acesso em: 03 de fev. 2025.

COLLARD, B. C. Y.; JAHUFER, M. Z. Z.; BROUWER, J. B.; PANG, E. C. K. **An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: the basic concepts.** Euphytica, v. 142, n. 1–2, p. 169–196, 2005.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **A cultura do arroz** / organizador Aroldo Antonio de Oliveira Neto. – Brasília: Conab, 2015. 180 p. Disponível em: <http://www.conab.gov.br> . ISBN: 978-85-62223-06-8

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos, Brasília, DF, v. 12, safra 2024/25, n. 12 décimo segundo levantamento, setembro 2025.** Disponível em: https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/12o-levantamento-safra-2024-25/e-book_boletim-de-safras-12o-levantamento_2025.pdf.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos, Brasília, DF, v. 13, safra 2025/26, n. 3 terceiro levantamento, dezembro 2025.** Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes->

agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/3o-levantamento-safra-2025-26/e-book_boletim-de-safras-3o-levantamento_2025.pdf.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos**, Brasília, DF, v. 11, safra 2023/24, n. 12 décimo segundo levantamento, setembro 2024.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Tabela de dados - Produção e balanço de oferta e demanda de grãos, Brasília, DF, v. 12, safra 2024/25, n. 12 décimo segundo levantamento, setembro 2025**. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos>.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Tabela de dados - Produção e balanço de oferta e demanda de grãos, Brasília, DF, v. 13, safra 2025/26, n. 3 terceiro levantamento, dezembro 2025**. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos>.

COOMBS, K. R. **Polychrome: Creating and Assessing Qualitative Palettes with Many Colors**. R package version 1.5.1. 2019.

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

CULLIS, B. R., SMITH, A. B., COOMBES, N. E. **On the design of early generation variety trials with correlated data**. *Journal of Agricultural Science*. 2006. 144(6), 515-527.

DE MENDIBURU, F. **agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research**. R package version 1.3-5. 2021. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=agricolae>.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. 1987. **Isolation of plant DNA from fresh tissue**. *Focus* 12: 13-15.

ECONOMIC RESEARCH SERVICE U.S. DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Rice Sector at a Glance**, 2024. Tópico. *Online*. Disponível: <https://fas.usda.gov/data/production/commodity/0422110> . Acesso: 30 de ago. de 2024.

ECONOMY INSIGHTS. **Rice Consumption by Country: Ranking the World's Top 10 Rice - Consuming Nations**. 20 dez. 2025. Disponível em: <https://www.economyinsights.com/p/rice-consumption-by-country>. Acesso em: 23 dez. 2025.

EMBRAPA. **BRS A503: Nova Cultivar Embrapa de Arroz de Terras Altas - Aspectos Técnicos**. Disponível em: <https://www.youtube.com/watch?v=jlfBNFFFypI>. Acesso em: 12 jan. 2026.

EMBRAPA. **Lançamento BRS A502 (Arroz de Terras Altas)**. Disponível em: https://www.youtube.com/watch?v=nhr_QtsTipY. Acesso em: 21 jan. 2026.

EMBRAPA. **Nova Opção em Sistema de Produção em Pivô Central - Soja, Arroz, Feijão**. Disponível em: <https://www.youtube.com/watch?v=4rEDIgh3qEY>. Acesso em: 12 jan. 2026.

FAO – ORGANIZAÇÃO DAS NAÇÕES UNIDAS PARA A ALIMENTAÇÃO E A AGRICULTURA. **Declaração de Roma sobre a Segurança Alimentar Mundial**. Roma, 1996. Disponível em: <https://www.fao.org/4/w3548e/w3548e00.htm>. Acesso em: 3 jan. 2026.

FAO, IFAD, UNICEF, WFP and WHO. **The State of Food Security and Nutrition in the World 2025 – Addressing high food price inflation for food security and nutrition**. 2025. Rome. <https://doi.org/10.4060/cd6008en>

FAO. 2025. Food Outlook – **Biannual report on global food markets. Food Outlook, June 2025**. Rome. <https://doi.org/10.4060/cd5655en>

FERREIRA, C. M.; BARRIGOSI, J. A. F, editores técnicos. **Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar**. Brasília, DF. Embrapa, 2021. 164 p.: il. Color; 17 cm x 24 cm. ISBN 978-65-87380-44-5

FERREIRA, C. M.; WANDER, A. E. **Mudanças na distribuição geográfica da produção e consumo do arroz no Brasil**. Informações Econômicas, SP, v.35, n.11, nov. 2005.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **Food Outlook. Biannual Report on Global Food Markets**, Roma, nov. de 2022.

FOX, J.; WEISBERG, S. **An R companion to applied regression**. 3. ed. Thousand Oaks: Sage, 2019

GALILI, T. **Dendextend: an R package for visualizing, adjusting and comparing trees of hierarchical clustering**. *Bioinformatics*, v. 31, n. 22, p. 3718–3720, 2015.

GARCIA, C. H. **Tabelas para classificação do coeficiente de variação**. Circular técnica, 171. Piracicaba: IPEF, 1989. 12 p.

GRAMENE: *OryzaGramene*, s.d. Página. Disponível em: <<https://oryza.gramene.org/>>. Acesso em: 05 de mar. De 2025.

GRAY, E. Global Climate Change Impact on Crops Expected Within 10 Years, NASA Study Finds. **Climate Change – NASA Science**, 2021. Disponível em: <<https://climate.nasa.gov/news/3124/global-climate-change-impact-on-crops-expected-within-10-years-nasa-study-finds/>>. Acesso em: 03 de fev. 2025.

