

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA COMPOSIÇÃO CENTESIMAL DE GRÃOS DE ARROZ INTEGRAL DE GENÓTIPOS UTILIZADOS NO BRASIL

Aguiar Afonso Mariano¹; Mateus Simionato da Silva²; Maurício de Oliveira³, Antonio Costa de Oliveira⁴ e Camila Pegoraro⁵

Palavras-chave: melhoramento genético, *Oryza sativa* L., qualidade nutricional, preferência de consumidores

Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais consumidos do mundo e exerce papel central na segurança alimentar global, especialmente em países da Ásia, África e América Latina (NAEEM *et al.*, 2024). No Brasil, cerca de 95% da população consome arroz, o qual representa 18% das calorias e 12,5% das proteínas ingeridas na dieta (OLIVEIRA, 2021). Mais da metade da população brasileira consome arroz diariamente, o que faz do país o maior consumidor fora da Ásia (PEREIRA *et al.*, 2020). Com o aumento da preocupação com saúde e bem-estar relacionados à alimentação, cresce a exigência por parte dos consumidores quanto à qualidade do grão de arroz (ALAM *et al.*, 2024).

A qualidade do arroz envolve fatores como aparência, aroma, textura, valor nutricional e comportamento no cozimento (HORI; SUN, 2022). Entre os tipos consumidos estão o polido, o parboilizado e o integral, sendo este último o que mantém maior quantidade de nutrientes (KALITA; GOHAIN; HAZARIKA, 2021). O arroz integral preserva o farelo e o germe, oferecendo fibras, vitaminas, minerais e compostos bioativos relevantes para a saúde (SULTANA; FARUQUE; ISLAM, 2022). Essa composição nutricional faz do arroz integral uma alternativa valorizada por consumidores que buscam alimentos funcionais e mais nutritivos (WU *et al.*, 2023).

A qualidade do grão é uma característica complexa, controlada por múltiplos genes e influenciada pelo ambiente (CHENG *et al.*, 2022). Por isso, a análise da composição centesimal em diferentes genótipos é essencial nos programas de melhoramento voltados à qualidade nutricional (DAS; ADAK; MAJUMDER, 2020), visando a caracterização da variabilidade genética (BEGNA; TERESSA, 2023). A variabilidade genética disponível é um recurso estratégico para o desenvolvimento de cultivares com desempenho agronômico e valor nutricional superiores (ALAM. *et al.*, 2024). Contudo, a pressão seletiva por produtividade tem reduzido essa base genética, exigindo esforços para sua conservação e uso sustentável (DA SILVA *et al.*, 2025).

Diante desse contexto, o presente estudo teve como objetivo avaliar a composição centesimal de grãos integrais de diferentes cultivares de arroz utilizadas no Brasil, buscando caracterizar a variabilidade genética para esse atributo. Os dados obtidos fornecem subsídios para programas de melhoramento com foco em qualidade nutricional e diversificação de cultivares. Além disso, contribuem para valorizar genótipos com potencial para atender às demandas de um mercado consumidor cada vez mais exigente.

Material e Métodos

¹ Eng. Agrônomo, Mestre e Doutorando em Ciências, Universidade Federal de Pelotas, Campus do Capão do Leão, RS S/N-CEP 96160-00, aguiarafonsomariano488@gmail.com

² Eng. Agrônomo, Mestrando em Ciências, Universidade Federal de Pelotas, mateusagro2022@gmail.com

³ Doutor em Ciência e Tecnologia Agroindustrial, Universidade Federal de Pelotas, oliveira.mauricio@hotmail.com

⁴ PhD em Genética, Universidade Federal de Pelotas, acostol@gmail.com

⁵ Doutora em Ciências, Universidade Federal de Pelotas, pegorarocamilanp@gmail.com

Nesse estudo foram avaliados 100 genótipos de arroz utilizados no Brasil. O cultivo foi realizado no campo da Estação Experimental Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado, em Capão do Leão, Rio Grande do Sul, durante a safra 2021/2022, conforme descrito por Chagas *et al.*, (2025). Foi utilizado delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. O manejo foi feito segundo as recomendações técnicas da Sociedade Sul-Brasileira de Arroz Irrigado (SOSBAI, 2018). Após a colheita as panículas foram acondicionadas em estufa de ar forçado a $\pm 70^{\circ}\text{C}$ até que os grãos atingissem massa constante e umidade adequada para armazenamento. Após a secagem realizou-se a debulha manual das panículas, e os grãos foram armazenados em câmara fria a 15°C até o momento da análise.

