

CORRELAÇÕES E COEFICIENTES DE TRILHA DE CARACTERES DO
ARROZ (*Oryza sativa* L.) CULTIVADO SOB IRRIGAÇÃO NA REGIÃO
NORTE DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO

LEANDRO HEITOR RANGEL

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
DEZEMBRO – 2020

CORRELAÇÕES E COEFICIENTES DE TRILHA DE CARACTERES DO
ARROZ (*Oryza sativa* L.) CULTIVADO SOB IRRIGAÇÃO NA REGIÃO
NORTE DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO

LEANDRO HEITOR RANGEL

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal”

Orientador: Prof. Rogério Figueiredo Daher

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
DEZEMBRO – 2020

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

R196

Rangel, Leandro Heitor.

Correlações e coeficientes de trilha de caracteres do arroz (*Oryza sativa* L.) cultivado sob irrigação na região Norte do Estado do Rio de Janeiro. / Leandro Heitor Rangel. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

57 f.

Bibliografia: 38 - 44.

Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2020.

Orientador: Rogerio Figueiredo Daher.

1. melhoramento de plantas. 2. oriza sativa. 3. correlação de caracteres. 4. coeficiente de trilha. 5. irrigação. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 630

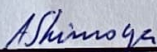
CORRELAÇÕES E COEFICIENTES DE TRILHA DE CARACTERES DO
ARROZ (*Oryza sativa* L.) CULTIVADO SOB IRRIGAÇÃO NA REGIÃO
NORTE DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO

LEANDRO HEITOR RANGEL

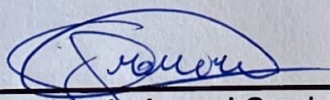
Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal.

Aprovado em 14 de dezembro de 2020

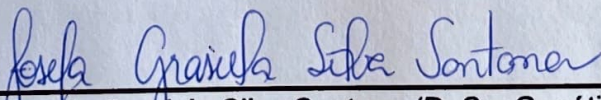
Comissão Examinadora



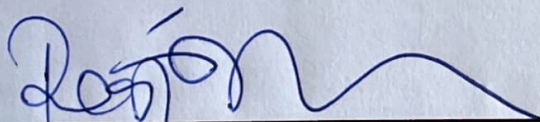
Dr. Aldo Shimoya (D.Sc., Genética e Melhoramento) – UCAM



Prof. Dr. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., Fitotecnia) - UENF



Prof. Dra. Joséfa Grasiela Silva Santana (D. Sc, Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



Prof. Dr. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF
(Orientador)

Em memória da minha prima Letícia Célia Heitor,
À minha mãe Vera Lúcia Heitor

AGRADECIMENTOS

Primeiro de tudo, gostaria de agradecer a Deus por me guiar, iluminar e me dar tranquilidade para seguir em frente com os meus objetivos e não desanimar com as dificuldades.

Trilhar este caminho só foi possível com o apoio, energia e força de várias pessoas, a quem dedico especialmente este projeto de vida.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e ao programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal (PPGPV) pela oportunidade de aprendizado e realização dessa pesquisa.

À coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de financiamento 001, pela bolsa.

Meu agradecimento mais profundo só poderia ser dedicado a uma pessoa: minha Mãe. O tempo todo ao meu lado, incondicionalmente. Nos momentos mais difíceis, que não foram raros neste último ano, sempre me fazendo acreditar que chegaria ao final desta difícil, porém gratificante etapa.

Agradeço aos amigos do LGBM – IFES – *Campus* de Alegre: José Dias, Fernanda, Rafael, Larissa, Talles e Monique, por toda ajuda e incentivo no decorrer desta trajetória.

Ao meu orientador Prof. Dr. Rogério Figueiredo Daher pela confiança depositada em mim para a realização desse trabalho e por todo conhecimento transmitido.

Agradeço a toda equipe da PESAGRO-RIO, em especial ao Dr. Silvino Amorim Neto, o qual não mediu esforços em ajudar na condução, explicação e em todas as etapas do experimento. Ainda, quanto aos professores, agradeço a todos eles do PPGPV, pelos ensinamentos que passaram, os quais foram, são e serão muito importantes para mim e para a minha vida profissional, assim como agradeço aos funcionários, que fazem com que tudo funcione da melhor maneira possível.

Aos colegas do LEAG, em especial, Larissa, Luana, Fernanda pela ajuda em campo e Derivaldo pela ajuda na construção das tabelas.

À Profa. Dr. Cláudia Lopes Prins pela amizade e incentivo no decorrer desta jornada.

À minha amiga, Gabriella Rodrigues Gonçalves, pelo apoio e por estar sempre comigo. Sem dúvidas, sem você, trilhar esse caminho seria mais difícil.

À minha amiga irmã, Mayara Cazadini Carlos, seus pais Alexandre e Marilza, sem vocês eu jamais completaria essa jornada, vocês foram fundamentais em todas as etapas dessa caminhada, obrigado por sempre caminharem comigo.

Agradeço a todos os colegas de mestrado, alguns desde a graduação, que vivenciaram momentos de estudos, de escrita de artigo e da tensão, no decorrer desta jornada.

Com vocês, queridos, divido a alegria desta experiência.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1- INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 ASPECTOS BOTÂNICOS, ORIGEM E DOMESTICAÇÃO DO ARROZ	4
2.2 ECOSSISTEMAS PARA CULTIVO DE ARROZ NO BRASIL	6
2.3 IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DO ARROZ (<i>ORYZA SATIVA</i> L.) SEU CULTIVO, PRODUÇÃO E CONSUMO.....	7
2.4 MELHORAMENTO GENÉTICO DO ARROZ	10
2.5 ANÁLISE DE TRILHA.....	11
3. MATERIAL E MÉTODOS	13
3.1 INSTALAÇÃO E CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO	13
3.2 CARACTERES AVALIADOS.....	14
3.3 ANÁLISES GENÉTICO-ESTATÍSTICAS.....	17
3.3.1 <i>Análise de variância individual e teste de agrupamento</i>	17
3.3.2 Estimativas dos coeficientes de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais.....	17

3.4 ANÁLISE DE TRILHA.....	18
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	21
5. CONCLUSÕES.....	37
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	38

RESUMO

RANGEL, Leandro Heitor. M.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Novembro de 2020; Correlações e coeficientes de trilha de caracteres do arroz (*Oryza sativa* L.) cultivado sob irrigação na região Norte do Estado do Rio de Janeiro. Orientador: D.Sc. Rogério Figueiredo Daher.

O arroz é um dos cereais mais produzidos e consumidos no mundo, caracterizando-se como principal alimento para mais da metade da população mundial. É excelente fonte de energia, devido à alta concentração de amido, fornecendo também proteínas, vitaminas e minerais, possui baixo teor de lipídios, e é um dos principais alimentos da dieta. O estudo das correlações entre caracteres tem aplicações em praticamente todos os campos de pesquisa. A correlação simples permite apenas avaliar a magnitude e o sentido da associação entre dois caracteres. A análise de trilha permite identificar o desdobramento das correlações em efeitos diretos e indiretos das variáveis sobre uma característica básica. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi caracterizar genótipos de arroz provenientes da parceira com o programa de melhoramento da PESAGRO-RIO, analisar as correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre características morfoagronômicas e de rendimento e desdobrar as correlações genotípicas por análise de trilha. Nesse sentido, foram avaliados vinte e cinco (25) genótipos de arroz (*Oryza sativa* L) na safra 2018/2019 na Estação Experimental do Centro de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da PESAGRO em Campos dos Goytacazes - RJ. A unidade experimental foi composta de 2 linhas de 10 m espaçadas com 30 cm entre linhas. A densidade de semeadura

foi de 100 kg por hectare (10 g por metro quadrado), totalizando uma área de 6,0 m². Foram eliminadas 1,25 m das extremidades das linhas das parcelas como bordadura, perfazendo uma área útil de 4,5 m². Foram avaliadas produtividade (PROD), dias de 50% florescimento (DLF), comprimento da folha bandeira (CFB), largura da folha bandeira (LFB), número de plantas m² (NP), número de grãos por panícula (NGP), massa de cem grãos (MCG), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS) e altura da planta (ALT). Foi realizada análise de variância individual e teste de agrupamento, utilizando o desdobramento de correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente. Os efeitos diretos e indiretos foram determinados a partir da análise de trilha, realizada a partir da matriz de correlações genotípicas, e para isso foi definido a variável dependente principal e as demais variáveis foram submetidas à análise com o objetivo de selecionar as variáveis explicativas que não causavam multicolinearidade na matriz de correlação. Para a análise de dados foi utilizado o programa GENES. As variáveis DFL, MCG, NP, NGP e CS não tiveram relação de causa e efeito com a variável PROD, pois as correlações foram desprezíveis. Já as variáveis ALT, CFB, LFB e LS apresentaram relação de causa e efeito com a variável PROD. Entre as variáveis que apresentaram relação de causa e efeito, pode-se destacar a variável LS com a variável PROD (-0,9633), pois foi a que apresentou o maior efeito direto, inferindo que a variável PROD foi explicada pela variável LS. De acordo com os resultados obtidos no presente trabalho, poucas variáveis da cultura possuíram associação linear. Entretanto, importantes relações que podem ser utilizadas como informações para futuros estudos com a cultura do arroz foram encontradas.

ABSTRACT

RANGEL, Leandro Heitor. M.Sc., State University of Northern Fluminense Darcy Ribeiro. November 2020; Correlations and character coefficients of rice (*Oryza sativa* L.) cultivated under irrigation in the northern region of the State of Rio de Janeiro. Advisor: D.Sc. Rogério Figueiredo Daher.

Rice is one of the most produced and consumed cereals in the world, being characterized as the main food for more than half of the world population. It is an excellent source of energy, due to the high concentration of starch, also providing proteins, vitamins and minerals, and has a low lipid content, it is one of the main foods in the diet, it is responsible for providing, on average, 715Kcal per capita per day, 27% carbohydrates, 20% proteins and 3% lipids in the diet. In Brazil, per capita consumption is 108g per day, providing 14% of carbohydrates, 10% of proteins and 0.8% of dietary lipids. The study of correlations between characters has applications in practically all fields of research. The simple correlation allows only to evaluate the magnitude and the direction of the association between two characters. The trail analysis allows to identify the unfolding of the correlations in direct and indirect effects of the variables on a basic characteristic. Thus, the objective of this research is to characterize rice genotypes from the partner with the improvement program with PESAGRO-RIO, to analyze the genotypic, phenotypic and environmental correlations between morpho-agronomic and yield characteristics and to unfold the genotypic correlations by trail analysis. . In this sense, twenty (25) genotypes of rice (*Oryza sativa* L.) of the Indica and Japanese subspecies were evaluated, in the 2018/2019 harvest at the

Experimental Station of the Research Center for Agroenergy and Waste Use, of PESAGRO in Campos dos Goytacazes / RJ. The experimental unit consisted of 2 rows of 10 m in length, spaced 30 cm between rows, with a sowing density of 100 kg seeds per hectare (10 g per square meter), totaling an area of 6.0 m², the first and last being eliminated line resulting in 4.5 m² of the plot's useful area. Yield, 50 % flowering days, flag leaf length, flag leaf width, number of plants/m², number of grains per panicle, mass of one hundred grains, seed length, seed width and plant height were evaluated. Individual variance analysis and grouping test were performed, using the unfolding of phenotypic, genotypic and environment correlations. The direct and indirect effects were determined from the trail analysis, performed from the matrix of genotypic correlations, for which the main dependent variable was defined and the other variables were subjected to analysis in order to select the explanatory variables that did not caused multicollinearity in the correlation matrix. For data analysis, the program GENES was used. The variables FD, MHG, NP, NGP and SL have no cause and effect relationship with the PROD variable, since the correlations are negligible. The variables PH, FLL, FLW and SL showed cause and effect relationship with the variable PROD. Among the variables that showed a cause and effect relationship, we can highlight the variable SL with the variable PROD (-0.9633), since it was the one that had the greatest direct effect, inferring that the variable PROD is explained by the variable SL. According to the results obtained in the present study, few cultural variables have a linear association. However, important relationships can be used as information for future studies with rice culture have been found.

1- INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é uma das culturas mais importantes do mundo, englobando cerca de 120 países e o consumo pela população mundial é hábito inquestionável e dificilmente sofrerá substituição. O processo evolutivo da rizicultura levou à adaptação das plantas às mais variadas condições ambientais. De maneira mais abrangente, no Brasil são considerados um dos grandes ecossistemas para a cultura, o de várzea (inundado) e de terras altas (sequeiro). O aumento da produção de arroz desempenhou papéis fundamentais na segurança alimentar, especialmente nos países em desenvolvimento da Ásia e da África (Chen, 2017).

Atualmente, a produção desta cultura é de aproximadamente 12.327,8 mil toneladas segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2017). Apesar de suprir a população mundial atual, estima-se que, até 2050, devido à demanda populacional, a produção de arroz tenha que aumentar de 60 a 110% a nível global (Gordfray et al., 2010; Tilman et al., 2011). Dessa forma, existe a necessidade do desenvolvimento de novas linhas considerando melhorias no rendimento em relação às variedades existentes. Segundo Spindel et al. (2015), o uso de métodos de melhoramento e seleção convencionais é extremamente demorado, em média, leva-se dez anos para que as variedades de elite sejam desenvolvidas e identificadas.

No Brasil, a produção nacional do arroz (*Oryza sativa* L.) tem sua maior concentração na Região Sul, responsável por 82% da oferta nacional, segundo as estatísticas da CONAB (2019). Esse cereal é um dos componentes de maior expressão da dieta alimentar, predominando a produção e o consumo do arroz branco,

mas também podem ser encontrados tipos especiais de arroz destinados a atenderem públicos de hábitos alimentares diversos. Segundo as estatísticas do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, em 2017 a produção foi de aproximadamente 12 milhões de toneladas em 2 milhões de hectares cultivados (IBGE, 2019).

A região Sudeste, tem uma área total cultivada com o cereal de 13,2 milhões de hectares na safra (2018/2019). Isso representa redução de 10,2% quando comparada a temporada anterior. Enquanto que a projeção de área cultivada com o arroz irrigado na região Sudeste é de 8,3 mil/ha para esta safra, representando redução de 6,7% em comparação a safra anterior (CONAB, 2019).

O melhoramento genético de plantas é uma ciência que traz contribuições para adaptação e aumento da produção das culturas que atendam ao novo cenário agrícola. O desenvolvimento e recomendação de cultivares com alto potencial produtivo é uma demanda prioritária (Ramalho et al., 2012; Greinier et al., 2015). Nesse sentido, a identificação de genótipos e lançamento de cultivares de arroz de terras altas altamente produtivas trará grande contribuição para manter os estoques da cultura, uma vez que o arroz é considerado base da alimentação diária de mais da metade da população mundial (Sneyd, 2016).

A correlação entre caracteres é útil na determinação dos componentes de um caráter complexo, como a produção. Entretanto, ela não explica de maneira exata, a importância relativa das influências diretas e indiretas de cada um desses caracteres (Vencovsky e Barriga, 1992). Dada a importância das relações causais entre caracteres nas estratégias de melhoramento, Wright (1934) propôs o método de análise de trilha (path coefficient analysis), o qual permite desdobrar o coeficiente de correlação em componentes de efeitos diretos e indiretos, possibilitando melhor entendimento de todos os fatores básicos (causas) e suas variáveis resultantes (efeitos).

Com o surgimento de programas específicos para uso em microcomputadores, a análise de trilha tem sido muito utilizada no melhoramento das mais variadas espécies. Dewei e Lu (1959) e Bhatt (1970) desenvolveram pesquisas com diversos genótipos de trigo. Lenka e Misra (1973), Shrivastana e Sharma (1976) e Rangel (1979) utilizaram este método no melhoramento do arroz. Duarte e Adams (1972) e Oliveira et al. (1990) empregaram esta técnica no estudo da variabilidade genética em cultivares e progênies de feijão. No melhoramento de clones de seringueira, Paiva et al. (1982) e Vasconcelos e Abreu (1983) usaram a mesma

metodologia obtendo resultados compensadores. Nesse sentido, esse trabalho teve como objetivo avaliar 25 genótipos e, por meio da análise de trilha, indicar características e suas correlações com os atributos de interesse comercial para o melhoramento do arroz.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 ASPECTOS BOTÂNICOS, ORIGEM E DOMESTICAÇÃO DO ARROZ

O gênero *Oryza* L. pertence à família Poaceae (gramíneas), subfamília Oryzoideae, tribo Oryzeae. Este gênero apresenta duas espécies cultivadas: *O. sativa* L. e *O. glaberrima* Steud (Lu, 1999). A *Oryza sativa* tem uma distribuição mundial, sendo que todas as variedades cultivadas no Brasil, pertencem a essa espécie. Entretanto, a espécie *O. glaberrima* possui uma distribuição restrita, e é cultivada somente na África.

O cultivo de arroz pode ser anual ou perene, o que possibilita a produção em condições de solos irrigados ou de sequeiro (Gomes; Magalhães Junior, 2004). As espécies cultivadas no mundo são *O. sativa* e *O. glaberrima* Steud, as duas são diploides com $2n=2x=24$ cromossomos (Acevedo e Castrillo, 2006; Magalhães e Oliveira, 2008).

A cultura do arroz (*Oryza sativa* L.) se originou há cerca de 10.000 anos, entretanto a sua origem ainda não está bem definida, mas possivelmente seja a Índia o país em que foi cultivado pela primeira vez, devido ao fato de que neste local foram encontrados muitos tipos de arroz do tipo selvagem. Entretanto, o desenvolvimento da cultura teve lugar na China, desde suas terras baixas às terras altas. Acredita-se que o arroz foi levado da Ásia para outras partes do mundo, provavelmente, por várias rotas (Jumare, 2014).

Alguns autores sugerem que a propagação do arroz teve início em dois lugares, o sudeste asiático e a Índia, até a China, há aproximadamente 3.000 anos A.C. Desde a China, foi levado para a Coréia e logo para o Japão (Acevedo; Castrillo, 2006; Magalhães; Oliveira, 2008). Do sul da China, provavelmente foi introduzido nas Filipinas. No mesmo tempo, pelo sul da Índia e pela rota da Malásia, foi levado para a Indonésia, e da Índia para o Ceilão. A Pérsia foi o lugar de onde espalhou a partir do oeste da Índia, chegando na região do Turquistão e logo à Mesopotâmia e à Arábia, posteriormente espalhou-se para a Turquia e a Síria.

Sua expansão continuou sendo levada ao Egito, Marrocos e Espanha (Magalhães; Oliveira, 2008), logo espalhou-se para a Itália e Portugal. Finalmente foi trazido para a América pelos espanhóis e ao Brasil pelos portugueses, este último país foi o primeiro lugar onde foi cultivado na América (CONAB, 2018). Em 1850 o arroz já era cultivado no Vale do Rio Magdalena, na Colômbia, graças a introdução realizada pelos espanhóis (Magalhães; Oliveira, 2008).

Analisando estudos prévios pode-se concluir que existem duas rotas evolutivas do arroz cultivado, sendo uma delas a rota da Ásia de onde se espalhou a espécie *Oryza sativa* L. há 10.000 anos e a rota da África de onde se originou o *Oryza glaberrima* há 3.000 anos (Sweeney; Mccouch, 2007; Stein et al., 2018).

A origem e distribuição do gênero *Oryza* aconteceu em diferentes lugares do mundo: *O. sativa*, *O. granulata*, *O. meyeriana*, *O. nivara*, *O. rufipogon*, *O. minuta* e *O. rhizomatis* são originários da Ásia; já *O. glaberrima*, *O. barthii*, *O. longistaminata*, *O. punctata* e *O. brachyantha* são originários da África; *O. glumaepatula*, *O. latifolia*, *O. alta* e *O. grandiglumis* da América e; *O. australiensis* e *O. meridionalis* da Austrália (Mccouch, 2007; Magalhães; Oliveira, 2008; Sweeney).

A evolução da espécie *O. sativa* resultou na formação de duas subespécies, indica e japônica. O arroz indica adaptou-se às regiões do Himalaia ao norte da Índia, Afeganistão e Irã. A subespécie Japônica foi domesticada no sudeste da Ásia. A partir dessa região o arroz foi introduzido para Filipinas, Indonésia, Malásia e Taiwan. Posteriormente os portugueses introduziram o arroz no continente Europeu e Americano.

No Brasil as variedades do sistema de cultivo irrigado são consideradas da subespécie indica, enquanto que as variedades de sequeiro são japônicas (Khush, 1997).

As principais mudanças na domesticação do arroz foram a diminuição do degreane da panícula, facilitando a coleta, além da adaptação ao trópico ou climas temperados (desde latitude de 35° sul na Argentina a 50° norte na China), ampla faixa de solos (110 países, desde o nível do mar até 3000 metros de altitude), uma maior ou menor dependência da água durante seu ciclo de vida (Acevedo; Castrillo, 2006), hábito de crescimento, a redução da dormência das sementes, o rendimento geral, a qualidade do ráquis, adaptações a habitats diversos e as propriedades culinárias dos grãos (Civáñ; Brown, 2017).

2.2 ECOSSISTEMAS PARA CULTIVO DE ARROZ NO BRASIL

Sobre o ecossistema de cultivo do cereal, pode-se considerar dois grandes tipos, que são o de terras altas e o de várzeas, assim englobando todos os subsistemas de cultivo de arroz existentes, segundo a EMBRAPA (1981).

O primeiro sistema, de terras altas, que também pode ser conhecido como arroz de sequeiro, é considerado uma cultura aeróbica de desenvolvimento radicular da planta, ou seja, o sistema tem uma necessidade maior de oxigênio para o sucesso do plantio, sendo sua dependência de água proveniente da precipitação pluvial, podendo ser complementada em períodos de seca com irrigação artificial caso necessário (EMBRAPA, 1981).

Já o segundo sistema, o arroz de várzeas, também conhecido como arroz irrigado, tem em suas características a plantação em planícies próximas a rios, estes, por sua vez, auxiliam na irrigação do terreno. Diferentemente do arroz de sequeiro, o arroz irrigado é considerado uma cultura anaeróbica, o que faz com que a planta busque outras formas de captura de oxigênio, visto que a semente se desenvolve imersa sob uma lâmina d'água (EMBRAPA, 1981).

De acordo com a CONAB (2018), a distribuição das principais áreas plantadas com arroz de sequeiro está localizada, principalmente, no Centro-Oeste e no Nordeste do Brasil, zonas de clima tropical. Já no sistema irrigado, tanto área plantada, quanto rendimento médio e produção relativa, o predomínio é na região Sul do país.

Dados da FAO (2018) apontam o Brasil como o 11º maior produtor de arroz no mundo em 1990, subindo para nono em 2016. Em 2017 foi de aproximadamente 12 milhões de toneladas em 2 milhões de hectares cultivados (IBGE, 2019).

Conforme o Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento – MAPA o Brasil apresenta mais de 75% de todo arroz cultivado no sistema de várzea, sendo os estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina os grandes responsáveis pelo abastecimento das necessidades da população. A participação gaúcha é de aproximadamente 70% e a catarinense próximo a 10% da necessidade do país.