GRAYLEY, M. **ONU estima que mundo terá 10,3 bilhões de pessoas em meados de 2080**. *ONU News*, 7 abr. 2025. Disponível em: <<https://news.un.org/pt/story/2025/04/1847096>>. Acesso em: 3 jan. 2026.

HARVESTPLUS. **HarvestPlus**, 2024. Página. Disponível em: <https://www.harvestplus.org/>. Acesso em: 03 de fev. de 2025.

HARVESTZINC. **HarvestZinc: exploring fertilizer use to increase zin in cereals**, 2025. Página. Disponível em: <https://www.harvestzinc.org/index.php>. Acesso em: 03 de fev. de 2025.

IPPC SECRETARIAT. 2021. **Scientific review of the impact of climate change on plant pests – A global challenge to prevent and mitigate plant pest risks in agriculture, forestry and ecosystems**. Rome. FAO on behalf of the IPCC Secretariat. <https://doi.org/10.4060/cb4769en>

IRRI. **International Rice Research Institute**. ISBN-13: 978-92-9043-866-3. 2011.

IRRI. International Rice Research Institute. **Standard Evaluation System for Rice**. Manila, 1996. 52 p.

JENNINGS, P. R.; COFFMAN, W. R.; KAUFFMAN, H. E. **Rice improvement**. Los Baños: International Rice Research Institute, 1979. 186 p.

JOHNSON, H. W.; ROBINSON, H. F.; COMSTOCK, R. E. **Estimates of Genetic and Environmental Variability in Soybeans**. *Agronomy Journal*, vol. 47, Issue 7 pp. 314-318. 1 jul 1995. <https://doi.org/10.2134/agronj1955.00021962004700070009x>. Disponível em: <https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.2134/agronj1955.00021962004700070009x>

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. **factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses**. R package version 1.0.7. 2020. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=factoextra>.

KOLDE, R. **pheatmap: Pretty Heatmaps**. R package version 1.0.12. 2019. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=pheatmap>.

LACERDA, M. C.; NASCENTE, A. S. **Tecnologias para o cultivo do arroz de terras altas em sistema plantio direto na região do Cerrado**. Circular técnica 94. Santo Antônio de Goiás, GO Junho, 2021. ISSN 1678-9636. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1132414/1/cir-tec-94.pdf>

MADARI, B. E.; MACHADO, P. L. O. A.; CARVALHO, M. T. de M.; SILVA, M. A. S. da; FERREIRA, E. P. de B.; SCIVITTARO, W. B.; WANDER, A. E. **Mixed farming systems as potential carbon sinks**. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON NEGATIVE CO₂ EMISSIONS, 2018, Gothenburg. Proceedings. Gothenburg Chalmers University of Technology, 2018

MANTEL, N. (1967). **The detection of disease clustering and a generalized regression approach**. *Cancer Research*, 27(2), 209–220.

MOJENA, R. **Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation**. *The Computer Journal*, London, v. 20, n. 4, p. 359–363, 1977.

MOLINA, J.; SIKORA, M.; GARUD, N.; FLOWERS, J. M.; RUBINSTEIN, S.; REYNOLDS, A.; HUANG, P.; JACKSON, S.; SCHAAL, B. A.; BUSTAMANTE C. D.; BOYKO, A. R.; PURUGGANAN, M. D. **Molecular evidence for a single evolutionary origin of domesticated rice**. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 17 maio 2011. 108(20):8351-6. DOI: 10.1073.

MORETTI, G. N.; LAGO, K. E. do; BORBA, T. C. de O.; SOUZA, L. C. de; BOTELHO, F. B. S. **Distâncias genéticas entre linhagens de arroz de terras altas pertencentes ao ensaio de valor de cultivo e uso**. XIII Congresso Brasileiro de Arroz Irrigado. Pelotas, 2025. Disponível em: https://www.sosbai.com.br/uploads/trabalhos/distancias-geneticas-entre-linhagens-de-arroz-de-terras-altas-pertencentes-ao-ensaio-de-valor-de-cultivo-e-uso_701.PDF. Acesso em: 19 jan. 2026.

NAÇÕES UNIDAS: BRASIL. ONU: **Fome diminui, mas ainda atinge 673 milhões de pessoas em todo o mundo**. 28 jul. 2025. Disponível em: <https://brasil.un.org/pt-br/298770-onu-fome-diminui-mas-ainda-atinge-673-milh%C3%B5es-de-pessoas-em-todo-o-mundo>. Acesso em: 3 jan. 2026.

NASCENTE, A. S. CRUSCIOL, C. A. C.; STONE, L. F.; COBUCCI, T. **Upland rice yield as affected by previous summer crop rotation (soybean or upland rice) and glyphosate management on cover crops**. *Planta Daninha*, v. 31, n. 1, p. 147-155, 2013.

NASCIMENTO, J. B. BORBA, T. C. de O.; MELLO, R. N. de; BARRIGOSSO, J. A. de F.; MARTINS, J. F. da S.; FERNANDES, P. M. **Variabilidade genética de acessos de arroz (*Oryza sativa*) determinada por marcadores SSR**. *Online*. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/899086/1/ft236.pdf>. Acesso em: 24 de ago. de 2024.

NATIONAL ACADEMIES OF SCIENCES, ENGINEERING, AND MEDICINE. **Sustainable diets, food, and nutrition: Proceedings of a workshop**. Washington, DC: The National Academies Press, 2019. DOI: <https://doi.org/10.17226/25192>

OECD/FAO. **OECD-FAO Agricultural Outlook 2025-2034**, OECD Publishing, Paris/FAO, Rome, 2025 <https://doi.org/10.1787/601276cd-en>.

