



UNIVERSIDADE
ESTADUAL DO
MARANHÃO

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGROECOLOGIA
DOUTORADO EM AGROECOLOGIA**

DANNIELLE SILVA DA PAZ

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA E ANÁLISE DA COMPOSIÇÃO QUÍMICA
DE VARIEDADES CRIOULAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)**

SÃO LUÍS

- 2023 -

DANNIELLE SILVA DA PAZ

Engenheira Agrônoma

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA E ANÁLISE DA COMPOSIÇÃO QUÍMICA
DE VARIEDADES CRIOULAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agroecologia da Universidade Estadual do Maranhão para defesa de Doutorado em Agroecologia.

**Orientador(a): Prof.^a Dr.^a Antonia
Alice Costa Rodrigues**

SÃO LUÍS

- 2023 -

Paz, Danielle Silva da

Caracterização genética e análise da composição química de variedades crioulas de arroz (*Oryza sativa* L.). / Danielle Silva da Paz. – São Luís, MA, 2023.

94 f

Tese (Doutorado em Agroecologia) – Universidade Estadual do Maranhão, 2023.

Orientador: Profa. Dra. Antonia Alice Costa Rodrigues

1.Análise Molecular. 2.Diversidade. 3.Similaridade. 4.Microsatélites. 4.Sementes Tradicionais. 5.Qualidade Nutricional. I.Título.

CDU: 633.18

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA E ANÁLISE DA COMPOSIÇÃO QUÍMICA DE
VARIEDADES CRIOULAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)

DANNIELLE SILVA DA PAZ

Tese apresentada ao Programa de Pós-
Graduação em Agroecologia da Universidade
Estadual do Maranhão para defesa de
Doutorado em Agroecologia.

Aprovada em: 29 / 12 / 23

BANCA EXAMINADORA

Antonia Alice Costa Rodrigues

Profa. Dra. Antonia Alice Costa Rodrigues (Orientadora)
Universidade Estadual do Maranhão (UEMA)

Camila Pinheiro Nobre

Profa. Dra. Camila Pinheiro Nobre (1º examinador)
Universidade Estadual do Maranhão (UEMA)

Thais Roseli Correa

Profa. Dra. Thais Roseli Correa (2º examinador)
(UEMA)

Daniele Lavra Vieira

Profa. Dra. Daniele Lavra Vieira (3º examinador)
Instituto Federal do Maranhão (IFMA)

Leonardo de Jesus Machado Gois de Oliveira

Prof. Dr. Leonardo de Jesus Machado Gois de Oliveira (4º examinador)
Universidade Estadual do Maranhão (IFMA)

À Deus por ter me proporcionado forças para chegar até aqui. Ao meu pai, Raimundo que, mesmo ausente é meu referencial de força e fé, e que me fez prosseguir. A minha mãe, Dalva Maria, mulher forte, corajosa, exemplo de vida para mim.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, meu Senhor, que me deu a vida e tudo que até aqui conquisei.

Ao meu pai, Raimundo Paz, homem de fé, exemplo de ser humano, amigo e meu maior torcedor, esteve sempre ao meu lado em tudo que buscasse alcançar, até seus últimos dias me incentivou a avançar e nunca desistir dos meus sonhos.

A minha mãe, guerreira e exemplo de mulher, em meio aos meus piores momentos foi meu pilar, louvo a Deus por tê-la ao meu lado.

Aos meus irmãos Fernanda e José Wendell, meus amigos, em que sempre posso contar.

Aos meus amados sobrinhos Rebecca Disley, Samuel Davi e Rafaell (filhos do coração) são um equilíbrio em meio às adversidades.

A minha tia Raimundinha, prima Eulina e a minha avó Terezinha de Jesus, família amada, que mesmo aqui não mencionados sempre oram por mim.

A minha orientadora, Antonia Alice, além de exemplo de profissional, uma amiga que Deus colocou no meu caminho, obrigada pelo seu apoio até aqui.

A toda a Equipe do Laboratório de Fitopatologia, em especial meu amigo Leonardo, meu grande incentivador e apoio em cada etapa dessa jornada.

Aos amigos dos laboratórios parceiros, Suzane, Ildeane, Diana, Gabriela e muitos outros que aqui não foram citados, mas que de alguma forma fizeram todo o diferencial na minha vida acadêmica e pessoal.

A toda a equipe do NUGEO, em especial, a meu amigo Wendell, que me auxiliou na elaboração dos Mapas desta pesquisa.

Aos funcionários Neto e Nilson, que me auxiliaram no decorrer das minhas análises, e secretária Rayanne sempre muito solícita nas orientações administrativas do Programa de Pós-graduação.

À coordenação atual, prof. Thaís, excelente profissional, sempre atenciosa, obrigada por seus ensinamentos, assim como, os professores que fazem parte do colegiado.