2.3 IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DO ARROZ (*ORYZA SATIVA* L.) SEU CULTIVO, PRODUÇÃO E CONSUMO

No Brasil, a produção nacional do arroz (*Oryza sativa* L.) tem sua maior concentração na região Sul, responsável por 82% da oferta nacional, segundo as estatísticas da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2019).

A região Sudeste, tem uma projeção de área total cultivada com o cereal de 13,2 mil/ha para esta safra (2018/2019). Isso representa uma redução de 10,2% quando comparada à temporada anterior. Enquanto que a projeção de área cultivada com o arroz irrigado na região Sudeste é de 8,3 mil/ha para esta safra, representando uma redução de 6,7% em comparação à safra anterior (CONAB, 2019).

No estado do Rio de Janeiro foi estimado que a área total plantada na safra 2018/2019 foi de 388 ha e com isso produziu cerca de 613 toneladas gerando um lucro de 956 mil reais. Dessa área, 100 ha foi plantado na região Noroeste Fluminense, produzindo 366 toneladas, 280 ha na região Norte Fluminense com produção de 237 toneladas e 8 ha na Baixada gerando 10 toneladas, como descrito na Tabela 1.

A safra 2018/19 apresenta estimativa nacional de área na ordem de 1.696,9 mil hectares. Desse total, cerca de 79,6% (1.350,4 mil hectares) corresponde ao cultivo irrigado de arroz e os outros 20,4% (346,5 mil hectares) estão relacionados ao sistema de produção em condição de sequeiro. A produção nacional, atingiu 10.509,8 mil toneladas, apresentando um declínio em relação à safra passada de 12,9%. A produção na região Sudeste, atingiu 54,2 mil toneladas, apresentando um declínio em relação à safra passada de 2,3% em comparação à safra anterior (CONAB, 2019).

Nas regiões Norte e Noroeste Fluminense, predominam os sistemas de semeadura direta (manual em covas e mecanizada) e o de transplântio de mudas, segundo Amorim Neto et al. (1980) e Amorim Neto et al. (2002c).

Nas regiões das Baixadas Litorâneas, predomina o sistema de semeadura direta, a lanço ou em linhas. A quantidade de semente necessária é de 100 kg/ha,

aproximadamente. O Rio Grande do Sul, atende por aproximadamente 70% da produção brasileira do grão (CONAB, 2018), sendo que, no estado seu cultivo é realizado sob sistema irrigado, contemplando uma maior produtividade em relação ao cultivo de sequeiro.

Tabela 1: Área plantada, área colhida, quantidade produzida, rendimento médio e valor da produção das lavouras temporárias – Arroz (em casca) dos municípios produtores de arroz do estado do Rio de Janeiro

Regiões/Municípios	Área		Quantidade produzida (t)	Variável	
	(ha)	%*		Rendimento médio do grão (kg/ha)	Valor da produção (Mil reais)
NOROESTE FLUMINENSE	100	1	366	21.157	758
Itaperuna	50	0,5	180	6857	405
Italva	20	0,2	90	4500	261
Santo Antônio de Pádua	15	0,15	48	3200	46
Aperibé	2	0,02	6	3000	6
Cambuci	8	0,08	24	3000	22
São José de Ubá	5	0,05	18	3600	18
NORTE FLUMINENSE	280	2,8	237	12.225	188
Macaé	250	2,5	153	3825	122
Centro Fluminense	10	0,1	28	2800	22
Cantagalo-Cordeiro	10	0,1	28	2800	22
Cantagalo	10	0,1	28	2800	22
BAIXADAS	8	0,08	10	2500	10
Bacia de São João	4	0,04	5	1250	5
Silva Jardim	4	0,04	5	1250	5
Total do Estado	388	3,88	613	35.882	956

Fonte: IBGE (2018) – Produção Agrícola Municipal.

2.4 MELHORAMENTO GENÉTICO DO ARROZ

O aumento da produção de alimentos está diretamente relacionado à manipulação das características genéticas das diferentes espécies vegetais (Borém, 2001). O desenvolvimento de novas cultivares, por meio do melhoramento de plantas, tem sido a base que sustenta a agricultura moderna (Bueno et al., 2001). O melhoramento genético desempenha papel fundamental da viabilização das culturas, por meio do desenvolvimento de novas cultivares adaptadas às diversas regiões. Os ganhos obtidos em programas de melhoramento é que indicam de fato sua eficiência frente a essa premissa de garantir, cada vez mais, o aumento do potencial das espécies cultivadas e de interesse comercial.

Em se tratando de melhoramento de arroz, em Minas Gerais (Santos et al., 1997), no período compreendido entre 1974 e 1996, os ganhos foram de aproximadamente 6,06% ao ano em sua primeira fase entre anos agrícolas de 1974/1975 a 1979/1980. Já na segunda fase, os ganhos foram de 0,25%, entre os anos agrícolas de 1980/1981 a 1995/1996. Os elevados ganhos obtidos na primeira fase se deram, essencialmente, pela substituição de cultivares tradicionais por outras melhoradas para maior produtividade. O menor ganho genético, apresentado no segundo ciclo, segundo os autores, se deu pelo desenvolvimento do melhoramento com objetivo de obtenção de genótipos com maior resistência a doenças e atributos relacionados à qualidade dos grãos (Souza et al., 2007).

O ganho genético obtido pelo programa de melhoramento do arroz de terras altas, desenvolvido em Minas Gerais, no período de 1974/1975 a 1994/1995, foi de 1,26% ao ano nas cultivares precoces, e de 3,37% ao ano nas de ciclo médio (Soares et al., 1999). O arroz irrigado desenvolvido na região Meio-Norte do Brasil obteve ganho genético anual de 0,3%, no período de 1983 a 1987 (RANGEL et al., 2000). Ganhos genéticos anuais de 3,02% na produtividade do arroz de várzea úmida, no estado do Amapá, foram estimados por Atroch e Nunes (2000). Breseghello et al. (1999) relatam que o ganho genético para rendimento de grãos do arroz irrigado foi baixo no Nordeste brasileiro no período de 1984 a 1993. Em grande parte, isto se deve ao fato de o melhoramento genético ter sido direcionado para a obtenção de melhor qualidade de grãos das cultivares, em que se alcançaram ganhos genéticos consideráveis.

Até a década de 1960, a produtividade média de arroz no estado do Rio de Janeiro era de 1.300 kg/ha. Com a criação da PESAGRO-RIO, em 1976, iniciou-se o programa de melhoramento de arroz, visando ao aumento da produtividade e a melhoria da qualidade. Após a introdução de centenas de cultivares e linhagens, foram selecionadas e recomendadas para uso extensivo no estado 12 cultivares de arroz irrigado. Com a substituição das cultivares tradicionais de ciclo longo e de porte alto por cultivares modernas, a produtividade média elevou-se para 3.600 kg/ha, sendo comum alguns produtores colherem acima de 6000 kg/ha.

Programas de melhoramento de plantas visam obter cultivares que associam alta produtividade de grãos a outras características agronômicas interessantes (Bernardo, 2010). No entanto, o melhoramento para múltiplas características é geralmente mais difícil quando comparado a uma única característica isolada. As correlações genéticas e fenotípicas são positivas ou negativas e, mais importante, favoráveis ou desfavoráveis, de modo que a seleção para uma característica pode ter uma repercussão positiva ou negativa em outra característica. Portanto, o sucesso de qualquer programa de melhoramento depende diretamente da capacidade do melhorista selecionar genótipos geneticamente superiores para múltiplas características simultaneamente (Borém; Miranda, 2009; Ramalho et al., 2012).

Mais recentemente, em um trabalho com análise multivariada, Sharifi e Ebadi (2018) revelaram que características associadas à panícula (comprimento e peso) e aos grãos (número de grãos cheios, rendimento de cem grãos, largura de grãos e percentual de fertilidade) são eficientes ferramentas para seleção indireta de genótipos mais produtivos.

2.5 ANÁLISE DE TRILHA

As estimativas dos coeficientes de correlação permitem prever as alterações em uma característica específica que é causada pela pressão de seleção imposta indiretamente sobre outras características (Ribeiro et al., 2001). Esta análise é de grande relevância, porque, em programas de melhoramento, além de permitir promover os ganhos desejados sobre uma característica específica, outras características da planta são geralmente melhoradas (Cruz et al., 2006).

Entretanto, apesar de ser muito útil na quantificação da influência da magnitude e direção dos componentes na determinação dos caracteres principais, os

coeficientes de correlação não fornecem a importância relativa de efeitos diretos e indiretos de tais componentes (Silva et al., 2009).

O método de análise de trilha desenvolvido por Wright (1921) permite o desdobramento dos coeficientes de correlação em efeitos diretos e indiretos. Estes efeitos, por sua vez, podem ser determinados por meio da análise de trilha, com o desdobramento do coeficiente de correlação para os caracteres analisados em efeito direto e indireto, proporcionando maior confiabilidade nas interpretações causa e efeito entre as características estudadas (Gonçalves et al., 2017). Desse modo, lançando mão desses métodos, o programa de melhoramento pode praticar a seleção de características de interesse como a produtividade indiretamente, tornando o processo de seleção mais eficiente (Ribeiro et al., 2016).

A produtividade de grãos é considerada uma característica complexa do ponto de vista do melhoramento genético, uma vez que é resultante da expressão e associação de diversos componentes de produtividade (Amorim et al., 2008). Para a cultura do arroz, mais recentemente Streck et al. (2018), em um estudo colaborativo com a EMBRAPA Clima Temperado, avaliando seis genótipos de arroz irrigado, encontraram que características como número de espiguetas férteis, número de panículas por metro quadrado, a massa de panículas e a massa de mil grãos influenciaram o rendimento de grãos, tanto pela correlação fenotípica quanto pelos efeitos diretos. Além disso, os autores mostraram que houve uma tendência linear direta alta dessas variáveis em relação à produtividade. O comprimento de panícula e o número de espiguetas estéreis mostraram um potencial de uso na seleção indireta para produtividade de grãos. Os resultados apresentados corroboram com os resultados encontrados por outros autores (Aditya; Bhartiya, 2013). Desse modo, encontrar características associadas direta ou indiretamente sobre a variável de interesse agrônomo pode fornecer uma maior ferramenta para a seleção de cultivares superiores para determinadas regiões, como é o caso do Norte e Noroeste Fluminense, que não possuem recomendação de cultivares.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 INSTALAÇÃO E CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO

O experimento foi instalado nas dependências do Centro Estadual de Pesquisas em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR) da PESAGRO-Rio, na região Norte Fluminense, em Campos dos Goytacazes, RJ, situada a 21°44'47" S, 41°18'24" W e 11m de altitude.

De acordo com o sistema de classificação de Koppen (1948), o clima da região Norte Fluminense é do tipo Aw, tropical quente e úmido, com período seco no inverno e chuvoso no verão, com precipitação anual em torno de 1.153 mm (Mendonça et al., 2007).

O solo é classificado como Latossolo Amarelo, o qual apresentou pela análise de solo as seguintes características: pH 5,3; P (mg dm^{-3}) 27; K (mg dm^{-3}) 148; Ca (cmolc dm^{-3}) 3,4; Mg (cmolc dm^{-3}) 1,9; Al (cmolc dm^{-3}) 0,1; H + Al (cmolc dm^{-3}) 3,1 e C (%) 1,6.