OKSANEN, J.; SIMPSON, G. L.; BLANCHET, F. G.; KINDT, R.; LEGENDRE, P.; MINCHIN, P. R. **vegan: Community Ecology Package**. R package version 2.6-8, 2024.

OLIVEIRA, A. C. B. de; SEDIYAMA, M. A. N.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. **Avaliação da divergência genética em batata-doce por procedimentos multivariados**. *Acta Scientiarum* 22(4):895-900, 2000. ISSN 1415-6814. Disponível em: <https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/2843/1971>. Acesso em: 23 jan. 2026.

PEIXOTO, R. **Arroz de terras altas é usado para diversificar produção de grãos no Cerrado**. Embrapa, 2022. *Online*. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/69010963/arroz-de-terras-altas-e-usado-para-diversificar-producao-de-graos-no-cerrado>. Acesso: 07, out e 2024.

PEREIRA, R. C. BARBEDO, J. G. A.; JORGE, L. A. de C. SITIS. **SITIS - Plant Phenotyping Platform**. In: LATIN-AMERICAN CONFERENCE ON PLANT PHENOTYPING AND PHENOMICS FOR PLANT BREEDING, 2., 2017, São Carlos. Proceedings. São Carlos: Embrapa Instrumentação, 2017. p. 47.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009.

PRABHU, A. S. BARBOSA FILHO, M. P.; FILIPPI, M. C.; DATNOFF, L. E.; SNYDER, G. H. **Silicon reduces brown spot severity and grain discoloration on several rice genotypes**. *Tropical Plant Pathology*, v. 37, n. 6, p. 409-414, 2012.

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2024. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.

RAMIREZ-VILLEGAS, J. HEINEMANN, A. B.; CASTRO, A. P. de; BRESEGHELLO, F.; NAVARRO-RACINES, C.; LI, T.; REBOLLEDO, M. C.; CHALLINOR, A. J. **Breeding implications of drought stress under future climate for upland rice in Brazil**. *Global Change Biology*, v. 24, n. 5, p. 2035-2050, may 2018.

REZAEI, E. E. WEBBER, H.; ASSENG, S.; BOOGAARD, H.; GABRIEL, J. L.; GAISER, T.; LOKKO, Y.; MARTRE, P.; MÜLLER, C.; NAAB, J.; OLESEN, J. E.; RUANE, A. C.; ZHAO, J.; EWERT, F. **Climate change impacts on crop yields**. *Nature Reviews Earth & Environment*, v. 4, p. 1–16, 14 nov. 2023.

SANTOS, A. B. dos. **Arroz de terras altas**. Embrapa, 2021. *Online*. Disponível: <https://www.embrapa.br/en/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/arroz/producao/sistema-de-cultivo/arroz-de-terras-altas>. Acesso: 15 de nov. de 2023.

SCHAUBERGER, P.; WALKER, A. **openxlsx: Read, Write and Edit xlsx Files**. R package version 4.2.5. 2023.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. **A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance**. *Biometrics*, [s.l.], v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SILVA, O. F.; WANDER, A. E. **Estatística de produção**. Embrapa, 2023. Disponível: <https://www.embrapa.br/en/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/arroz/pre-producao/socioeconomia/estatistica-de-producao> . Acesso: 2 de out. de 2023.

SILVA, O. F.; WANDER, A. E.; FERREIRA, C. M. **Importância econômica e social**. Embrapa, 2021. *Online*. Disponível: <https://www.embrapa.br/en/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/arroz/pre-producao/socioeconomia/importancia-economica-e-social>. Acesso: 2 de out. de 2023.

SINGH, H. P.; RAIGAR, O. P.; CHAHOTA, R. K. **Estimation of genetic diversity and its exploitation in plant breeding.** *Bot. Rev.* **88**, 413–435 (2022).
<https://doi.org/10.1007/s12229-021-09274-y>. Disponível em:
<https://link.springer.com/article/10.1007/s12229-021-09274-y>

SOTTA, E. D.; SAMPAIO, F. G.; GALLARDO, J. V. G. **Coletânea dos fatores de emissão e remoção de gases de efeito estufa da agricultura brasileira.** MAPA/SENAR, Brasília, 2020. Disponível em: < https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/noticias/fatores-nacionais-para-emissao-e-remocao-de-gases-de-efeito-estufa-na-agropecuaria-estao-em-coletanea-inedita-do-mapa/Coletanea_agricultura.pdf>. Acesso em: 03 de fev. de 2025.

SWARUP, S.; CARGILL, E. J.; CROSBY, K.; FLAGEL, L.; KNISKERN, J.; GLENN, K. C. **Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops.** *Crop Science*, v. 61, n. 2, p. 839–852, 24 fev. 2021. Disponível em:
<https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/csc2.20377>

TANKSLEY, S.; MCCOUCH, S.R. **Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild.** *Science*, Washington, v. 277, n. 5329, p. 1063-1066, 1997.

TÁVORA, F. L.; FRANÇA, F. F.; LIMA, J. R. P. de A. **Impactos das Mudanças Climáticas na Agropecuária Brasileira, Riscos Políticos, Econômicos e Sociais e os Desafios para a Segurança Alimentar Humana.** Núcleo de Estudos e Pesquisas/ CONLEG/Senado, Brasília, dez. 2022. Disponível em: < <https://www12.senado.leg.br/publicacoes/estudos-legislativos/tipos-de-estudos/textos-para-discussao/td313>>. Acesso em: 03 de fev. de 2025.