Os grãos foram submetidos ao descasque utilizando um engenho de provas modelo PAZ-1-DTA Testing Rice Mill (ZACCARIA, 2025). Em seguida, 50 g de grãos descascados de cada genótipo foram analisados em triplicata para quantificação da composição centesimal. Foi feita avaliação de proteínas, fibras brutas, lipídeos, umidade, cinzas e amido. As determinações foram realizadas com o equipamento NIRS modelo DS2500, que opera por espectroscopia no infravermelho próximo, com varredura no comprimento de onda entre 400 e 2500 nm (FOSS, 2024).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de normalidade dos resíduos e posteriormente à análise de variância, com nível de significância $p < 0,05$. A análise estatística foi realizada utilizando o software R (R CORE TEAM, 2020). Em seguida, foi calculada a distância Euclidiana entre os genótipos. Posteriormente, foi realizado o agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) (SOKAL & MICHELER, 1992).

O número ideal de grupos foi definido pelo critério de Mojena (1977), conforme a fórmula:

$$\text{Ponto de corte} = \mu + k * \sigma$$

em que μ representa a média da população, σ o desvio padrão e k é a constante 1,25. As análises foram conduzidas com auxílio dos softwares Orange (DEMSAR *et al.*, 2013) e Genes (CRUZ, 2016).

Resultados e Discussão

A análise de agrupamento pelo método UPGMA, baseada na distância Euclidiana, identificou oito grupos de genótipos, revelando a presença de variabilidade genética para composição centesimal na coleção estudada (Figura 1). Os grupos C1, C2 e C3 foram ocupados por um genótipo cada, respectivamente I-geo-tse (taiwanese), IAC 600 (arroz preto) e SCS Ruby (arroz vermelho). O grupo C4 foi composto por BRS A 901, BRS A 902 e Arroz da Terra, enquanto no grupo C5 estão BRS AG, IAC 301 e Tetep, sendo o último de origem vietnamita. O grupo C6 abriga os genótipos Cachinho, BRS A 702 CL e IAC 202, todos brasileiros. A maioria dos genótipos (83%) ficou no grupo C7. Por fim, o grupo C8, com 5% dos acessos, incluiu IRGA 418, IRGA 417, BRS Atalanta, BRS Agrisul e SCS 124 Sardo.

A separação isolada dos genótipos I-geo-tse, IAC 600 e SCS Ruby sugere perfis centesimais distintos, possivelmente influenciados por variantes genéticas, associadas ao acúmulo de fibras, lipídios, catequinas, flavonoides e antioxidantes (BROTMAN *et al.*, 2021). Esses compostos são geralmente encontrados em acessos pigmentados e menos comuns (CHEN *et al.*, 2022), o que reforça a ligação entre variabilidade genética e qualidade nutricional diferenciada tal como reportado por Mbanjo *et al.*, (2019). Esse comportamento indica que componentes genéticos específicos influenciam diretamente a composição dos grãos (BROTMAN *et al.*, 2021).

Os grupos formados por Arroz da Terra, BRS A 901 e BRS A 902 (grupo C4), Tetep, BRS AG e IAC 301 (grupo C5), BRS AG, IAC 301 e Tetep (C5), Cachinho, BRS A 702 CL e IAC 202 (C6) aponta para um padrão nutricional variado entre os genótipos de cada grupo. A variação nos teores de proteínas, lipídios e minerais nesses genótipos é decorrente da ação de múltiplos genes com efeito aditivo, como sugerido por Goffman; Pinson; Bergman, (2003). Conforme demonstrado por Pasion *et al.*, (2022), cerca de 109 genes candidatos explicam entre 5% e 20%

da variação fenotípica em micronutrientes, e até 40% quando considerados em conjunto. O entendimento da variabilidade genética presente nessa coleção revela o potencial para aprimorar a qualidade nutricional do arroz.