Aos Laboratórios parceiros, Labwick, Labimol, Lanab, Laboratório de Sementes e seus respectivos professores, José Ribamar, Ligia Tchaicka, Valéria Apolinário e Josilda e Josiane (atual), assim como toda a equipe destes laboratórios.

Ao colaborador Johnes da Universidade Federal do Pará que contribui com as análises.

Aos meus irmãos em Cristo, que oraram por mim na certeza de que o Senhor estaria sempre na frente de cada etapa desta caminhada.

Obrigada meu Pai, por seu amor incondicional

SUMÁRIO

LISTA DE ILUSTRAÇÕES	Viii
LISTA DE TABELAS	Ix
RESUMO	X
ABSTRACT	Xi
CAPÍTULO I – REFERENCIAL TEÓRICO	14
1 INTRODUÇÃO GERAL	15
2 REVISÃO DE LITERATURA	16
2.1 Caracterização da cultura	16
2.2 Estrutura, composição do grão e qualidade nutricional	18
2.3 Cenário da cultura do arroz no mundo, Brasil e Maranhão	20
2.4 Variedades crioulas	24
2.5 Diversidade genética do arroz	27
2.6 Marcadores moleculares	29
3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	31
CAPÍTULO II - CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE VARIEDADES CRIOULAS DE ARROZ (<i>Oryza sativa</i> L.) BASEADAS EM MARCADORES MICROSSATÉLITES	40
Resumo	41
Introdução	42
Material e métodos	43
Resultados e discussão	46
Conclusão	59
Referências bibliográficas	60
CAPÍTULO III – ANÁLISE DA COMPOSIÇÃO QUÍMICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE ARROZ (<i>Oryza sativa</i> L.) ORIUNDAS DE PRODUÇÃO FAMILIAR	64
Resumo	65
Introdução	66

Material e métodos	68
Resultados e discussão	70
Conclusão	76
Agradecimentos	77
.....	
Referências bibliográficas	77
CONSIDERAÇÕES FINAIS	80
APÊNDICES	82
NORMAS DA REVISTA PLOS ONE	83
NORMAS DA REVISTA JOURNAL OF FOOD COMPOSITION AND ANALYSIS	88
ANEXO	93

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

CAPÍTULO II

Figura 1.	Distribuição dos pontos de coletas das variedades crioulas de arroz por municípios	44
Figura 2.	Gel de agarose à 1,5 % do produto da PCR utilizando vinte marcadores SSR de <i>O. sativa</i> L. da variedade “Comum”, demonstrando a presença de polimorfismo	49
Figura 3.	Dendrograma de quarente e dois acessos de arroz crioulos obtidos em área de produção familiar de municípios do Estado do Maranhão e uma variedade melhorada (BRS Primavera)	50
Figura 4.	Análise de Coordenada Principal (PCoA) de 43 genótipos de <i>O. sativa</i> baseados em 20 marcadores SSR	54
Figura 5.	Regressão da distância geográfica e genética de genótipos de <i>O. sativa</i> coletadas de áreas produtivas em municípios do Estado do Maranhão	55
Figura 6.	Dispersão gráfica de genótipos de <i>O. sativa</i> L. baseados no índice de diversidade genética de Shannon (H)	58

CAPÍTULO III

Figura 1.	Conteúdo de fibras em detergente neutro (FDN) dos grãos de variedades de arroz crioulo em áreas de agricultores familiares, Maranhão, Brasil	73
Figura 2.	Conteúdo de fibras em detergente ácido (FDA) dos grãos de variedades de arroz crioulo de áreas de agricultores familiares, Maranhão, Brasil	74
Figura 3.	Variação no teor de lignina presente nas variedades de arroz crioulo coletadas em áreas de agricultores familiares, Maranhão, Brasil	74
Figura 4.	Análise do conteúdo de amido presente nos genótipos de arroz crioulo coletadas em áreas de agricultores familiares, Maranhão, Brasil	75
Figura 5.	Conteúdo de amido de variedades de arroz crioulo e da BRS Primavera	76

LISTA DE TABELAS**CAPÍTULO II**

Tabela 1.	Lista dos vinte marcadores moleculares microssatélites específicos de <i>Oryza sativa</i> e suas respectivas, temperaturas de anelamento	45
Tabela 2.	Detalhes dos primers SSR, número de alelos amplificados, tamanho aproximado dos produtos da PCR (pb) e Conteúdo de Informação de Polimorfismo (PIC)	47
Tabela 3.	Análise molecular de variância (AMOVA) de genótipos de arroz crioulo coletadas em áreas de produtores familiares do Estado Maranhão, baseados em 20 marcadores SSR	52

CAPÍTULO III

Tabela 1.	Composição química dos grãos de quarenta e cinco variedades de arroz crioulo de áreas de produção familiar, no estado do Maranhão, e uma variedade melhorada (BRS Primavera)	70
-----------	--	----

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA E ANÁLISE DA COMPOSIÇÃO QUÍMICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)