A instalação do experimento ocorreu no dia 13 de outubro de 2018, utilizando-se sementes provenientes da EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAF), Goiânia - GO, sendo utilizado o sistema convencional de preparo do solo com grade aradora, seguida de nivelamento do solo com a grade niveladora e, logo após, utilizou-se a plaina para deixar o solo bem uniforme. Foi realizada a adubação química de plantio para estabelecimento, com base nos resultados da análise química e no requerimento nutricional da espécie. Na condução do

experimento, a adubação e calagem foi realizada de acordo com os resultados obtidos na análise de solos e recomendados para a cultura.

3.2 CARACTERES AVALIADOS

As avaliações foram realizadas em cinco plantas individuais de cada parcela e foram aferidos os seguintes caracteres:

a) Produtividade (PROD) – foi obtido através do peso total dos grãos colhidos dentro da área útil transformada Kg/ha;

b) Dias de florescimento (DFL) – foi realizado com base no número total de dias transcorridos da semeadura até o atingimento de 50% das panículas floridas;

c) Peso médio de cem grãos (MCG) – foi realizado com base na pesagem de dez repetições de 100 sementes, ajustadas para 13% de umidade;

d) Comprimento da folha bandeira (CFB) - foi realizado por meio da medição do comprimento da folha bandeira desde a lígula até a ponta da lâmina da folha, em cm;

e) Largura da folha bandeira (LFB) - foi obtida por meio da medição da porção mais larga da folha bandeira, em cm;

f) Altura de planta (ALT) – As medidas de altura de planta foram mensuradas com auxílio de trena métrica, em metros, da superfície do solo a folha bandeira;

g) Número de plantas por m² (NP) – obtido pela contagem de plantas por m²;

h) Número de grãos por panícula (NGP) – obtido pela contagem de grãos;

i) Comprimento da semente (CS) - foi realizada medições com uso de paquímetro, em mm; e

j) Largura da semente (LS) - foi realizada medições com uso de paquímetro, na parte mais larga, em mm.

Os genótipos utilizados no experimento são provenientes da EMBRAPA -. Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP), Goiânia - GO. (Tabela 1).

Tabela 2: Identificação dos 25 genótipos de arroz avaliados, Campos dos Goytacazes, RJ, 2018/2019

GENÓTIPO	CROSS	CRUZAMENTO	ORIGEM
BRS Catiana	Irga 417/Juburu		A18MUL001
BRS Pampeira	CNA x 8133		A18MUL001
BRS A702 CL	CNA x 13682		A18MUL001
Irga 424	Irga 424		A18MUL001
AB161243-RH	CNA x 18949-4-3	BRS Catiana/CNA x 18767-4	Mult /Dr Paulo Hideo
AB161255-RH	CNA x 18949-9-2	BRS Catiana/CNA x 18767-9	Mult /Dr Paulo Hideo
AB161256-RH	CNA x 18951-3-2	BRA051083/CNA x 18769-3	Mult /Dr Paulo Hideo
AB14739	CNA x 16865-B-6-B-B-1-B	BRA040081/Irga 424	A18MUL001
AB14826	CNAx16811-B-11-B-B-5-B	Irga 424/BRA040075	A18MUL001
AB151158	CNAx17384-B-15-B-B-11-B	CNAi10926/BRA051077	A18MUL001
AB161203	CNAx17925-4-3-B-B-2	CNAi10914/Ourominas/Alvorada/Java	A18MUL001
AB161227	CNAx17384-INC	CNAi10926/BRA051077	A18MUL001
AB161229	CNAx17384-INC	CNAi10926/BRA051077	A18MUL001
AB 161235	CNAx16608-B-15-B-B-5	CNAi0914/BRA01381	A18MUL001
AB163236	CNAx16608-B-15-B-B-5	CNAi10914/BRA01381	A18MUL001
AB181097-RH	CNAx19841RH-6-1	BRS A702 CL/CNA 10903	Mult /Dr Paulo Hideo

Tabela 2: Continuação

GENÓTIPO	CROSS	CRUZAMENTO	ORIGEM
AB181098-RH	CNAx19841RH-9-1	BRS A702 CL/CNA 10903	Mult /Dr Paulo Hideo
AB181106-RH	CNAx19842RH-1-2	BRS A702 CL/CNA10891	Mult /Dr Paulo Hideo
AB181107-RH	CNAx19842RH-3-2	BRS A702 CL/CNA10891	Mult /Dr Paulo Hideo
SCS 122 Miura	SCS 122 Miura		EPAGRI
Epagri 109			
BRS Tropical			
BRS 902			
SCS Ônix Preto			
BRS Esmeralda			

Fonte: O autor

O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso, com quatro repetições. A unidade experimental foi composta de 2 linhas de 10 m espaçadas com 30 cm entre linhas. A densidade de semeadura foi de 100 kg por hectare (10 g por metro quadrado), totalizando uma área de 6,0 m². Foram eliminadas 1,25 m das extremidades das linhas das parcelas como bordadura, perfazendo uma área útil de 4,5 m². Os tratamentos consistiram em 25 genótipos de arroz, provenientes da EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP), localizado em Goiânia - GO.

A adubação de plantio foi definida com base nas análises de solo da área experimental e recomendações de adubação para o estado do Rio de Janeiro propostas por Freire et al. (2013) e consistiu na distribuição de 300 kg ha⁻¹ de ureia, e 80 dias após a germinação, foi aplicado 90 kg de N por ha⁻¹. O sistema de irrigação adotado foi o de inundação permanente até o estágio final de maturação dos grãos, sendo todos os manejos e adubações feitos de acordo com as recomendações técnicas para a cultura (Sosbai, 2016).

3.3 ANÁLISES GENÉTICO-ESTATÍSTICAS

3.3.1 *Análise de variância individual e teste de agrupamento*

Para a análise estatística dos dados, foi realizada uma análise de variância (ANOVA) e teste F, considerando o seguinte modelo:

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

Em que:

μ : é a média;

G_i : é o efeito fixo do i-ésimo genótipo;

B_j : é o efeito do j-ésimo bloco;

ε_{ij} : é o erro experimental associado à parcela Y_{ij} .

Verificada a existência de diferença significativa entre os genótipos, foi realizado o teste de médias de Scott e Knott ($p < 0,05$) para agrupamento dos genótipos com base no seu desempenho para os caracteres estudados.

3.3.2 Estimativas dos coeficientes de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais

As correlações genéticas foram estimadas pelo programa Genes (Cruz, 2016), utilizando o desdobramento de correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente descritas por Steel e Torrie (1960). As estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_G), fenotípica (r_F) e de ambiente (r_E) foram obtidas mediante análises de covariâncias, combinando os dados dos dez caracteres em todas as formas possíveis. Foi empregado o teste t para examinar a significância estatística das estimativas ao nível de 1% e 5% de probabilidade.

Os estimadores dos coeficientes de correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente foram obtidos pelas expressões:

a) Correlações fenotípicas

$$r_f = \frac{COV_{F(x,y)}}{\sqrt{\sigma^2_{Fx} \cdot \sigma^2_{Fy}}}$$

b) Correlações genotípicas

$$r_g = \frac{COV_{G(x,y)}}{\sqrt{\sigma^2_{Gx} \cdot \sigma^2_{Gy}}}$$

c) Correlações de ambiente

$$r_a = \frac{COV_{aA(x,y)}}{\sqrt{\sigma^2_{Ax} \cdot \sigma^2_{Ay}}}$$

Em que:

$COV_{F(x,y)}$, $COV_{G(x,y)}$ e $COV_{A(x,y)}$ correspondem, respectivamente, às covariâncias fenotípicas, genotípicas e ambientais entre os caracteres x e y; σ^2_{Fx} , σ^2_{Gx} e σ^2_{Ax} e correspondem às variâncias fenotípica, genotípica e ambiental do caráter x; σ^2_{Fy} , σ^2_{Gy} e σ^2_{Ay} correspondem, respectivamente às variâncias fenotípica, genotípica e ambiental do caráter y. A significância dos coeficientes de correlação genotípica (r_G), fenotípica (r_F) e de ambiente (r_E) foi avaliada pelo teste t, com 5% e 1% de significância (Steel e Torrie, 1980).

3.4 ANÁLISE DE TRILHA

A análise de trilha foi realizada utilizando o programa Genes (Cruz, 2013) a partir da matriz de correlações genotípicas, considerando o caractere produção de grãos por planta como a variável dependente principal, e ciclo de florescimento, massa

de cem grãos, comprimento da folha bandeira, largura da folha bandeira, altura da planta, número de grãos por panícula, número de plantas por m², comprimento da semente e largura da semente, como variáveis explicativas independentes.

Os valores de cada caractere, por parcela, foram tabulados e, em seguida, realizada a análise de variância, a fim de gerar a matriz de correlações genotípicas (*rg*) (Mode e Robinson, 1959). A matriz de *rg* será submetida ao teste de colinearidade de acordo com Montgomery e Peck (1981).

As *rg* serão utilizadas para a estimação dos coeficientes de trilha, desdobrando-as em efeitos diretos (p_{jy}) e indiretos ($r_{ij}p_{jy}$), por meio das estimativas das equações de regressão, de acordo com o modelo de caracteres primários que explicam a variação de Y (PROD). Assim, r_{ij} é o coeficiente de correlação do caractere *i* com *j*, e p_{jy} é o efeito direto (ou coeficiente de trilha) do caractere *j* no produto final Y.

A análise de trilha foi realizada a partir da matriz de correlação genotípica. Os coeficientes de trilha foram obtidos pela metodologia proposta por Cruz et al. (2016).

As relações entre as variáveis foram estimadas pelos coeficientes de correlações genotípicos. Os efeitos diretos e indiretos foram estimados a partir da análise de trilha, definindo como variável dependente principal a produtividade e, sendo as demais variáveis submetidas à análise com o objetivo de selecionar as variáveis explicativas que não causavam multicolinearidade na matriz de correlação.

Realizou-se o diagnóstico de multicolinearidade entre as variáveis explicativas por meio da análise do número de condição, usando a expressão (1), conforme abaixo:

$$NC = \frac{\lambda \max}{\lambda \min} \quad (1)$$

Onde NC representa a razão entre o maior e o menor autovalor da matriz de correlações. Sendo que $NC < 100$ indica que não há problemas sérios relacionados à multicolinearidade (fraca), $100 < NC < 1000$ indica problemas moderados a multicolinearidade e $NC > 1000$ indica fortes evidências de multicolinearidade.

E pelo fator de inflação de variância, onde $VIF < 10$ indica fraca multicolinearidade e $VIF > 10$ indica elevada multicolinearidade, usando a expressão (2), conforme abaixo:

$$VIF = \frac{1}{1 - R_j^2} \quad (2)$$

Onde,

R_j^2 = coeficiente de determinação.

O diagnóstico de multicolinearidade foi realizado dentro de cada grupo de variáveis pelo Fator de inflação da variância (VIF) inferior a 10 (Hair et al., 2009) e número de condição (NC) inferior a 100 (Montgomery e Peck 1982) utilizando-se no grupo apenas variáveis que não causam multicolinearidade. Todas as análises estatísticas foram realizadas com o uso do programa computacional genes (Cruz, 1997). As análises estatísticas foram realizadas no programa GENES.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para analisar a significância do efeito dos genótipos avaliados em caracteres morfoagronômicos e produtividade foi realizada análise de variância (Tabela 3).

Observou-se efeito significativo para tratamento ($P < 0,01$) para todas as características avaliadas, exceto para característica comprimento da folha bandeira (CFB), que não apresentou diferenças significativas ($P > 0,05$). Esses resultados evidenciam a presença de variabilidade entre os vinte e cinco genótipos avaliados, condição importante para a exploração dos dados pela análise de trilha (Borges et al., 2011).