O maior número de genótipos no grupo C7 indica similaridade genética entre esses acessos, possivelmente ligada à seleção de características relacionadas ao rendimento, em detrimento de atributos nutricionais. Além disso, a preferência por genitores com os mesmos padrões também pode contribuir para a similaridade das características centesimais entre esses genótipos. Em contraste, os genótipos alocados nos grupos menores tendem a apresentar composições centesimais diferenciadas entre esses grupos, o que indica perfis genéticos mais diversos. Estudos como de Akshay *et al.*, (2022) e Fatema *et al.*, (2011) revelaram elevada herdabilidade para traços como teor de proteínas, ferro, zinco e amido, o que reforça a relevância de estudos de variabilidade genética para composição do grão (HEUBERGER *et al.*, 2010). A presente pesquisa evidencia a necessidade de ampliação da variabilidade genética em programas de melhoramento com foco na qualidade do grão, permitindo a seleção de genótipos superiores e a otimização de características nutricionais e tecnológicas.

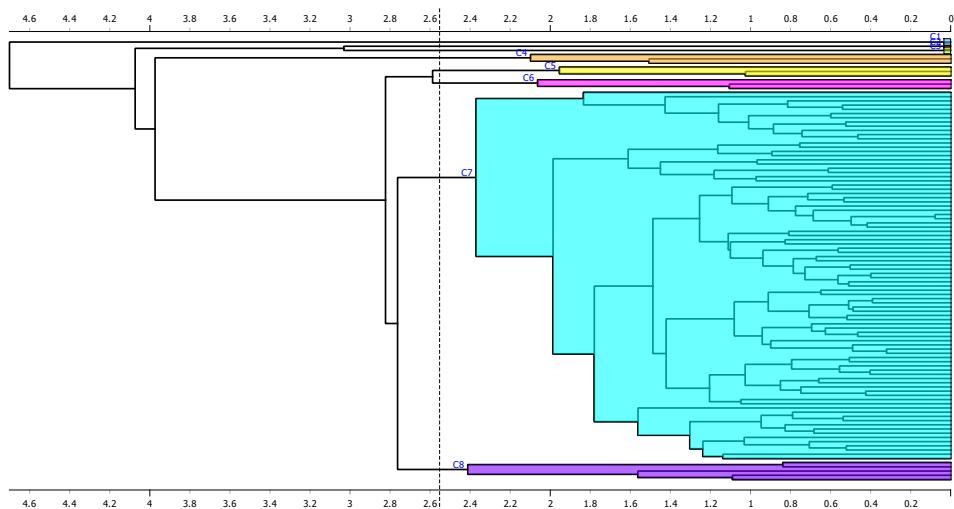


Figura 1 - Agrupamento de genótipos de arroz pelo método UPGMA, a partir de distância Euclidiana, com base na composição centesimal do grão.

Conclusões

Os resultados deste estudo revelam presença de variabilidade genética quanto à composição centesimal de grãos de arroz, o que pode ser empregado para proporcionar maior diversidade no mercado, ampliando as opções disponíveis para os consumidores, conforme suas exigências e preferências. Além disso, essa variabilidade representa uma fonte valiosa para programas de melhoramento, permitindo o desenvolvimento de cultivares que combinem atributos agronômicos de interesse, como produtividade e qualidade do grão, especialmente sua composição centesimal. Estudos complementares estão sendo conduzidos com o mesmo germoplasma, abordando outros aspectos de qualidade, incluindo características relacionadas à culinária e ao consumo, visando aprimorar ainda mais o potencial nutricional e tecnológico desses genótipos.

Referências

- AKSHAY, M. *et al.* Genetic variability studies for yield and yield related attributes in rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. *The Pharma Innovation Journal*, New Delhi, v. 11, n. 5, p. 167–172, 2022.
- ALAM, M. *et al.* Improving rice grain quality through ecotype breeding for enhancing food and nutritional security in Asia–Pacific region. *Rice*, Basel, v. 17, n. 1, p. 47, 2024.
- ALAM, Z. *et al.* Genetic variability and diversity analysis for some agronomic traits of a sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) collection: Insights for breeding superior genotypes. *Heliyon*, [s. l.], v. 10, n. 19, p. e38616, 2024.