Autora: Dannielle Silva da Paz

Orientadora: Antonia Alice Costa Rodrigues

Resumo: O arroz (*Oryza sativa* L.) é considerado um dos mais importantes grãos não somente pelo seu valor econômico, mas também pelo seu valor nutricional. Esta pesquisa teve por objetivo realizar a caracterização molecular, baseadas em marcadores microssatélites, e avaliar a composição química de variedades crioulas de arroz. Foram utilizados 43 genótipos da coleção de sementes crioulas de arroz da Universidade Estadual do Maranhão e uma melhorada. O DNA genômico foi extraído e amplificação foi realizada com vinte *primers* microssatélites. Os produtos da PCR foram codificados em presença (1) e ausência (0) de bandas, e convertidos em matriz binária. As análises genética foram realizadas através de softwares específicos. Na composição química foram analisados a matéria seca (MS), matéria mineral (MM), matéria orgânica (MO), proteína bruta (PB), carboidratos totais (PB), fibra em detergente neutro e ácido (FDN e FDA), gordura (EE), lignina e amido. Dos vinte *primers* avaliados foram detectados 18 marcadores polimórficos. Os *primers* RM 270, RM84, RM 87, RM 528, RM 17, RM 231 e RM 434, foram considerados altamente informativos, apresentou PIC entre 0,52 e 1,00. O dendrograma apresentou 11 *clusters* principais, sendo que o IX teve o maior número de genótipos. A maior média de dissimilaridade foi observada pelo genótipo Palha Murcha (0,54). As variedades Cutiã (2,20) e Palha Murcha (2,30) apresentaram os menores índices de diversidade. Em contrapartida, Fininho Branco, Cana Roxa e Codozinho 2, se apresentaram mais diversas geneticamente (2,83). Na composição química a variedade Quilombo Frechal apresentou maior teor de MS (91,48 %), o menor teor de MM foi observado na variedade Asa (0,77%). O maior conteúdo de PB foi da variedade BRS Primavera (13,83 %), para EE o menor teor foi 0,76 (Ligeiro). A variedade Branco apresentou menor teor de CHO. O maior conteúdo de amido foi observado na variedade Cana roxa (93,19 %). A variedade Ligeiro Vermelho apresentou maior teor de lignina (1,53 %). O uso dos marcadores moleculares microssatélites proporcionou uma base sólida na caracterização genética dos genótipos de *O. sativa*, identificando a similaridade genética entre as variedades avaliadas, além de demonstrar variação genética dentro *clusters*, para composição química as variedades demonstraram riqueza nutricional, conferindo que o arroz crioulo presente na agricultura familiar, mesmo em

condições adversas apresentou valores semelhantes a variedades melhoradas já descritas em pesquisas anteriores. Os resultados aqui apresentados foram considerados de suma importância na orientação de programas futuros de melhoramento genético vegetal.

Palavras-chave: análise molecular, diversidade, similaridade, microssatélites, sementes tradicionais, qualidade nutricional.

GENETIC CHARACTERIZATION AND ANALYSIS OF THE CHEMICAL
COMPOSITION OF CREOLE VARIETIES (*Oryza sativa* L.)

Author: Dannielle Silva da Paz

Advisor: Antonia Alice Costa Rodrigues

Abstract: Rice (*Oryza sativa* L.) is considered one of the most important grains not only for its economic value, but also for its nutritional value. The aim of this research was to carry out molecular characterization, based on microsatellite markers, and to evaluate the chemical composition of creole rice varieties. Forty-three genotypes from the creole rice seed collection of the State University of Maranhão and one improved variety were used. Genomic DNA was extracted and amplified using twenty microsatellite primers. The PCR products were coded for the presence (1) and absence (0) of bands and converted into a binary matrix. Genetic analyses were carried out using specific software. The chemical composition analyzed was dry matter (DM), mineral matter (MM), organic matter (OM), crude protein (CP), total carbohydrates (CP), neutral and acid detergent fiber (NDF and FDA), fat (EE), lignin and starch. Of the twenty primers evaluated, 18 polymorphic markers were detected. The primers RM 270, RM84, RM 87, RM 528, RM 17, RM 231 and RM 434 were considered highly informative, with a PIC between 0.52 and 1.00. The dendrogram showed 11 main clusters, with IX having the largest number of genotypes. The highest average dissimilarity was observed for the Palha Murcha genotype (0.54). The varieties Cutiã (2.20) and Palha Murcha (2.30) had the lowest diversity indices. On the other hand, Fininho Branco, Cana Roxa and Codozinho 2 were more genetically diverse (2.83). In terms of chemical composition, the Quilombo Frechal variety had the highest DM content (91.48 %), while the lowest MM content was found in the Asa variety (0.77%). The highest CP content was in the BRS Primavera variety (13.83 %), while the lowest EE content was 0.76 (Ligeiro). The Branco variety had the lowest CHO content. The highest starch content was found in the Cana roxa variety (93.19 %). The Ligeiro Vermelho variety had the highest lignin content (1.53 %). The use of microsatellite molecular markers provided a solid basis for the genetic characterization of the *O. sativa* genotypes, identifying the genetic similarity between the varieties evaluated, as well as demonstrating genetic variation within clusters, for chemical composition the varieties showed nutritional richness, confirming that the Creole rice present in family farming, even under adverse conditions, showed values similar to improved varieties already described in previous research. The results presented here

were considered extremely important in guiding future plant genetic improvement programs.