Quanto à precisão experimental, representada pelo coeficiente de variação (CV), o maior coeficiente de variação encontrado foi para o caractere produtividade (18%), e o menor foi para o caractere número de plantas por m^2 (3%).

Diante do exposto, os CV(s) para as características diâmetro da folha bandeira (DFB), altura da planta (ALT), largura da folha bandeira (LFB), massa de cem grãos (MCG), número de plantas (NP), número de grãos por panícula (NGP), comprimento da semente (CS) e largura da semente (LS), foram considerados baixos. Com relação à produtividade (PROD) e comprimento da folha bandeira (CFB), os coeficientes de variação foram considerados médios.

Tabela 3: Análise de variância dos caracteres morfoagronômicos de vinte e cinco genótipos de arroz, durante a safra 2018/2019 Campos dos Goytacazes – RJ

F.V	G.L	QUADRADOS MÉDIOS									
		PROD	DFL	ALT	CFB	LFB	MCG	NP	NGP	CS	LS
Blocos	3	10,89	250,09	86,41	58,46	2,24	0,02	230,96	36,41	0,04	0,003
Tratamento	24	6,47**	140,71**	187,42**	25,54 ^{ns}	2,89**	0,16**	2813,74**	558,96**	0,80**	-,009**
Erro	72	1,18	76,61	64,42	15,53	0,64	0,008	103,33	34,76	0,09	0,007
Média		6,05	115,61	113,52	33,53	11,22	2,69	338,48	128,13	7,22	2,31
CV (%)		18,00	7,57	7,07	11,75	7,16	3,42	3,00	4,60	4,20	3,79

(**, * e ns) significativo em nível de 1%, 5% e não significativo pelo teste F, respectivamente. PROD: Produtividade em t.ha-1 ; DFL: Dias de florescimento = L; ALT: Altura da planta em centímetros; CFB: Comprimento médio da folha bandeira em centímetros; LFB: Largura média da folha bandeira em centímetros; MCG: Peso médio de cem grãos em gramas; NP: Número de plantas por metro quadrado; NGP: Número de grãos por panícula em contagem de grãos; CS: Comprimento da semente em milímetros e LS: Largura da semente em milímetros.

Os coeficientes de variação CV(s) que indicam a precisão do experimento, em ensaios agrícolas de campo, podem ser considerados baixos se inferiores a 10%, médios, entre 10% a 20%, altos, entre 20% e 30%, e muito altos, para valores superiores a 30% (Fonseca e Martins, 1996).

No que se refere às médias das características agrônômicas (Tabela 4), produtividade (PROD) apresentou média dos genótipos avaliados de 6,05 t/ha⁻¹, variando de 2,80 t/ha⁻¹ a 8,07 t/ha⁻¹. O maior rendimento/ha foi encontrado nos genótipos Epagri 109, BRS Tropical, BRS Pampeira, AB161203, AB161256-RH, AB161106-RH, AB181098-RH, SCS 122 Miura, AB161255-RH, AB161235, BRS Catiana, AB181097-RH, BRS 902 e AB161227, enquanto os menores valores foram observados nos genótipos SCS Ônix Preto e BRS Esmeralda.

O número de dias a 50% de floração (DFL) ocorreu entre 103,25 e 125 dias, como observado em EPAGRI 109 e IRGA 424, respectivamente. O menor DFL foi encontrado em Epagri 109 (103,25 dias), que foi estatisticamente semelhante ao BRS Tropical, BRS Pampeira, AB161203, AB181106-RH, AB 181098-RH, SCS 122 Miura, BRS Catiana, AB181097-RH, BRS 902, AB161227, AB161234-RH, AB181107-RH, AB163236, AB151158, AB14826, SCS Onix Preto e BRS Esmeralda.

O maior DFL foi encontrado em IRGA 424 (125 dias), que não se diferiu estatisticamente dos genótipos, AB161255-RH, AB161235, AB14739, AB161229 e BRS A702 CL. Os dias de florescimento variaram significativamente ($P < 0,05$). Para o caráter altura de planta (ALT), a média dos genótipos avaliados foi de 113,53 cm, com variação entre 95,0 a 125,43 cm. O maior número de planta foi encontrado em BRS Esmeralda (125,43 cm), que foi estatisticamente semelhante ao BRS Tropical, AB161235, BRS Catiana, AB181097-RH, BRS902, AB161243-RH, AB14739, AB163236, IRGA424, AB161229, BRS A702 CL e AB151158 e a menor altura foi observada no genótipo SCS Ônix Preto (95,0 cm), que foi estatisticamente semelhante aos genótipos EPAGRI 109, BRS Pampeira, AB161203, AB161256-RH, AB161106-RH, AB181098RH, SCS 122 Miura, AB161255-RH, AB161227, AB181107-RH e AB14826.

Tabela 4: Médias da Produtividade (PROD), Dias de florescimento (DFL), Altura de planta (ALT), Comprimento da folha bandeira (CFB), Largura da folha bandeira (LFB), Massa de cem grãos (MCG), Número de panículas (NP), Número de grãos por panícula (NGP), Comprimento da semente (CS) e Largura da semente (LS) de genótipos de arroz na safra 2018/2019 (Campos dos Goytacazes – RJ)

GENÓTIPO	PROD	DFL	ALT	CFB	LFB	MCG	NP	NGP	CS	LS
EPAGRI 109	8,07a	103,25a	110,38b	35,20a	12,44a	2,96a	334,25d	117,25d	7,96a	2,25b
BRS TROPICAL	8,01a	108,50a	115,00a	36,65a	12,38a	2,70b	327,00d	124,75d	7,20b	2,27b
BRS PAMPEIRA	7,70a	114,00a	110,75b	32,48b	9,91c	2,97a	319,25e	138,75b	7,33b	2,35b
AB 161203	7,11a	114,00a	105,50b	33,59b	12,20a	2,77b	316,75e	134,00c	7,30b	2,36b
AB 161256 – RH	7,07a	123,50b	108,50b	32,43b	10,49b	2,32d	314,75e	129,50c	7,23b	2,30b
AB 181106 – RH	6,99a	114,75a	110,75b	37,11a	12,12a	2,80b	330,75d	123,25d	7,11b	2,16c
AB 181098 – RH	6,87a	112,00a	109,50b	34,20b	10,83b	2,87a	323,00e	129,25c	7,52b	2,24b
SCS 122 MIURA	6,81a	115,25a	105,50b	31,82b	11,16b	2,62c	341,25c	127,00d	7,13b	2,30b
AB 161255 – RH	6,71a	121,25b	109,00b	31,84b	10,91b	2,95a	339,50c	129,00c	7,32b	2,33b
AB 161235	6,35a	120,25b	118,75a	37,69a	12,12a	2,60c	329,50d	119,50d	7,44b	2,14c
BRS CATIANA	6,21a	114,00a	116,00a	30,64b	09,70c	2,75b	363,50b	121,00d	7,43b	2,32b
AB 181097 – RH	6,16a	115,50a	117,75a	36,86a	11,12b	2,42d	342,00c	120,75d	7,35b	2,28b
BRS 902	6,10a	104,00a	124,00a	31,15b	10,89b	2,40d	327,00d	126,75d	6,39c	2,79 ^a
AB 161227	6,01a	124,25b	109,25b	36,93a	11,45a	2,35d	337,75c	133,50c	7,47b	2,30b
AB 161243 – RH	5,84b	116,00a	116,25a	30,49b	10,96b	2,52c	346,25c	118,25d	7,85a	2,25b
AB 14739	5,74b	121,00b	121,00a	29,01b	10,83b	2,50c	337,00c	142,75b	7,26b	2,26b
AB 181107 – RH	5,69b	119,75a	105,25b	31,43b	12,20a	2,97a	317,25e	124,00d	7,25b	2,13c
AB 163236	5,61b	116,00a	116,00a	33,48b	11,08b	2,67b	357,75b	110,25d	7,14b	2,22c
IRGA 424	5,59b	125,00b	120,75a	32,56b	10,29c	2,57c	451,75a	171,75a	7,29b	2,37b
AB 161229	5,28b	120,00b	117,25a	37,06a	11,87a	2,97a	325,25d	122,25d	7,20b	2,28b
BRS A702 CL	5,28b	120,50b	118,75a	31,53b	9,70c	2,75b	349,25c	137,50b	7,18b	2,29b
AB 151158	5,27b	115,50a	115,5a	34,23b	11,91a	2,77b	328,00d	135,25b	7,39b	2,33b
AB 14826	4,94b	115,50a	116,25a	32,97b	10,75b	2,70b	333,25d	124,25d	7,10b	2,15c
SCS ÔNIX PRETO	3,03c	106,25a	95,00b	31,15b	10,89b	2,86a	335,75d	123,25d	5,56d	2,74a
BRS ESMERALDA	2,80c	110,25a	125,43a	36,65a	12,38a	2,60c	334,25d	119,50d	7,02b	2,28b
Média	6,05	115,61	113,52	33,53	11,22	2,69	338,48	128,13	7,22	2,31
Mínimo	2,68	96,0	93,87	25,5	8,17	2,2	300,0	108,0	5,54	2,1
Máximo	8,97	126,0	131,34	43,65	13,5	3,0	464,0	189,0	9,21	2,85

Teste de médias por Scott-Knott ($p < 0,05$), as médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si.

Já no caractere comprimento da folha bandeira (CFB), a média dos genótipos avaliados foi de 33,56 cm, com variação entre 29,01 a 37,69 cm. O genótipo AB161235 apresentou o maior valor, que foi estatisticamente semelhante aos genótipos Epagri 109, BRS Tropical, AB161235, AB181097-RH, AB161227, AB161229 e BRS Esmeralda, enquanto que os demais genótipos obtiveram os menores valores. Nos valores de largura da folha bandeira (LFB), a média dos genótipos avaliados foram de 11,22 cm, com variação entre 9,70 a 12,44 cm.

A massa de cem grãos (MCG), variou significativamente entre os genótipos, com peso variando de 2,97 a 2,32 g. Os genótipos Epagri 109, BRS Pampeira, AB181098-RH, AB161255-RH, AB181107-RH, AB161229 e SCS Ônix Preto obtiveram os valores mais altos de massa de cem grãos, enquanto que os menores valores de massa de cem grãos foi registrada para os genótipos, AB161256-RH, AB181097, BRS902 e AB161227 (Tabela 4).

No número de plantas por m² (NP), a média dos genótipos avaliados foi de 338,48 plantas por m², com variação entre 314,75 a 451,75. Onde, o genótipo IRGA 425 apresentou o maior valor, enquanto que os genótipos BRS Pampeira, AB161203, AB161256-RH, AB181098-RH e AB181107-RH obtiveram os menores valores estatisticamente. Na variável número de grãos por panícula (NGP), a média dos genótipos avaliados foi de 128,13 com variação entre 110,25 a 171,75. O genótipo IRGA 424 apresentou o maior número de grãos por panícula (171,75), enquanto que o menor número de grãos por panícula foi registrado nos genótipos Epagri 109, BRS Tropical, AB161106-RH, SCS122Miura, AB161235, BRS Catiana, AB181097-RH, BRS 902, AB161243-RH, AB181107-RH, AB163236, AB161229, AB14826, SCS Ônix Preto e BRS Esmeralda.

Para o comprimento da semente (CS), também houve variação significativa entre os genótipos, variando de 7,96 a 5,56 mm. O APAGRI 109 e AB161243-RH obtiveram as sementes mais longas (7,96 mm e 7,85 mm), SCS Ônix Preto teve as sementes mais curtas (5,56 mm). A largura da semente (LS), obteve média dos genótipos avaliados de 2,31 cm, com variação entre 2,13 a 2,79 cm. O BRS 902 e SCS Ônix Preto apresentaram sementes mais largas, enquanto que AB161106-RH, AB161235, AB181107-RH, AB163236 e AB14826 obtiveram as sementes mais finas estatisticamente.