TERFA, G. N.; GURMU, G. N. **Genetic variability, heritability and genetic advance in linseed (*Linum usitatissimum* L) genotypes for seed yield and other agronomic traits,** *Oil Crop Science*, Volume 5, Issue 3, 2020, Pages 156-160, ISSN 2096-2428,
<https://doi.org/10.1016/j.ocsci.2020.08.002>. Disponível em:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2096242820300403>)

THE NATURE CONSERVANCY. **Growing threats: how climate change will exacerbate agriculture’s environmental impacts.** 04 set. de 2024. Disponível em:
<https://www.nature.org/en-us/newsroom/growing-threats-how-climate-change-will-exacerbate-environmental-impacts-agriculture/>. Acesso em: 03 de fev. 2025.

UNITED NATIONS DEPARTMENT OF ECONOMIC AND SOCIAL AFFAIRS, POPULATION DIVISION. **World Population Prospects 2022: Summary of Results.** UN DESA/POP/2022/TR/NO. 3. *Online*. Disponível em:
https://www.un.org/development/desa/pd/sites/www.un.org.development.desa.pd/files/wpp2022_summary_of_results.pdf.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Rice | USDA Foreign Agricultural Service**. Disponível em: <https://www.fas.usda.gov/data/production/commodity/0422110>. Acesso em: 5 jan. 2026

VARSHNEY, R.K.; GRANER, A.; SORRELLS, M.E. **Genic microsatellite markers in plants: features and applications**. Trends in Biotechnology. v.23, p.48-55, january 2005.

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

WEI, T.; SIMKO, V. **R package 'corrplot': Visualization of a Correlation Matrix**. (Version 0.92). 2021

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis**. New York: Springer-Verlag, 2016.

WICKHAM, H. **Reshaping Data with the reshape Package**. Journal of Statistical Software, v. 21, n. 12, p. 1-20, 2007.

XU, Y.; CROUCH, J. H. **Marker-assisted selection in plant breeding: from publications to practice**. Crop Science, v. 48, n. 2, p. 391–407, 2008.

ZOU, J.; HUANG, Y.; ZHENG, X.; WANG, Y. **Quantifying direct N₂O emissions in paddy fields during rice growing season in mainland China: dependence on water regime**. Atmospheric Environment, v. 41, p. 8030-8042, 2007. DOI: 10.1016/j.atmosenv.2007.06.049.

ANEXOS

ANEXO A - PROTOCOLO DE EXTRAÇÃO DE DNA GENÔMICO PARA PLANTAS QUE APRESENTAM ALTA CONCENTRAÇÃO DE POLISSACARÍDEOS – BASEADO NO DOYLE E DOYLE COM MODIFICAÇÕES PROPOSTAS PELO IAC

Tabela de Reagentes (Para 1 Amostra - Volume Final 1mL)

REAGENTE	[] ESTOQUE	[] FINAL	VOLUME PARA 1 AMOSTRA
NaCl	5 mol/L	1,4 mol/L	0,28mL
Tris-HCl pH 8,0	1 mol/L	100mmol/L	0,1mL
EDTA pH 8,0	500mmol/L	20mmol/L	0,04mL
PVP	-	1%	10mg
CTAB	5%	2%	20mg
B-mercaptoetanol	-	0,2%	2 μ L
Água mili-q	-	-	Q.S.P. Para 1mL

Procedimentos:

1. Transferir para tubos *ependorf* de 2,0 mL aproximadamente 300 mg de tecido vegetal macerado;
2. Adicionar 700 μ L de tampão de extração e vortexar;
3. Deixar por 30 min a 65°C em banho maria e homogeneizar a cada 10 min;
4. Adicionar 650 μ L de CIA e homogeneizar até formar uma emulsão (CIA: Clorofórmio Álcool Isoamílico, na proporção 24:1);
5. Centrifugar a 10000 rpm por 12 min;
6. Transferir a fase aquosa para um novo tubo de 2,0mL;
7. Adicionar 200 μ L de tampão de extração e homogeneizar;
8. Adicionar 650 μ L de CIA e homogeneizar novamente;
9. Centrifugar a 10000 rpm por 12 min;
10. Transferir a fase aquosa para um novo tubo (1,5 mL) e adicionar 650 μ L de CIA;
11. Centrifugar a 10000 rpm por 12 min;

12. Transferir a fase aquosa para um novo (1,5 mL) e precipitar o DNA com 1 volume de isopropanol gelado + 230 μ L de Acetato de amônio e homogeneizar;
 - OBS: o volume de isopropanol, que deve estar gelado, é de acordo com a quantidade de sobrenadante transferido.
13. Centrifugar a 12000 rpm por 10 min;
14. Lavar a superfície do precipitado com 250 μ L de etanol 70%;
15. Centrifugar por 12000 rpm por 3 min;
16. Repetir mais duas vezes os passos 14 e 15;
17. Retirar o etanol e deixar secar em temperatura ambiente;
18. Resuspender em 54 μ L de RNase A (0,2 μ g/mL) e deixar em banho maria a 37°C por 30 min;
19. Quantificar o DNA em gel de agarose e em *nanodrop*.

APÊNDICES

APÊNDICE A – TABELAS

Tabela 1A: Progênies F_{3:4} pertencentes ao ERF do Programa de Melhoramento Genético de Arroz de Terras Altas da EMBRAPA Arroz e Feijão, em convênio com a UFPA e a EPAMIG.