Keywords: molecular analysis, diversity, similarity, microsatellites, traditional seeds, nutritional quality.

REFERENCIAL TEÓRICO

CAPÍTULO I

1 INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil é considerado o celeiro agrícola do mundo e está entre os maiores produtores e exportadores de alimentos (Costa, 2019; Carvalho *et al.*, 2020). O arroz (*Oryza sativa* L.) é considerado alimento básico de 84% da população brasileira, e de mais de 30% da população mundial (Carvalho *et al.*, 2020). Por ser rico em carboidratos é umas das principais culturas para garantir a segurança alimentar (Faostat, 2021).

Entre os anos de 2019 e 2021, a produção mundial, tem sido de 770 milhões de toneladas de arroz (casca). Em geral, o arroz é consumido no mesmo país onde é produzido, com menos de 10% dessa produção exportada. Entre os principais exportadores deste grão estão Índia, Tailândia e Vietnã, todos países asiáticos, confirmando este continente, principal produtor, e é também o maior mercado consumidor (Fao, 2023).

A principal forma de se aumentar a produtividade de grãos da maioria das espécies agrônômicas é o desenvolvimento de cultivares melhorados, pois estas cultivares garantem uniformidade fenotípica e estabilidade genética, todavia, devido possuir menor variabilidade as torna vulneráveis a flutuações ambientais, redução da fertilidade do solo, pragas e doenças (Zeven, 1998).

No Brasil, impactos negativos crescentes das mudanças climáticas devido ao crescimento populacional, tem feito com que os produtores de arroz necessitem de cultivares com rendimentos mais altos, grãos mais saudáveis e menores impactos no meio ambiente (Stein *et al.*, 2018; Wang *et al.*, 2018).

Uma alternativa para suprir tais problemas, se tem em vista as variedades crioulas e espécies não domesticadas do arroz, pois são consideradas um recurso genético inexplorado para criação de novas cultivares resistentes a desafios futuros, devido apresentarem adaptações para ambientes marginais e resistência a pragas (Alvarez *et al.*, 2007; Wang *et al.*, 2018), são de fundamental importância na segurança alimentar e preservação do patrimônio cultural (Perales *et al.*, 2005; Ardenghi *et al.*, 2018).

Em unidades de produção familiar o cultivo do arroz é realizado no período das águas, com o uso mínimo de insumos agrícolas, mesmo sob essas condições, as variedades crioulas, respondem positivamente, com fácil adaptação aos diferentes tipos de solos, a variações climáticas e tolerância a problemas fitossanitários. Tais características são de grande importância econômica, social e cultural para agricultura do Maranhão. Vale ressaltar ainda, que o valor nutricional se tem apresentado semelhante às

variedades melhoradas, sendo que, em alguns fatores relacionados a composição química, respondem de forma superior.

Diante disso, torna-se importante a caracterização de sementes crioulas, assim como sua diferenciação das variedades comerciais. Uma ferramenta bastante utilizada para analisar a diversidade genética tem sido o uso dos marcadores moleculares (Ishii *et al.*, 2001; Aljumaili *et al.*, 2018). Os marcadores do tipo microssatélites ou Repetição de Sequência Simples (SSR – *Simple Sequence Repeat*) provaram ser muito eficazes devido à sua natureza altamente polimórfica e transferibilidade (Ishii *et al.*, 2001; He *et al.*, 2003; Aljumaili *et al.*, 2018). Ressalta-se, ainda, que têm sido usadas para rastrear e caracterizar muitas espécies de culturas (Miah *et al.*, 2013; Aljumaili *et al.*, 2018).

O uso dos microssatélites é essencial, pois permite a determinar a relação genética entre as variedades crioula de arroz, assim como verificar se há proximidade genética das variedades comerciais.

Em pesquisas realizadas com variedades crioulas na avaliação da qualidade nutricional de grãos de arroz produzidos por métodos convencionais, têm demonstrado superiores quando comparadas às modernas, e grande parte disso se deu devido à sua eficácia das crioulas na acumulação de compostos bioativos (Bhat; Riar, 2015; Berni *et al.*, 2018; Mbanjo *et al.*, 2020).