A maioria dos genótipos mostraram-se superiores à média de produtividade do estado do Rio de Janeiro que é de 5,750 kg/ha, segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2018), portanto, os genótipos SCS Ônix Preto e BRS Esmeralda apresentaram desempenho inferior.

Considerando a média estadual de 5,750 kg/ha de rendimento de grãos, a cultivar EPAGRI 109, por exemplo, apresentou produção superior em 2,32 toneladas para a média estadual. Considerando o preço médio de R\$ 50,00 reais por saca, esse ganho de rendimento representa um incremento em torno de R\$ 2320,00 reais (equivalente a 47 sacas - 2320 kg) por hectare aos produtores.

Para a variável dias de florescimento houve diferenças significativas entre os genótipos, sendo que a média do ensaio foi de 115 dias.

Em relação ao caráter altura de planta, a média dos genótipos avaliados foi de 115,5 cm, com variação entre 95 e 124 cm. Esse fato pode ser explicado pelo intenso uso de irrigação suplementar na área experimental, devido à deficiência hídrica na região na época de condução do ensaio.

No que se refere ao comprimento e largura de grãos, no Brasil, seu padrão corresponde principalmente a um grão denominado agulhinha, ou seja, longo e fino (comprimento ≥ 6 mm, espessura $\leq 1,9$ mm e relação comprimento/largura entre 2,75 e 3,00). (Usberti Filho et al., 1986; Guimarães 1989; Castro et al., 1999).

Para peso de 100 grãos, quatro genótipos superaram a média geral do ensaio, sendo elas EPAGRI 109, BRS Pampeira, AB181107-RH e BRS 702 CL, com 2,96 g e 2,97 g, 2,97 g e 2,75 g respectivamente.

Para mensurar a contribuição dos caracteres morfoagronômicos e produtividade para a diversidade entre os genótipos estimou-se o percentual de contribuição de Singh (Tabela 5), onde foi demonstrado que a variável NP obteve 26,97% de contribuição, mostrando desta forma que esta variável apresenta bastante variabilidade entre os genótipos. As variáveis MCG, NP, NGP e LS juntas contribuíram para 75% da diversidade, logo, são caracteres agronômicos indispensáveis para estudo de diversidade na cultura do arroz e que podem ser mais explorados no programa de melhoramento corrente a partir desses genótipos, as possibilidades de seleção para esses caracteres são maiores. Para os demais caracteres, não se observou uma discriminação tão acentuada.

Tabela 5: Contribuição relativa dos caracteres para diversidade – SINGH (1981); distância Generalizada de Mahalanobis

Variável	S . j (1)	Valor em %
PROD	980,07	5,74
DFL	581,97	3,40
ALT	386,22	2,26
CFB	251,91	1,47
LFB	539,36	3,15
MCG	3274,56	19,17
NP	4606,07	26,97
NGP	2575,38	15,08
CS	1489,06	8,72
LS	2389,03	13,99
Total	17073,68	

As estimativas dos coeficientes de correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais, entre dez caracteres avaliados (Tabela 6) auxiliam na interpretação de correlações. Sendo assim, três aspectos devem ser considerados: a magnitude, a direção e a significância. Estimativas de coeficiente de correlação positivas indicam a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, correlações negativas indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui (Nogueira et al., 2012).

As correlações genotípicas e fenotípicas para a maioria dos caracteres são semelhantes em relação à magnitude e sinal, porém, os coeficientes de correlação genotípica são, em valor absoluto, superiores aos coeficientes fenotípicos quando há maior contribuição dos fatores genéticos e uma menor influência dos fatores ambientais.

O estudo das correlações é de relevante utilidade para o melhoramento genético, pois pode ser usado como ferramenta para seleção indireta e esses estudos de correlação ajudam o melhorista durante a seleção contribuindo para o entendimento dos componentes de produção.

As estimativas de correlações genotípicas obtidas variaram entre 0,0132 e 0,8928 (Tabela 6). Foi encontrada correlação entre as variáveis PROD e CS. Já a variável DFL apresentou correlação genotípica positiva e significativa com as variáveis NGP, CS e LS ao nível de 1% e 5% de significância. A maior correlação genotípica (0,8928) foi encontrada para o par de características CBF e LFB. Este mesmo par de característica apresentou maior correlação fenotípica (0,6122) e baixa correlação ambiental (0,3247), ou seja, a seleção através dos maiores CBF visando ao aumento da LFB poderia ter maiores ganhos de seleção. Também foi encontrado correlação

positiva e significativa entre o caractere NP e NGP. As correlações significativas indicam a possibilidade de seleção indireta de características importantes pelo uso de características morfoagronômicas de fácil mensuração (Oliveira et al., 2010), ou seja, com base nesses resultados pode-se selecionar, indiretamente, plantas com maiores LS, CS, NP e CFB quando se deseja maior PROD.

A correlação genotípica entre as características CS e LS foi significativa e negativa (Tabela 6), isto é, os genótipos que produziram maior CS tendem a apresentar menor LS e vice-versa.

As estimativas de correlações genotípicas superaram as fenotípicas e ambientais para todos os pares de combinações avaliados, exceto para os pares envolvendo NGP e CS, que a estimativa da correlação ambiental (0,1162) superou tanto a genotípica (0,0132) quanto a fenotípica (0,0218) e NGP e LS, que a estimativa da correlação ambiental (0,2417) superou tanto a genotípica (0,1518) quanto a fenotípica (0,1518) (Tabela 6). Nesta combinação (NGP e CS), a correlação genotípica não se apresentou significativamente diferente de zero, pelo teste t ($P > 0,05$), juntamente com o par NGP e LS ($r_G = 0,1518$) (Tabela 6).

A correlação de ambiente, para a maioria dos pares de caracteres, foi reduzida, ou seja, menor que 0,5, constatando-se que houve maior contribuição dos fatores genéticos em relação aos fatores ambientais nas correlações entre os caracteres.

As estimativas dos coeficientes de correlação genotípica para os caracteres avaliados (Tabela 6) possibilitaram verificar ampla magnitude de correlação genotípica, com valores indicativos variando de 0,753 a 0,892 entre caracteres analisados.

Tabela 6: Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e ambiental (r_A), entre dez caracteres avaliados em vinte e cinco genótipos de arroz (Campos dos Goytacazes, RJ, 2019)

	r	PROD	DFL	ALT	CFB	LFB	MCG	NP	NGP	CS	LS
PROD	F	1	-0,024	-0,1539	0,0819	0,0532	0,091	-0,1757*	0,0372	0,5491**	-0,2562**
	G	1	-0,1534	-0,2126*	0,2253*	0,0654	0,1081	-0,1997*	0,0311	0,6416**	-0,3207**
	A	1	0,22*	0,0068	-0,1361	0,0058	-0,0424	0,0173	0,0931	0,0264	0,1761*
DFL	F		1	0,0907	-0,0099	-0,2623**	-0,2406**	0,3039**	0,4487**	0,3204**	-0,4433**
	G		1	0,0799	0,1395	-0,3852**	-0,4030**	0,5043**	0,6964**	0,5904**	0,7539**
	A		1	0,1087	-0,1196	-0,0953	0,1443	-0,2131*	-0,0352	-0,2176*	0,2107*
ALT	F			1	0,1452	-0,0719	0,3935**	0,3068**	0,1205	0,2533**	0,1306
	G			1	0,4132**	-0,0888	-0,5026**	0,3674**	0,1596	0,3348**	-0,1657*
	A			1	-0,1408	-0,0307	0,0226	0,1304	0,0213	-0,0094	-0,0111
CFB	F				1	0,6122**	-0,0218	-0,1705*	-0,2529**	-0,1835*	-0,3391
	G				1	0,8928**	-0,0459	-0,28**	-0,4215**	0,2943**	-0,5979**
	A				1	0,3247**	0,0344	0,0103	0,0133	0,1387	0,0879
LFB	F					1	0,1545	-0,3804**	-0,3762**	0,1213	-0,261**
	G					1	0,1556	-0,4376**	-0,4235**	0,1222	-0,3176**
	A					1	0,1952*	-0,0207	-0,1257	0,1247	0,0538
MCG	F						1	-0,1795*	-0,1197	0,0204	-0,1377
	G						1	-0,1845*	-0,1224	0,0364	-0,1569
	A						1	-0,0735	-0,0758	-0,1701	0,1337

Tabela 6: Continuação

NP	F	1	0,5826**	0,58**	0,0556
	G	1	0,6143**	0,0614	0,0696
	A	1	-0,0277	0,0206	-0,1805*
NGP	F		1	0,0218	0,1581
	G		1	0,0132	0,1518
	A		1	0,1162	0,2417**
CS	F			1	-0,7266**
	G			1	-0,8085**
	A			1	0,0236
LS	F				1
	G				1
	A				1

** - Significativamente diferente de zero a 1% de probabilidade ($P < 0,01$); * - Significativamente diferente de zero a 5% de probabilidade ($P < 0,05$); ns - não significativo ($P > 0,05$) pelo teste t (GL = 72) aplicado somente às correlações genotípicas.

DFL – Dias de florescimento; ALT – Altura da planta; CBF – Comprimento da folha bandeira; LFB – Largura da folha bandeira; MCG – Massa de cem grãos; NP – Número de panículas; NGP – Número de grãos por panícula; CS – Comprimento da semente; LS – Largura da semente.

A análise de trilha proporciona um conhecimento detalhado das influências dos caracteres envolvidos em um diagrama previamente estabelecido e justifica a existência de correlações positivas e negativas, de altas e baixas magnitude entre os caracteres estudados. O desdobramento em efeitos diretos e indiretos dos coeficientes de trilha e de correlação total entre os caracteres em estudo está na Tabela 7.

Para a análise de trilha entre as variáveis dos genótipos de arroz, utilizando como variável dependente principal PROD, a seleção das variáveis explicativas ocasionou um número de condição (NC) igual a 45,267007 sendo considerado baixo, e que de acordo com a Tabela de Classificação de Montgomery e Peck (1981), a multicolinearidade encontrada foi considerada fraca. Essa análise é realizada com o conjunto completo de variáveis e consiste em análise de trilha sem multicolinearidade ou colinearidade fraca. Desta forma, a decomposição das correlações lineares em efeitos diretos e indiretos apresentou coeficiente de determinação de 59% e efeito residual muito baixo (0,33).

As variáveis DFL, MCG, NP, NGP e CS não possuem relação de causa e efeito com a variável PROD, pois as correlações foram desprezíveis. Já as variáveis ALT, CFB, LFB e LS apresentaram relação de causa e efeito com a variável PROD.

O comprimento da semente, apesar do elevado valor de correlação genotípica com a produtividade ($r_G = 0,6416$), apresentou baixo valor de efeito direto (0,0211), sendo este, inclusive, inferior ao respectivo valor de efeito da variável residual: 0,3357, o que reduz sua importância em relação às variáveis. Verifica-se que o efeito indireto de DFL via LS (0,7262) foi mais importante que o próprio efeito direto sobre a produtividade. A alta correlação genotípica entre DFL e LS (0,7579) (Tabela 4) é corroborado pela interação verificada por meio do efeito indireto de DFL via LS sobre a variável básica PROD (Tabela 7).

Entre as variáveis que apresentaram relação de causa e efeito, pode-se destacar as variáveis LS com a variável PROD (-0,9633), que apresentou o maior efeito direto, inferindo que a variável PROD é explicada pela variável LS. E a variável CFB e LFB, que apresentaram efeitos diretos estimados superiores a unidade. Negativo para CFB (-1,977) e positivo para LFB (1,475).