Trat.	Progênies	Trat.	Progênies	Trat.	Progênies
1	BRS A502	58	CNAx21683-B-1-B	115	CNAx21828-B-1-B
2	BRS A504 RH	59	CNAx21683-B-2-B	116	CNAx21828-B-2-B
3	AN Cambará	60	CNAx21684-B-1-B	117	CNAx21828-B-7-B
4	CNAx21613-B-7-B	61	CNAx21684-B-4-B	118	CNAx21828-B-8-B
5	CNAx21615-B-7-B	62	CNAx21684-B-5-B	119	CNAx21828-B-10-B
6	CNAx21617-B-7-B	63	CNAx21684-B-6-B	120	CNAx21828-B-16-B
7	CNAx21626-B-5-B	64	CNAx21685-B-4-B	121	CNAx21829-B-2-B
8	CNAx21628-B-1-B	65	CNAx21685-B-6-B	122	CNAx21829-B-7-B
9	CNAx21628-B-8-B	66	CNAx21685-B-10-B	123	CNAx21830-B-1-B
10	CNAx21629-B-1-B	67	CNAx21685-B-11-B	124	CNAx21830-B-2-B
11	CNAx21629-B-2-B	68	CNAx21685-B-12-B	125	CNAx21831-B-6-B
12	CNAx21629-B-5-B	69	CNAx21685-B-13-B	126	CNAx21831-B-7-B
13	CNAx21630-B-3-B	70	CNAx21685-B-14-B	127	CNAx21832-B-2-B
14	CNAx21634-B-1-B	71	CNAx21686-B-1-B	128	CNAx21834-B-1-B
15	CNAx21634-B-2-B	72	CNAx21688-B-2-B	129	CNAx21834-B-2-B
16	CNAx21634-B-6-B	73	CNAx21689-B-1-B	130	CNAx21835-B-3-B
17	CNAx21634-B-11-B	74	CNAx21689-B-3-B	131	CNAx21836-B-2-B
18	CNAx21635-B-4-B	75	CNAx21693-B-2-B	132	CNAx21839-B-1-B
19	CNAx21635-B-8-B	76	CNAx21693-B-3-B	133	CNAx21841-B-1-B
20	CNAx21635-B-9-B	77	CNAx21693-B-7-B	134	CNAx21841-B-2-B
21	CNAx21640-B-4-B	78	CNAx21694-B-2-B	135	CNAx21841-B-7-B
22	CNAx21640-B-8-B	79	CNAx21694-B-3-B	136	CNAx21842-B-3-B
23	CNAx21640-B-13-B	80	CNAx21694-B-4-B	137	CNAx21842-B-4-B
24	CNAx21641-B-1-B	81	CNAx21697-B-1-B	138	CNAx21842-B-9-B
25	CNAx21643-B-15-B	82	CNAx21697-B-7-B	139	CNAx21842-B-15-B
26	CNAx21644-B-6-B	83	CNAx21701-B-1-B	140	CNAx21847-B-5-B
27	CNAx21647-B-11-B	84	CNAx21701-B-2-B	141	CNAx21847-B-6-B
28	CNAx21649-B-9-B	85	CNAx21701-B-4-B	142	CNAx21848-B-9-B
29	CNAx21657-B-5-B	86	CNAx21701-B-7-B	143	CNAx21849-B-9-B
30	CNAx21657-B-27-B	87	CNAx21701-B-8-B	144	CNAx21849-B-11-B
31	CNAx21657-B-28-B	88	CNAx21701-B-10-B	145	CNAx21849-B-24-B
32	CNAx21657-B-29-B	89	CNAx21702-B-2-B	146	CNAx21850-B-1-B
33	CNAx21658-B-13-B	90	CNAx21705-B-2-B	147	CNAx21850-B-4-B
34	CNAx21667-B-4-B	91	CNAx21707-B-9-B	148	CNAx21850-B-7-B
35	CNAx21667-B-6-B	92	CNAx21718-B-9-B	149	CNAx21850-B-9-B
36	CNAx21668-B-1-B	93	CNAx21719-B-1-B	150	CNAx21850-B-12-B
37	CNAx21668-B-3-B	94	CNAx21719-B-6-B	151	CNAx21850-B-14-B
38	CNAx21669-B-2-B	95	CNAx21719-B-11-B	152	CNAx21850-B-19-B
39	CNAx21669-B-7-B	96	CNAx21719-B-16-B	153	CNAx21851-B-8-B
40	CNAx21669-B-10-B	97	CNAx21720-B-1-B	154	CNAx21855-B-11-B