Com o intuito de promover o fortalecimento da agricultura familiar, com incentivo da cadeia produtiva do arroz no estado do Maranhão, e valorização das variedades crioulas presentes nas unidades produtivas familiares, pois esta pesquisa busca introduzir variedades locais com características de interesse econômico em futuros programas de melhoramentos genéticos. Vale ressaltar, também a inserção de alimentos com alto valor nutritivo no mercado interno e solidificar estratégias de segurança alimentar do estado.

Diante disso, a pesquisa teve por objetivo caracterizar geneticamente, com o auxílio de marcadores microssatélites, e determinar a composição químicas de variedades crioulas de arroz (*Oryza sativa* L.) provenientes de unidades de produção familiares no estado do Maranhão.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Caracterização da cultura

No final do século XVIII, na América do Sul, o noroeste do Brasil tornou-se um importante centro de produção de arroz, enquanto a maioria dos outros países sul-americanos iniciou o cultivo de arroz mais recentemente no século XIX ou XX. (Schwanck *et al.*, 2015).

Acredita-se que o início da cultura do arroz ocorreu de forma independente da América do Norte em 1700, nos países da América Central (Eltis *et al.*, 2007), devido ao movimento direto de trabalho das regiões da África Ocidental para as ilhas do Caribe, todavia, o arroz era cultivado principalmente para subsistência na América Central.

Existem duas espécies de arroz domesticado: o amplamente cultivado arroz asiático (*Oryza sativa* L.), domesticado na China há cerca de 10.000 anos, e o arroz africano menos conhecido (*O. glaberrima* Steud), domesticado há cerca de 3.000 anos (Stein *et al.*, 2018). Dentre os milhares de cultivares de arroz, em diferentes partes do mundo, Ásia, África e América, parte dessa diversidade estão mantidas nos bancos de germoplasma (Jackson; Lettington, 2002; Sanchez *et al.*, 2013).

A espécie *Oryza glaberrima* Steud., que era indígena da África Ocidental, foi o primeiro arroz cultivado nas Américas (Bell, 2010; Porteres, 1955), enquanto *Oryza sativa* spp. (subespécies *indica* e *japonica*) foram trazidos da Ásia (Heyward, 1993; Eltis *et al.*, 2007). Ambas as subespécies são cultivadas no Brasil (Goulart *et al.*, 2014) e, em outros lugares da América do Sul.

Nos EUA a maioria das variedades comerciais eram pertencentes à subespécie *japonica* tropical, enquanto o germoplasma da subespécie *indica* era utilizada apenas para fins de reprodução e nunca foi usado diretamente na produção comercial (Moldenhauer *et al.*, 2004; Sudianto *et al.*, 2013).

O arroz cultivado pertence à família Poaceae (Gramineae), subfamília Bambusoideae, tribo Oryzeae e gênero *Oryza*. O gênero *Oryza* foi dividido em quatro complexos de espécies: *sativa*, *officinalis*, *meyeriana* e *ridley* (Khush, 2005). Apenas o complexo *Oryza sativa* possui duas espécies cultivadas, são elas, *Oryza sativa* e *Oryza glaberrima* Steud.

O arroz *O. sativa*, é de origem asiática, cultivado em todo o mundo, enquanto *O. glaberrima* é cultivado em alguns países africanos em área limitada. As espécies pertencentes a outros complexos de *Oryza* são tipos selvagens. Segundo Callaway (2014) o maior problema relacionados aos complexos selvagens é o alojamento e a destruição de seleção de grãos e domesticação focada em plantas que tiveram menos acamamento e quebra. As duas principais subespécies de *O. sativa*, *japonica* e *indica*, são mais

intimamente relacionadas com variedades selvagens distintas entre si, extinguido das regiões de domesticação, sendo a *japonica* na China e *indica* na Índia (Gross; Zhao, 2014). O processo evolutivo da rizicultura levou à adaptação das plantas às mais variadas condições ambientais. No Brasil são considerados dois sistemas de produção para a cultura, o de várzea (irrigado ou inundado) e de terras altas (sequeiro) (De Lima *et al.*, 2020).

2.2 Estrutura, composição do grão e qualidade nutricional

O grão de arroz é composto pela cariopse e de uma camada protetora, a casca. A cariopse é formada por diferentes camadas, sendo as mais externas o pericarpo, o tegumento e a camada de aleurona, que representam 5-8% da massa do arroz integral. A camada de aleurona apresenta duas estruturas de armazenamento proeminentes, os grãos de aleurona, sendo estes, os corpos proteicos, e os corpos lipídicos. A casca é composta de duas folhas modificadas, a pálea e a lema, corresponde a cerca de 20% do peso do grão (Juliano; Bechtel, 1985).

O embrião ou gérmen está localizado no lado ventral na base do grão, rico em proteínas e lipídios, e representa 2-3% do arroz integral. O endosperma forma a maior parte do grão, apresentando em torno de 89 a 94% do arroz integral, sendo constituído por células ricas em grânulos de amido e com alguns corpos proteicos (Juliano; Bechtel, 1985).