Tabela 7: Estimativas de efeitos diretos e indiretos dos caracteres morfoagronômicos na produtividade de 25 genótipos de arroz

Variável	Correlação Genotípica
DFL	
Efeito direto sobre PROD	-0,4902
Efeito indireto via ALT	0,4922
Efeito indireto via CFB	-0,2758
Efeito indireto via LFB	-0,5682
Efeito indireto via MCG	0,4936
Efeito indireto via NP	-0,1635
Efeito indireto via NGP	0,0659
Efeito indireto via CS	0,0124
Efeito indireto via LS	0,7262
TOTAL	-0,1534
ALT	
Efeito direto sobre PROD	0,6160
Efeito indireto via DFL	-0,0039
Efeito indireto via CFB	-0,8169
Efeito indireto via LFB	-0,1310
Efeito indireto via MCG	0,0615
Efeito indireto via NP	-0,1191
Efeito indireto via NGP	0,0141
Efeito indireto via CS	0,0070
Efeito indireto via LS	0,1596
TOTAL	-0,2126
CFB	
Efeito direto sobre PROD	-1,9772
Efeito indireto via DFL	-0,0068
Efeito indireto via ALT	0,2545
Efeito indireto via LFB	1,3170
Efeito indireto via MCG	0,0056
Efeito indireto via NP	0,0908
Efeito indireto via NGP	-0,0392
Efeito indireto via CS	0,0052
Efeito indireto via LS	0,5759
TOTAL	0,2253
LFB	
Efeito direto sobre PROD	1,4752
Efeito indireto via DFL	0,0188
Efeito indireto via ALT	-0,0547
Efeito indireto via CFB	-1,7652
Efeito indireto via MCG	-0,0190
Efeito indireto via NP	0,1419
Efeito indireto via NGP	-0,0401
Efeito indireto via CS	0,0025
Efeito indireto via LS	0,3059
TOTAL	0,0654

Tabela 7: Continuação

MCG	
Efeito direto sobre PROD	-0,1224
Efeito indireto via DFL	0,0197
Efeito indireto via ALT	-0,3096
Efeito indireto via CFB	0,0907
Efeito indireto via LFB	0,2295
Efeito indireto via NP	0,0598
Efeito indireto via NGP	-0,0115
Efeito indireto via CS	0,0007
Efeito indireto via LS	0,1511
TOTAL	0,1081
NP	
Efeito direto sobre PROD	-0,3243
Efeito indireto via DFL	-0,0247
Efeito indireto via ALT	0,2263
Efeito indireto via CFB	0,5536
Efeito indireto via LFB	-0,6455
Efeito indireto via MCG	0,0225
Efeito indireto via NGP	0,0581
Efeito indireto via CS	0,0012
Efeito indireto via LS	-0,0670
TOTAL	-0,1997
NGP	
Efeito direto sobre PROD	0,0947
Efeito indireto via DFL	-0,0341
Efeito indireto via ALT	0,0921
Efeito indireto via CFB	0,8333
Efeito indireto via LFB	-0,6247
Efeito indireto via MCG	0,0149
Efeito indireto via NP	-0,1992
Efeito indireto via CS	0,0002
Efeito indireto via LS	-0,1462
TOTAL	0,0311
CS	
Efeito direto sobre PROD	0,0211
Efeito indireto via DFL	-0,0289
Efeito indireto via ALT	0,2062
Efeito indireto via CFB	-0,4929
Efeito indireto via LFB	0,1802
Efeito indireto via MCG	-0,0044
Efeito indireto via NP	-0,0199
Efeito indireto via NGP	0,0012
Efeito indireto via LS	0,7788
TOTAL	0,6416

Tabela 7: Continuação

LS	
Efeito direto sobre PROD	-0,9633
Efeito indireto via DFL	0,0369
Efeito indireto via ALT	-0,1020
Efeito indireto via CFB	1,1821
Efeito indireto via LFB	-0,4685
Efeito indireto via MCG	0,0192
Efeito indireto via NP	-0,0225
Efeito indireto via NGP	0,0143
Efeito indireto via CS	-0,0170
TOTAL	-0,3207
Coeficiente de determinação (R ²)	0,5926
Efeito da variável residual	0,3357

De acordo com os resultados obtidos no presente trabalho, poucas variáveis da cultura possuem associação linear. Entretanto, importantes relações que podem ser utilizadas como informações para futuros estudos com a cultura do arroz foram encontradas.

Foram observadas correlações altas, positivas e significativas entre as variáveis NGP, CS e LS com o caractere DFL, indicando que o aumento de uma acarretaria no aumento de DFL, ou que o aumento de DLF poderia causar o aumento de NGP, CS e LS.

Correlações altas e negativas foram encontradas entre os caracteres CFB e LS, CS e LS, inferindo que quando uma variável aumenta, a outra diminui e vice-versa. Dessa forma, quanto maior for o comprimento da folha bandeira, menor será a largura da semente. Sabe-se que o padrão aceito no Brasil é de grãos longos e finos (Usberti Filho et al., 1986; Guimarães 1989; Castro et al., 1999), então poderão ser selecionadas plantas que possuem um maior comprimento da folha. Portanto, a correlação entre as variáveis CS e LS é benéfica para o consumo brasileiro, já que o maior comprimento de semente acarreta em menor largura da semente.

Outras correlações altas, positivas e significativas foram encontradas entre as variáveis PROD e CS, CS e LS.

Singh et al. (2018) trabalharam com correlação na cultura do arroz visando uma maior produtividade. Esses autores encontraram correlação positiva e elevada para as variáveis índice de colheita, rendimento da planta, peso de 1000 grãos e dias de florescimento com a variável rendimento de grãos. Em outro estudo, realizado por Nayak et al. (2016), também visando produtividade de grãos para a cultura do arroz, encontraram correlação positiva entre altura da planta e dias de florescimento, número

total de grãos por panícula e peso da panícula, altura da planta e dias de maturação, dias de florescimento e dias de maturação.

Resultados semelhantes a essa pesquisa foram encontrados em um estudo realizado por Dhurai e Ravi (2016), onde trabalhando com correlação na cultura do arroz, objetivaram identificar relações que contribuíam para a produtividade da cultura. Entre os resultados obtidos, pode-se destacar a presença da correlação para as variáveis número de grãos por panícula e florescimento, largura do grão e florescimento, que corroboram com os resultados apresentados na presente pesquisa.

Embora os estudos de correlação sejam úteis para determinar as relações lineares, estes não comprovam os efeitos diretos e indiretos das variáveis independentes (Cruz et al., 2012; Chhetri, 2015). Desta forma, a análise de trilha pode direcionar de forma realística a contribuição de cada variável.

Variáveis que possuem altas correlações positivas com a variável principal, e com efeito direto em sentido favorável, indicam a presença de causa e efeito (Silva et al., 2010). Com isso, a análise de trilha revelou relação de causa e efeito da variável dependente PROD com as variáveis independentes ALT, CFB, LFB e LS.

Os resultados da análise de trilha demonstram que plantas com hábito de florescimento mais tardio podem produzir grãos mais largos e conseqüentemente perder em produtividade. Isso explica, por exemplo, a elevada correlação entre o comprimento das sementes (CS) e a produtividade (PROD), em decorrência da correlação negativa entre CS e a largura das sementes (LS). Esses caracteres poderão auxiliar os melhoristas de arroz de modo a aumentar a eficiência nos ganhos em produtividade a partir da seleção indireta visando a redução no número de dias decorridos do plantio ao florescimento (DFL).

Ainda considerando o efeito negativo indireto de DFL sobre PROD via LFB, os melhoristas deverão ter cuidado ao selecionar plantas mais precoces a fim de não reduzir muito a largura da folha bandeira e prejudicar a produtividade. O resultado dessas correlações é evidenciado diretamente pelos valores de produtividade dos genótipos EPAGRI 109 e BRS TROPICAL que apresentaram reduzido DFL, elevados valores para LFB e reduzida LS.

No trabalho realizado por Singh et al. (2018) também foi realizada a análise de trilha para a cultura do arroz. Os autores acima supracitados identificaram que a maior contribuição direta positiva no rendimento de grãos/planta em nível genotípico foi expressa pelo índice de colheita (%), seguido por rendimento biológico/planta (g),

comprimento do grão (mm), altura da planta (cm) e perfilhos/planta com panícula. Dentre esses resultados, pode-se destacar a correlação entre rendimento de grãos e comprimento do grão, que corroboram com os achados neste trabalho.

Espera-se que os resultados obtidos neste estudo possam contribuir com o conhecimento de melhoristas de arroz na busca pelo desenvolvimento de cultivares mais produtivas.

5. CONCLUSÕES

A seleção indireta visando redução do número de dias para florescimento e aumento na largura de folha bandeira poderá contribuir na potencialização de ganhos em produtividade na cultura do arroz.

Lançando mão desses resultados, o programa de melhoramento pode praticar a seleção de características de interesse como a produtividade indiretamente, tornando o processo de seleção mais eficiente.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Acevedo, M. A; Castrillo, W. A. (2006) Origen, Evolución Y Diversidad Del Arroz. *Agronomía Tropical*, v. 56, n. 2, p. 151–170.
- Aditya, J.P., Bhartiya, A. (2013) Genetic variability, Correlation and Path Analysis for Quantitative Characters in Rainfed Upland Rice of Uttarakhand Hills. *Journal of Rice Research* v.62, p.24-34.
- Amorim Neto, S. et al. (2002C) Arroz: recomendações técnicas. Programa Nossa Morenda. Niterói: Pesagro-Rio,. *Folder*.
- Amorim Neto, S.; Oliveira, A. B. de; Fernandes, G. M. B. (1980) Cultivar IR 841: recomendações para sua utilização. Niterói: Pesagro-Rio. 12p. (*Informe Técnico*, 1).
- Amorim P. E.; Ramos P. N.; Ungaro G. R. M.; Kiihl M. A. T. (2008) Correlations and path analysis in sunflower. *Bragantia* v.67, n.2, p.307-316. Available from: [Doi.org/10.1590/S0006-87052008000200006](https://doi.org/10.1590/S0006-87052008000200006).
- Atroch, A.L.; Nunes, G.H. de S. (2000) Progresso genético em arroz de várzea úmida no estado do Amapá. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.35, p.767-771.
- Azambuja, I. H. V.; Verneti, F. DE J.; Magalhães, A. M. DE. (2004) Aspectos socioeconômicos da produção do arroz. In: Gomes, A. de S.; MAGALHÃES, A. M. de (Eds.). Arroz irrigado no Sul do Brasil. Brasília, Brasil: EMBRAPA. v.1, p. 23-44.
- Bhatt, G.M. (1970) Multivariate analysis approach to selection of parentes for hybridization aiming at yeld improvement in self-pollinated crops. *Australian Journal Agricultural Research*, Victoria, v.21, p.1-7.