- BEGNA, T.; TERESSA, T. Genetic variability and its benefits in crop improvement: a review. *Middle East Journal of Agriculture Research*, Cairo, v. 12, n. 3, p. 434–461, 2023.
- BROTMAN, Y. et al. The genetics underlying metabolic signatures in a brown rice diversity panel and their vital role in human nutrition. *Plant Journal*, Oxford, v. 106, n. 2, p. 507–525, 2021.
- CHAGAS, G. B. et al. Genome-wide association study identifies loci and candidate genes for root traits in rice grown in Brazil. *Crop Design*, [S. I.], p. 100095, 2025.
- CHEN, X. et al. Investigation of flavonoid components and their associated antioxidant capacity in different pigmented rice varieties. *Food Research International*, Barking, v. 161, July, p. 111726, 2022.
- CHENG, J. et al. Rice grain quality: where we are and where to go?. In: [S. I.]: [s. n.], 2022. p. 211–252.
- CRUZ, C. D. *Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV, 2001.
- DA SILVA, A. V. et al. 110 years of rice breeding at LSU: realized genetic gains and future optimization. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v. 138, n. 7, 2025.
- DAS, P.; ADAK, S. et al. Genetic manipulation for improved nutritional quality in rice. *Frontiers in Genetics*, Lausanne, v. 11, 2020.
- DEMSAR, J. et al. Orange: Data mining toolbox in Python. *Journal of Machine Learning Research*, [S. I.], v. 14, Aug., p. 2349–2353, 2013.
- FATEMA, K. et al. Genetic variability for grain quality traits in aromatic rice (*Oryza sativa* L.). *Bangladesh Journal of Plant Breeding and Genetics*, Dacca, v. 24, n. 2, p. 19–24, 2011.
- FOSS ANALYTICS. NIRS DS2500 L: The reliable and versatile Lab NIR. Disponível em: <https://www.fossanalytics.com/pt-br/products/nirs-ds2500-l>. Acesso em: 19 jun. 2024.
- GOFFMAN, F. D. et al. Genetic diversity for lipid content and fatty acid profile in rice bran. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, Champaign, v. 80, n. 5, p. 485–490, 2003.
- HEUBERGER, A. L. et al. Metabolomic and functional genomic analyses reveal varietal differences in bioactive compounds of cooked rice. *PLoS ONE*, San Francisco, v. 5, n. 9, p. e12915, 2010.
- HORI, K.; SUN, J. Rice grain size and quality. *Rice*, Basel, v. 15, n. 1, p. 33, 2022.
- KALITA, T. et al. Effect of different processing methods on the nutritional value of rice. *Current Research in Nutrition and Food Science*, New Delhi, v. 9, n. 2, p. 683–691, 2021.
- MBANJO, E. G. N. et al. Exploring the genetic diversity within traditional Philippine pigmented rice. *Rice*, Basel, v. 12, n. 1, 2019.
- NAEEM, I. et al. Aflatoxins in the rice production chain: a review on prevalence, detection, and decontamination strategies. *Food Research International*, Barking, v. 188, April, p. 114441, 2024.
- OLIVEIRA, M. Arroz: um alimento de verdade: fonte de nutrientes, aliado da saúde. Porto Alegre: SCP, 2021. v. 1.
- PASION, E. A. et al. Unraveling the genetics underlying micronutrient signatures of diversity panel present in brown rice through genome–ionome linkages. *The Plant Journal*, Oxford, v. 113, n. 4, p. 749–771, 2022.
- PEREIRA, R. M. et al. Lead in rice grain. In: THE FUTURE OF RICE DEMAND: QUALITY BEYOND PRODUCTIVITY. Cham: Springer International Publishing, 2020. p. 93–131.
- R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2020.
- OKAL, R. R.; MICHENNER, C. D. A statistical method for evaluating systematic relationships. *University of Kansas Science Bulletin*, Lawrence, v. 38, n. 22, p. 1409–1438, 1958.
- SOSBAI. Arroz Irrigado - Recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil. XXIX Reunião Técnica da Cultura do Arroz Irrigado, p. 205, 2018.
- WU, X. et al. Brown rice: a missing nutrient-rich health food. *Food Science and Human Wellness*, [s. I.], v. 12, n. 5, p. 1458–1470, 2023.
- ZACCARIA. AZ-1- DTA- Testing Rice Mill. 2025. Disponível em: <https://www.zaccaria.com.br>.