A composição do grão de arroz é influenciada por inúmeros aspectos, dentre estes podemos citar, as diferenças varietais, variações ambientais, de manejo, de processamento e de armazenamento, produzindo com isso grãos com características nutricionais diferenciadas. Além disso, os nutrientes não estão uniformemente distribuídos nas diferentes frações do grão, as camadas externas apresentam maiores concentrações de proteínas, lipídios, fibras, minerais e vitaminas, enquanto o centro, também chamado de endosperma, é fundamentalmente constituído de amido. Dessa forma, o beneficiamento do arroz, através do polimento, (arroz polido), reduz o teor de nutrientes, exceto de amido, ocasionando as diferenças na composição entre o arroz integral e o polido (Walter *et al.*, 2008).

O amido é o principal constituinte dos cereais e a fonte mais importante de carboidrato na alimentação humana. É um homopolissacarídeo composto por cadeias de amilose e amilopectina associadas entre si por pontes de hidrogênio, formando áreas

crystalinas radialmente ordenadas (Denardin *et al.*, 2009), sendo que conteúdo de amilose é considerado um dos principais parâmetros para a qualidade tecnológica e de consumo do arroz.

Os principais constituintes do arroz são os carboidratos. Além do amido, que corresponde a aproximadamente 90% da matéria seca do arroz polido, também estão presentes açúcares livres e fibra. O endosperma é composto principalmente por amido, o farelo e o gérmen apresentam principalmente fibra, contendo pequenas quantidades de outros carboidratos (Juliano, 1993).

O teor de proteínas presente no arroz é em média 7%, com isso, sendo considerado baixo. Entretanto, observa-se grande variação na concentração desse nutriente, variando entre 4,3 e 18,2% (Lumen; Chow, 1995), tais variações podem ser afetadas por características genótípicas, manejo de adubação nitrogenada e fatores abióticos (radiação solar e temperatura), na fase de desenvolvimento do grão (Juliano; Bechtel, 1985).

As proteínas podem ser classificadas em albumina, globulina, prolamina e glutelina (Zhou *et al.*, 2002). No endosperma, a glutelina forma a principal fração, correspondendo a aproximadamente 80% das proteínas, apresentando menor concentração de albumina e globulina (15%) e prolamina (5-8%). Já o farelo apresenta aproximadamente 60% de albumina, seguido por prolamina e glutelina (27%) e globulina (7%) (Juliano, 1993).

Os lipídios podem ser encontrados organizados em corpos lipídicos, os esferossomos, na camada de aleurona, no embrião e no endosperma, ou associados a grânulos de amido (Lumen; Chow, 1995). Todavia, a maior concentração deste constituinte ocorre no gérmen, apresentando um terço de seu conteúdo total, e na camada de aleurona. À vista disso, a concentração de lipídios é maior no arroz integral, sendo reduzida no processo de beneficiamento (polimento), geralmente observando-se concentrações inferiores a 1% no arroz polido.

Um dos principais parâmetros para a qualidade tecnológica e de consumo do arroz, é considerado conteúdo de amilose. De modo geral, grãos com maior teor de amilose apresentam textura mais firme após o cozimento, em consequência disso, são os preferidos em diversos países, não diferente para o Brasil, sendo assim, essa característica é avaliada durante o desenvolvimento de cultivares. Todavia, outros fatores, como a estrutura das cadeias de amilopectina e o teor de proteína também influenciam essa característica (Ong; Blanshard, 1995).

No processo de beneficiamento do arroz a maioria dos micronutrientes, ácidos graxos, antioxidantes e fibras são descartados (Verma; Shukla, 2011; Sharma *et al.*, 2013; Saneei *et al.*, 2016; Sarma *et al.*, 2018), causando variação nos teores dos constituintes presentes entre o arroz branco polido, branco parboilizado polido e integral. Quanto mais processado, maior será a redução no teor de fibra total, lipídios, proteínas (Storck, 2004), por estarem presente nas camadas mais externas do grão, já o conteúdo de amido tem seus teores menos impactados por estarem nas partes mais internas.

Atualmente, têm se observado crescente interesse do consumidor em produtos alimentícios que promovem a saúde, o que tem gerado um mercado substancial para um arroz nutricionalmente enriquecido, além de trazer benefícios para a saúde de um elevado número de pessoas que consomem o cereal, gera benefícios econômicos para os produtores (Terungwa; Yuguda, 2014).

2.3 Cenário da cultura do arroz no mundo, Brasil e Maranhão

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um alimento básico para mais da metade da população mundial (World Rice Production, 2019) e o mais consumido no mundo, especialmente na América Latina, Oriente Médio e Ásia. O arroz é cultivado em todos os continentes, figurando em primeiro lugar o asiático, com 90% da produção mundial (IBGE, 2022).