41	CNAx21671-B-3-B	98	CNAx21720-B-7-B	155	CNAx21858-B-6-B
42	CNAx21672-B-4-B	99	CNAx21720-B-12-B	156	CNAx21862-B-10-B
43	CNAx21673-B-1-B	100	CNAx21722-B-2-B	157	CNAx21863-B-1-B
44	CNAx21675-B-2-B	101	CNAx21722-B-3-B	158	CNAx21863-B-5-B
45	CNAx21675-B-6-B	102	CNAx21722-B-9-B	159	CNAx21876-B-2-B
46	CNAx21675-B-7-B	103	CNAx21722-B-12-B	160	CNAx21876-B-3-B
47	CNAx21675-B-11-B	104	CNAx21722-B-21-B	161	CNAx21877-B-3-B
48	CNAx21675-B-13-B	105	CNAx21722-B-25-B	162	CNAx21877-B-4-B
49	CNAx21677-B-1-B	106	CNAx21728-B-5-B	163	CNAx21879-B-4-B
50	CNAx21677-B-3-B	107	CNAx21729-B-1-B	164	CNAx21880-B-9-B
51	CNAx21680-B-1-B	108	CNAx21729-B-8-B	165	CNAx21882-B-4-B
52	CNAx21680-B-2-B	109	CNAx21729-B-14-B	166	CNAx21882-B-7-B
53	CNAx21680-B-3-B	110	CNAx21729-B-15-B	167	CNAx21882-B-11-B
54	CNAx21680-B-4-B	111	CNAx21826-B-1-B	168	CNAx21482-B-19-B
55	CNAx21680-B-5-B	112	CNAx21827-B-9-B	169	CNAx21454-B-10-B
56	CNAx21680-B-8-B	113	CNAx21827-B-10-B		
57	CNAx21682-B-4-B	114	CNAx21827-B-12-B		

Legenda: Trat = Tratamento.

Fonte: Do autor (2025).

Tabela 2A Progênies do ERF 2023/24 que compõem os 21 clusters formados pelo agrupamento a partir da matriz de distância fenotípica obtida pelos BLUPs e a distância Euclidiana.

IDENTIFICAÇÃO DO GRUPO	TRATAMENTOS COMPONENTES
1	T1, T103, T115, T119, T139, T165, T167, T58, T60, T71, T80
2	T10, T108, T11, T113, T114, T120, T123, T124, T125, T128, T130, T141, T154, T156, T161, T162, T164, T168, T169, T19, T20, T23, T32, T34, T38, T4, T43, T51, T53, T57, T61, T70, T73, T87
3	T100, T104, T105, T110, T30, T33, T41, T81
4	T101, T91
5	T102, T107, T149, T150, T153, T50, T83, T97, T98
6	T106, T118, T135, T137, T14, T158, T16, T163, T2, T26, T27, T29, T35, T45, T49, T67, T78, T82
7	T109, T90
8	T111, T116, T126, T132, T134, T138, T140, T142, T146, T147, T151, T40, T54, T55, T59, T65, T69, T76
9	T112, T122
10	T117, T127, T13, T155, T18, T24, T52, T63, T64, T66, T68, T7, T74, T75, T77, T79, T89
11	T12, T131, T145, T159, T36, T56, T8
12	T121, T3, T39, T42

13	T129, T133, T148, T152, T157, T166, T22, T25, T44, T46, T72, T84, T85
14	T136, T47, T48, T88
15	T143
16	T144, T28, T31, T5, T6, T62, T86, T9, T94
17	T15, T17, T92, T93, T95
18	T160
19	T21, T37
20	T96
21	T99

Fonte: Do autor (2026).

Tabela 3A: Progenies do ERF 2023/24 que compõem os 21 clusters formados pelo agrupamento a partir da matriz de distância genética obtida pela análise de diversidade genética através dos 21 SSRs.

IDENTIFICAÇÃO DO GRUPO	TRATAMENTOS COMPONENTES
1	T1, T23, T24, T29, T32, T34, T37, T49, T52, T57, T67, T69, T70, T84, T95, T98, T102, T109, T116, T125, T127, T142, T146, T147, T149, T150, T160
2	T2, T3, T16, T27, T51, T54, T73, T82, T83, T87, T93, T100, T107, T110, T122, T124, T139, T148, T156, T161, T167
3	T4, T21, T39, T45, T132, T169
4	T5, T17, T19, T46, T63, T66, T75, T77, T79, T103, T108, T112, T114, T115, T129, T145, T154, T155
5	T6, T9, T11, T22, T25, T28, T30, T31, T40, T41, T48, T50, T53, T60, T71, T72, T74, T80, T97, T104, T111, T120, T123, T126, T130, T131, T134, T136, T137, T140, T143, T159, T163, T165, T166
6	T7, T12, T18, T36, T42, T62, T65, T68, T121, T133, T138, T141, T153, T158, T162
7	T8, T13, T14, T15, T35, T44, T47, T64, T85, T86, T90, T91, T92, T94, T118, T144, T152, T164
8	T10
9	T20, T26, T43, T56, T59, T61, T78, T96, T101, T128
10	T38
11	T55, T105
12	T58
13	T76
14	T81, T99
15	T88
16	T89, T106
17	T113
18	T117

19	T135
20	T151
21	T157

Fonte: Do autor (2026).

Tabela 4A: Análise de variância para as características número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha⁻¹) do ERF 2023/24, avaliado em Lavras (MG).

	P – Valor			
	GL	NDFL	Altura de plantas	Produtividade de grãos
Repetições	1	0,7248	0,0948	0,0011
Tratamentos (Ajustados)	168	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001
Blocos / Repetições	24	0,0167	< 0,0001	< 0,0001
Erro (Intrabloco)	144	-	-	-
Total	337	-	-	-
CV (%)		2,21%	14,79%	20,02%
Média		86,74	100,58	5.045,54

Legenda: Códigos de interpretação da significância estatística: p – valor ≤ 0,001 = ‘***’; p – valor ≤ 0,01 ‘**’; p – valor ≤ 0,05 = ‘*’; GL = Graus de liberdade.

Fonte: Do autor (2026).

Tabela 5A: Análise de variância para as características número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha⁻¹) do ERF 2023/24, avaliado em Santo Antônio de Goiás (GO).