- Borges, V.; Sobrinho, F. S.; Léo, F. J. Silva; Kopp, M. M. (2011) Associação entre caracteres e análise de trilha na seleção de progênies de meios-irmãos de *Brachiaria ruziziensis*. *Revista Ceres*, v.58, n.6, p.765-772. Doi: org/10.1590/S0034-737X2011000600013.
- Breseghele, F.; Rangel, P.H.N.; Morais, O.P. (1999) Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.34, p.399- 407.
- Bueno, L.C.; Mendes, A.N.G.; Carvalho, S.P. (2001) Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos. Lavras: Ufla, 282p.
- Chen, S. et al. (2017) Genome-wide study of an elite rice pedigree reveals a complex history of genetic architecture for breeding improvement. *Scientific reports*, v.7, p. 45685. Doi: 10.1038/srep45685.
- Chhetri, A. (2015). *Studies on Genetic Divergence in Strawberry (Fragaria x ananassa Duch.)*. Tese de Doutorado. *College of Horticulture, Bharsar Campus, VCSG Uttarakhand University of Horticulture and Forestry*.
- Civáň, P.; Brown, T. A. (2017) Origin of rice (*Oryza sativa* L.) domestication genes. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 64, n. 6, p. 1125–1132.
- Conab (2017) Acompanhamento da safra Brasileira de grãos. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 29 de abr. de 2019.
- Conab (2018) Companhia nacional de abastecimento. Acompanhamento de safra brasileira – grãos: Nono levantamento, junho 2013 – safra 2017/2018: Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento.
- Conab (2018) Companhia nacional de abastecimento. Disponível em: <file:///C:/Users/Leandro%20Heitor/Downloads/BoletimZGraosZabrilZ2018.pdf>. Acesso em: 21 de maio de 2019.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento: série histórica das safras: arroz irrigado; arroz sequeiro. Disponível em: . Acesso em: 28 set. 2018.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J. (1994) Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 390 p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) Modelos biométricos relativos ao melhoramento genético , UFV, Viçosa, v. 1, p. 480.
- Cruz, C.D.; Regazzi AJ & Carneiro PCS. (2006) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2ª ed.. Viçosa, Editora UFV 585p.

- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4.ed. Viçosa: Ed. da UFV, 514p.
- Cruz, C. D. (2013) Genes: software para análise de dados em estatística experimental e em genética quantitativa. *Acta Sci., Agron*, v.35, n.3, p. 271-276.
- Dewei, D.R.; Lu, K. H. (1959) A correlation and path-coefficient analysis of componentes of crested-whcatyrass seed production. *Agronomy journal*, Madison, v.51, p.515-519.
- Dhurai, SY, Reddy, DM, & Ravi, S. (2016). Análise de correlação e trilha para caracteres de produtividade e qualidade em arroz (*Oryza sativa* L.). *Rice Genomics and Genetics* , v.7 .
- Duarte, R.A.; Adams, M.W. (1972) A path coefficient analysis of some interrelation in field beans (*Phaseolus vulgaris* L.) *Crop Science*, Madison, v.12, p.579-582.
- Embrapa (1981) Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Sistemas e produção para a cultura do arroz irrigado e de sequeiro. Zona da Mata, MG: Ministério da Agricultura. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/48746/1/SIDDOCUMENTOS-316-sistemas-de-producao-para-a-cultura-do-arroz-irrigado-e-de-sequeiro-zona-da-ma.pdf> . Acesso em: 29 abr. 2019.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa, MG : UFV, 279p.
- Fao. Faostat Food and agriculture data: production: crops. Disponível em: . Acesso em: 3 jul. 2018.
- Fonseca, J. S.; Martins, G. A. (1996) *Curso de Estatística*. 6ª Ed. São Paulo: Atlas.
- Godfray, H. C. J. et al. (2010) Food Security: The Challenge of Feeding 9 Billion People. *Science*, v.327, n.5967, p.812-818. DOI: 10.1126/Science.1185383.
- Goncalves L. D.; Barelli A. A. M.; Oliveira C. T.; Santos J. R. P.; Silva R. C.; Poletine P. J.; noves G. L. (2017) Genetic correlation and path analysis of common bean collected from Caceres Mato Grosso State, Brazil. *Ciência Rural*, v.47, n.8.
- Grenier, C.; Cao, T-V.; Ospina, y.; Quintero, C.; Chântel, M.H., Tohme, J.; Courtois, B.; Ahmadi, N. (2015) Accuracy of genomic selection in a rice synthetic populacion developed for recurrent selection breeding. *Plos one*, v.10, n. 8.
- IBGE (2018) Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9117-producao-agricola-municipal-culturas-temporarias-e-permanentes.html?=&t=resultados> Acesso em: 29 abr. 2019.

- IBGE (2018) Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9117-producao-agricola-municipal-culturas-temporarias-e-permanentes.html?=&t=destaques> Acesso em: 02 março. 2020.
- Instituto nacional de meteorologia (2019) Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento.
- Jumare, A. M. (2014) Origin, Distribution and Heading date in Cultivated Rice. *International journal of plant biology and research*, v.2, n.1, p.2–6.
- Khush, G.S. (1997) Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. *Plant molecular biology*, Zurich, v.35, n. 12, p. 25-34.
- Köppen, W. (1948) Climatologia: con um estudo de los climas de La Tierra. México: Fondo de Cultura *Economica*, 478p.
- Lenka, D.; Misra, B. (1973) Path coefficient analysis of field rice varieties. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, New Delhi, v.43, n.4, p.367-369.
- Lu, B.R. Taxonomy of the genus *Oryza* (Poaceae): historical perspective and current status. *International Rice Research Notes*, Manila, v. 24, n. 3, p. 4-8, 1999.
- Magalhães, A. M. de; Oliveira, A. C. DE. *Arroz alimentando a humanidade há milênios*. In: Origem e evolução de plantas cultivadas. v.1, p.185.
- Mode, J.C., Robinson, H.F. (1959) Pleiotropism and the genetic variance and covariance. *Biometrics*, v.15, p.518–537.
- Montgomery, D.C., Peck E.A. (1981) Introduction to Linear Regression Analysis. *John Wiley*, New York, p. 504.
- Nayak, R., Singh, V. K., Singh, A. K., & Singh, P. K. (2016). Genetic variability, character association and path analysis of rice genotypes. *Annals of Plant and Soil Research*, v.18, n.2, p.161-164.
- Nogueira, A. P. O., et al. (2012). Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v.28, n.6, p. 877- 888.
- Oliveira, E. J.; Lima, D. S.; Lucena, R. S.; Motta, T. B. N.; Dantas, J. L.L. (2010) Correlações genéticas e análise de trilha para número de frutos comerciais por planta em mamoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.45, n.8, p.855-862. [Doi.org/10.1590/S0100-204X2010000800011](https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010000800011).

- Oliveira, F.J.; Verejão-Silva, M.A.; Gomes, M.J. (1990) Seleção de caracteres agronômicos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) usando coeficientes de caminhamento. *Pesquisa Brasileira*, Brasília, v.25, n.7, p.1055-1064.
- Paiva, J.R.; Rosseti, A.G.; Gonçalves, P.S. (1982) Uso de coeficientes de caminhamento no melhoramento da seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.17, n.3, p.433-440.
- Ramalho, M.A.P.; Abreu, A.F.B.; Santos, J.B.; Nunes, J.A.R (2012) Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: editora ufla. 522p.
- Rangel, P.H.N.; Pereira, J.A.; Morais, O.P. de; Guimarães, E.P.; Yokokura, T. (2000) Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio Norte do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.25, p.1595- 1604.
- Rangel., O.H.N. (1979) *Correlações fenotípicas, genotípicas de ambiente e coeficientes de trilha, em variedades de arroz (Oryza sativa L.)*. Viçosa: UFV, 44p. Tese Mestrado.
- Ray, D. K. et al. (2013) Yield Trends Are Insufficient to Double Global Crop Production by 2050. *PloS One*, v.8, n. 6, p.66428. Available from: [Doi.org/10.1371/journal.pone.0066428](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066428).
- Ribeiro, N.D. et al. (2001) Genetic correlations of morpho-agronomic characters and implications in the selection of carioca bean genotypes. *Revista Brasileira Agrociência*, v.7, n.2, p.93-99.
- Santos, P.G.; Soares, P.C.; Soares, A.A.; Morais, O.P. DE; Cornélio, V.M. de O. (1997) Estimativas do progresso genético do programa de arroz irrigado em Minas Gerais no período de 1974 a 1996. In: Reunião da cultura do arroz irrigado, 22., 1997, Balneário Camboriú. *Anais*. Itajaí: Epagri, p.27-30.
- Sharifl e Ebadi. (2018). Disponível em: [Doi.org/10.1590/00013765201820150852](https://doi.org/10.1590/00013765201820150852).
- Shrivastava, M.N.; Sharma, K.K. (1976) Analysis of path coefficients in rice. *P. flanzenzuchth*, v.77, p.174-177.
- Silva, J. I.; Vieira, H. D.; Viana, A. P.; Barroso, D. G. (2010). Desenvolvimento de mudas de *Coffea canephora* Pierre ex A. froehner em diferentes combinações de substrato e recipiente. *Coffee Science*, Lavras, v. 5, n. 1, p. 38-48.
- Singh, R., Yadav, V., Mishra, D. N., & Yadav, A. (2018). Correlation and Path Analysis Studies in Rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, p. 2084-2090.

- Sneyd, L. (2016) Wild food consumption and urban food security. in: rapid urbanisation, urban food deserts and food security in Africa. *Springer internacional publishing*. p. 143-155.
- Soares, A.A.; Santos, P.G.; Morais, O.P. de; Soares, P.C.; Reis, M. de S.; Souza, M. de A. (1999) Progresso genético obtido pelo melhoramento de arroz de sequeiro em 21 anos de pesquisa em Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.34, p.415- 424.
- Sosbal (2016) Arroz irrigado: recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil. Sociedade Sul Brasileira de Arroz Irrigado, Pelotas, 200p.
- Souza, A. M. de; Morais, P. O. de; Herán, C. E. R.; Cargnin, A.; Pimentel, B. J. A. (2007) Progresso genético do melhoramento de arroz de terras altas no período de 1950 a 2001. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v.42, n.3, p.371-376.
- Spindel, J. et al. (2015) Genomic selection and association mapping in rice (*Oryza sativa* L.): effect of trait genetic architecture, training population composition, marker number and statistical model on accuracy of rice genomic selection in elite, tropical rice breeding lines. *PLoS genetics*, v.11, n.2, p.1004982. Doi: 10.1371/journal.
- Steel, R. G. D. Torrie, J. L. (1960) *Principles and procedures of statistics*. New York: McGraw Hill, 481 p.
- Steel, R. G. D., Torrie, J. H. e Dickey, D. A. (1997) *Principles and Procedures of Statistics: a Biometrical Approach*. 3 ed. New York: McGraw-Hill, 666p.
- Streck A. E.; Aguiar A. G.; Facchinello HK. H. P.; Perin L.; Kruger K. T.; JÚNIOR M. M. A (2018) Correlação e análise de trilha para componentes de rendimento em arroz irrigado. *Revista Horticultural Journal*. v.9, n.2.
- Sweeney, M.; Mccouch, S. (2007) The complex history of the domestication of rice. *Annals of Botany*, v.100, n.5, p.951–957.
- Teixeira, D.H.L.; Oliveira, M. do S.P. de; Gonçalves, F.M.A.; Nunes, J.A.R. (2012) Correlações genéticas e análise de trilha para componentes da produção de frutos de açaizeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.34, p.1135-1142. Doi: 10.1590/S0100-29452012000400022.
- Tilman, D. et al. (2011) Global Food Demand and the Sustainable Intensification of Agriculture. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v.108, n.50, p. 20260-20264. Doi: 10.1073/pnas.1116437108.

- Vasconcelos, M.E.C.; Abreu, C.P. 1992 (1983) Emprego de coeficientes de caminhamento em clones de seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.18, n.7, p.779-787.
- Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992) Associação entre caracteres. In: Vencovsky, R; Barriga, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: *Sociedade brasileira de genética*, p. 33-486.
- Wright, S. (1921) Correlation and causation. *J. Agric. Res.* v.20, p. 557-585.
- Wright, S. (1934) The method of path coeficientes. *Annals of Mathematical statistics*, v.5, p. 161-215.