Depois da Ásia, o Brasil é o segundo maior produtor e consumidor de arroz, (Wander *et al.*, 2021), com produção de aproximadamente 11 milhões de toneladas de arroz (casca), com cerca de 80% dessa produção concentrada no Sul do país, correspondendo aos estados do Rio Grande do Sul (70%) e Santa Catarina (10%), respectivamente (Embrapa Arroz e Feijão, 2022; Conab, 2023).

A cultura do arroz possui fácil adaptação a diversos tipos de climas e solos e, usualmente, é cultivada em dois ecossistemas, de terras altas (sequeiro) e em várzeas (áreas inundadas) (Ferreira; Wander; Da Silva, 2019). De acordo com Embrapa (2022), o sistema de cultivo de arroz irrigado (irrigação controlada), participou com 93,1% do total da produção nacional, seguido pelo arroz de terras altas com representatividade de 6,9% e pelo arroz irrigado, sem irrigação controlada ou de várzea natural, que não registrou dados de produção.

É cultivado em cerca de 7,2 milhões de hectares nas Américas, em diversos solo e condições ambientais (Haefele *et al.* 2014), sendo que o Brasil e os Estados Unidos representam mais de 60% da produção total de arroz nas Américas. A produção de arroz

registrou na última década, incremento de 11%, entretanto, devido ao aumento da área de produção (93,1%), atingindo produtividade média de 32 kg.ha⁻¹.ano⁻¹ (Faostat, 2021). Segundo Yuan *et al.* (2021) até 2050, será possível aumentar 25 a 30% a produção do arroz, sendo que tal aumento será principalmente de ganhos de produtividade.

Ao longo dos anos, foi observado no Brasil uma redução de área colhida do arroz de terras altas e com o irrigado (sem irrigação controlada). Apresentou área total colhida de arroz com mais de 943 mil hectares (2013), para 310 mil hectares (2022), ou seja, um decréscimo de 67,1%. Essa redução expressiva ocorreu, em consequência da substituição do arroz, como monocultura, por outras culturas até então mais rentáveis ao produtor, dentre essas, a soja, milho, algodão, cevada, cítricos, gramíneas e mais recentemente, a cana-de-açúcar, nas regiões Centro-Oeste, Nordeste e Sudeste do Brasil (Embrapa Arroz e Feijão, 2023). Motivação, principalmente, por razões econômicas (Ricardo; Wander, 2013; Santana *et al.*, 2022).

Os custos de produção de arroz no Brasil são os mais altos entre muitos países vizinhos da América Latina (América do Sul e Central). Ainda assim, a produção de arroz é viável principalmente na região sul compreendendo Rio Grande do Sul e Santa Catarina, devido à mecanização avançada e à produção de arroz irrigado. Por outro lado, o Nordeste e outras regiões do Brasil produzem principalmente arroz de sequeiro e possuem menor taxa de mecanização (Ricepedia – Brasil, 2015).

O Maranhão é considerado um importante centro de produção agrícola do país, apresenta algumas especificidades fundamentais para o desenvolvimento produtivo. Um dos aspectos potencializa o estado, é que além de seu fator edafoclimático, está associado à capacidade de escoamento produtivo, por meio da infraestrutura portuária. Dentre as culturas de destaque, o arroz está entre os oito produtos com maior participação em valor produzido (2,95%), com amplo cultivo em todas as regiões do estado (Maranhão, 2019).

A produção agrícola de arroz no estado do Maranhão, teve uma redução significativa na área, de 41,5% em relação à safra 2021/22, devido ao menor recurso de investimento do produtor. Em relação à semeadura do arroz de sequeiro, teve início na região norte maranhense, visto que na região sul do estado o plantio ocorre para a abertura de área de cultivo da soja (*Glycine max* L). A safra de arroz 2022/23 apresenta uma estimativa 3,8% menor que a safra 2021/22, projetada em 10,4 milhões de toneladas. Este resultado é reflexo principalmente da estimativa de significativa redução de área, em meio à menor rentabilidade projetada para o setor, com menor atratividade do setor orizícola

em comparativo com as culturas da soja e o milho (*Zea mays* L.), as quais concorrem pela mesma área que o arroz (Conab, 2022).

O cultivo de arroz no Maranhão, na baixada, região norte do estado, nos municípios de Arari, Vitória do Mearim, Viana e Cajari; e no Médio Mearim, em São Mateus do Maranhão, foi realizado o sistema de irrigação por inundação. Nos municípios de Arari e Vitória do Mearim, os produtores cultivaram, na safra 2021/2022, uma área de 4.770 hectares, com rendimento médio, em torno de 6.000 kg/ha. No município de São Mateus a área plantada de 200 hectares com arroz irrigado, em agosto de 2021, obteve rendimento médio aproximado de 6.000 kg/ha, em Viana, 4.400 kg/ha (Conab, 2022).