	P – Valor			
	GL	NDFL	Altura de plantas	Produtividade de grãos
Repetições	1	0,0611	0,0586	0,2811
Tratamentos (Ajustados)	168	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001
Blocos / Repetições	24	0,0136	0,0239	0,0001
Erro (Intrabloco)	144	-	-	-
Total	337	-	-	-
CV (%)		10,57%	16,63%	12,44%
Média		76,38	92,17	4.5700

Legenda: Códigos de interpretação da significância estatística: p – valor ≤ 0,001 = ‘***’; p – valor ≤

0,01 ‘***’; p – valor $\leq 0,05 = *$; GL = Graus de liberdade.
 Fonte: Do autor (2026).

Tabela 6A: Análise de variância para as características número de dias para o florescimento (NDFL), altura de plantas (cm) e produtividade de grãos (kg. ha⁻¹) do ERF 2023/24, avaliado em Sinop (MT).

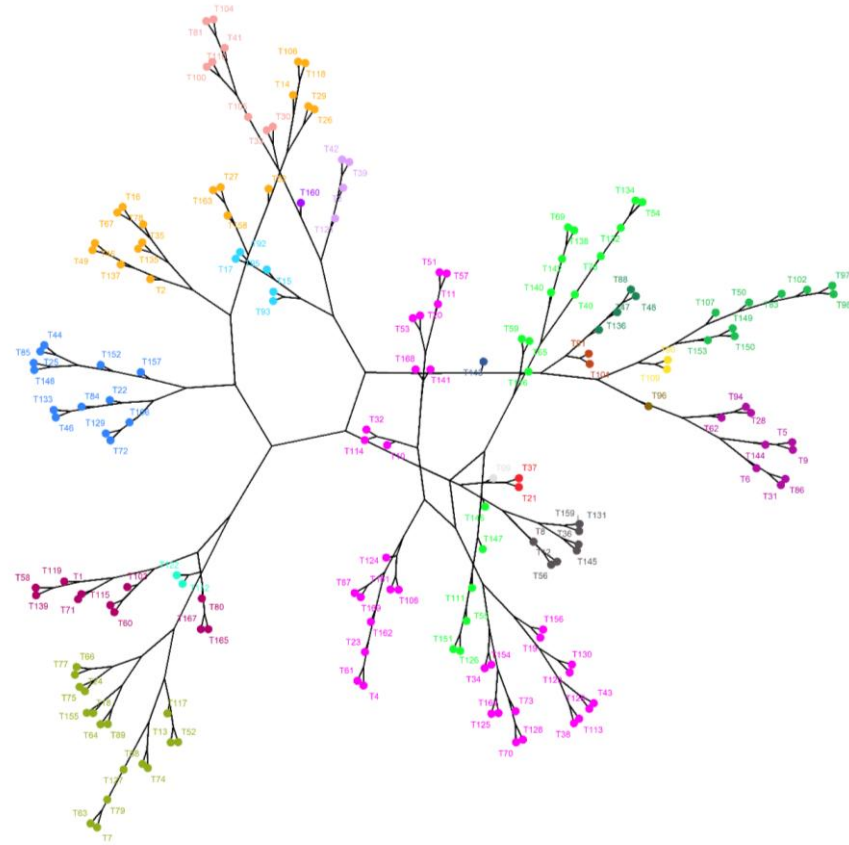
	P – Valor			
	GL	NDFL	Altura de plantas	Produtividade de grãos
Repetições	1	0,2898	0,0004	< 0,0001
Tratamentos (Ajustados)	168	< 0,0001	< 0,0001	< 0,0001
Blocos / Repetições	24	0,4523	0,1716	0,0005
Erro (Intrabloco)	144	-	-	-
Total	337	-	-	-
CV (%)		7,07%	4,23%	10,64%
Média		68,48	100,45	6.254,71

Legenda: Códigos de interpretação da significância estatística: p – valor $\leq 0,001 = ***$; p – valor $\leq 0,01 = **$; p – valor $\leq 0,05 = *$; GL = Graus de liberdade.

Fonte: Do autor (2026).

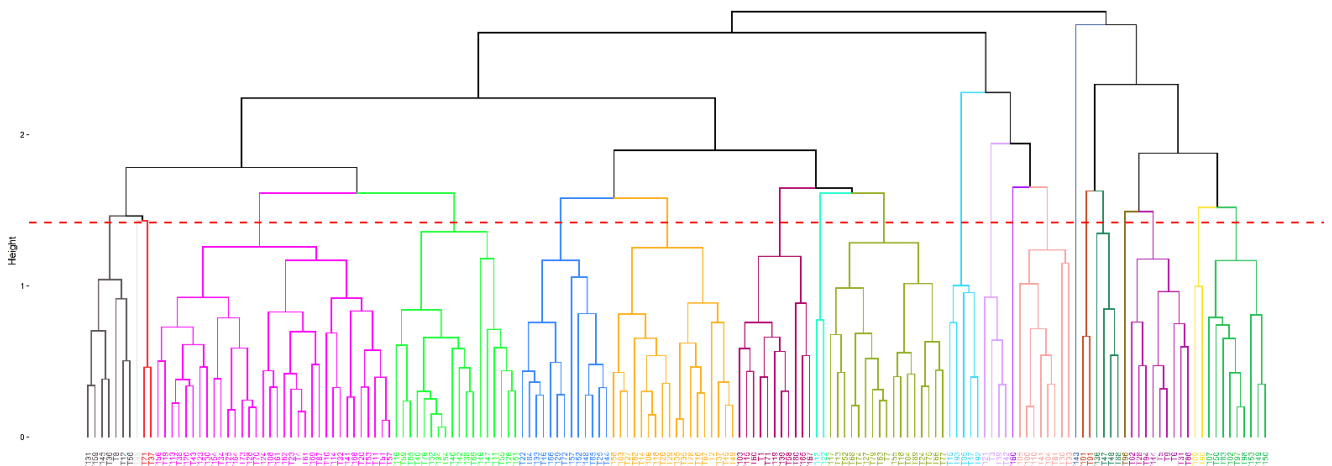
APÊNDICE B – FIGURAS

Figura 1A: Dendrograma filogenético fenotípico das 169 progênies do ERF 2023/24.



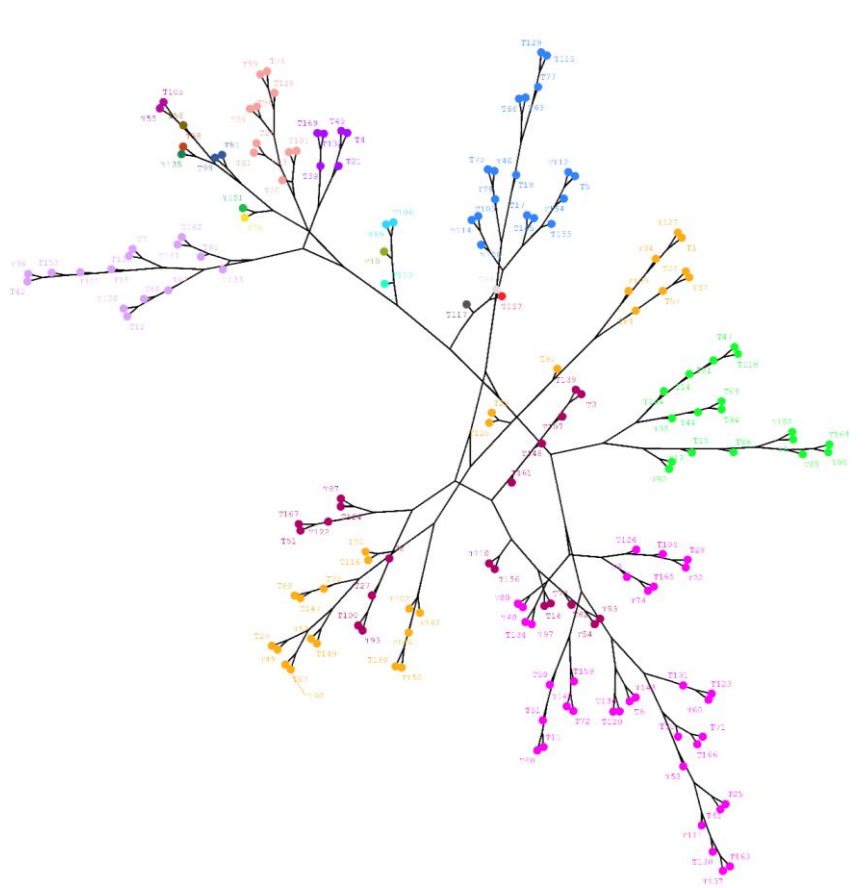
Fonte: Do autor (2026).

Figura 2A: Dendrograma retangular fenotípico das 169 progênies do ERF 2023/24.



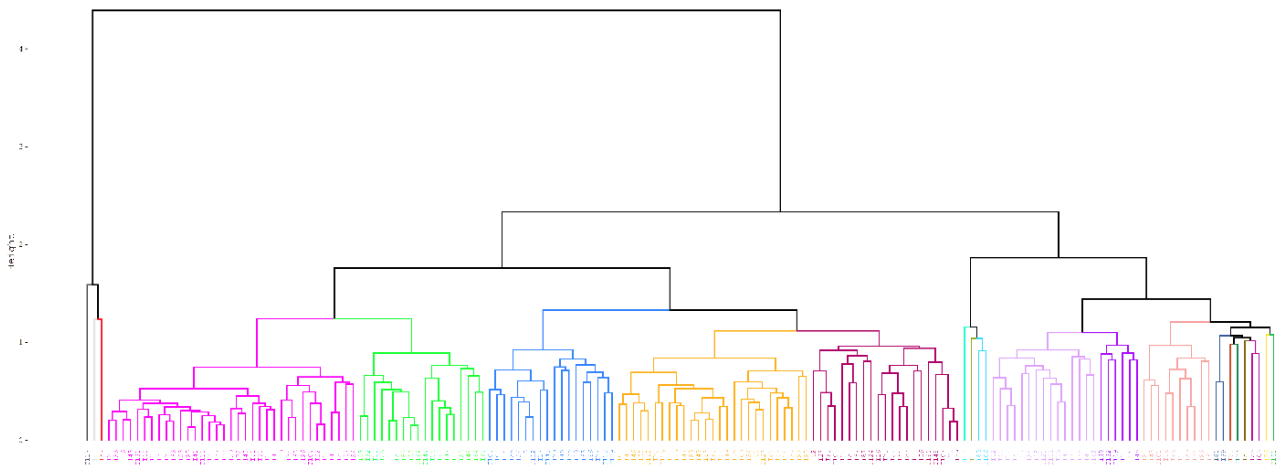
Fonte: Do autor (2026).

Figura 3A: Dendrograma filogenético genético das 166 progênies do ERF 2023/24.



Fonte: Do autor (2026).

Figura 4A: Dendrograma retangular genético das 166 progênies do ERF 2023/24.



Fonte: Do autor (2026).