A rendimento médio de produção do arroz (casca) no Maranhão, no ano de 2022, foi de 1.8140kg/ha, valor muito inferior à média nacional, que gira em torno de 6.903 kg/ha. O rendimento médio da produção foi de 6.900 kg/ha, obtendo 264.197 (mil reais) no valor produção da safra de 2022 (IBGE, 2022).

A produção agrícola do Maranhão advém em grande parte da agricultura familiar no tradicional sistema de corte e queima e em menor abrangência de outros sistemas (Ferraz Júnior, 2000). O estado é formado por 217 municípios e 21 microrregiões, destes o arroz é cultivado em 212 municípios. Uma das características importantes na orizicultura no estado é que quase a totalidade do arroz produzido se encontra em lavouras com menos de 50 hectares (IBGE, 2022)

Segundo o IBGE (2022), o Maranhão é o maior produtor de arroz da região Nordeste do Brasil, com a produção de 6.828,7 toneladas, na safra de 2021/2022. O município de Balsas tem se consolidado como uma nova fronteira agrícola tecnificada, e com potencial de se tornar um importante polo de produção de cereais. Arroz de terras altas, mesmo tipo de arroz que nos anos de 1970 a 1990 era conhecido por arroz de sequeiro, este sistema de cultivo é realizado apenas no “período das águas”, ou seja, período das chuvas, prática esta predominante nas áreas de agricultores familiares.

Clemente *et al.* (2007) relata que inúmeros problemas têm sido ocasionados devido a evolução da agricultura, dentre estes, podemos citar a simplificação dos sistemas produtivos, o empobrecimento da agricultura familiar e a erosão genética. Maxted e Guarino (2006) define erosão genética com a redução permanente da riqueza de alelos locais comuns, ou a perda de combinações de alelos ao longo do tempo numa área definida.

A partir das discussões na conferência Rio-92 a erosão genética se tornou uma preocupação mundialmente, em que foi considerada uma das principais causas da erosão

genética os processos de transformações das práticas e dos sistemas agropecuários tradicionais (Machado *et al.* 2008).

A causa principal da perda da agrobiodiversidade se deu pela substituição das sementes crioulas pelas comerciais, estimativa aponta foi 75% da agrobiodiversidade, foi extinta no século XX, e que parte significativa desse quantitativo ocorreu nos últimos 50 anos (Weid, 2012).

Além disso, Machado *et al* (2008) relata que as práticas tradicionais de produção de sementes foram sendo abandonadas aos poucos, de forma gradativa, com a substituição das sementes crioulas foram pelas melhoradas, devido as estas serem consideradas mais produtivas, homogêneas e estáveis. Em consequência disso, essa nova dinâmica de produção promoveu a perda de conhecimento sobre as espécies nativas e/ou variedades locais e seus usos tradicionais.

A diversidade biológica, pelo ponto de vista genético, representa um patrimônio, em que cada espécie possui um material genético diferenciado, e constitui um "banco de dados" de valor inestimável a ser empregado tanto pela Engenharia Genética, quanto pela Biotecnologia. Espécies ainda desconhecidas poderão fornecer genes de suma importância econômica, como plantas cultivadas mais resistentes às pragas e intempéries (Sariego, 2008).

Com alternativa de conservação desses recursos genéticos, está a conservação *in situ*, dentro desta, pode-se citar a conservação *on farm*, que corresponde o cultivo e manejo contínuo de populações de plantas no sistema tradicional realizado por comunidades locais e povos indígenas. Sendo assim, o método de conservação *in situ* configura uma estratégia complementar que permite a conservação dos processos evolutivos e de adaptação, fornecendo novos materiais genéticos (Clement *et al.*, 2007).

Na prevenção da conservação de germoplasma local, como medida de prevenir a erosão genética e para o uso no melhoramento genético das principais culturas foi proposto por pesquisadores a realização de coletas de variedades locais, seguido do armazenamento em bancos de germoplasmas *ex situ*, especialmente em câmaras climatizadas, com temperatura e umidade controlas. Tal iniciativa resultou num grande acervo, que é mantido até hoje nos grandes centros nacionais e internacionais (Mulvany; Berger, 2004).

O resgate de germoplasma ocorreu a nível nacional, sendo este iniciada no Estado do Maranhão nas décadas de 70, 80 e 90. Atualmente a Universidade Estadual do

Maranhão possui uma coleção de variedades crioulas com 69 acessos, coletadas em áreas de agricultores familiares, o qual estão inseridas em inúmeras pesquisas.

2.4 Variedades crioulas

As variedades crioulas são mantidas pelos sistemas agrícolas tradicionais, nos quais estão localizadas a maior parte da diversidade genética das espécies domesticadas (Zeven 1998; Villa *et al.*, 2006; Berg, 2009; Azeez *et al.*, 2018). Popularmente conhecidas como sementes crioulas (*landraces*), essas variedades estão ameaçadas principalmente pela substituição por variedades modernas, geneticamente uniformes (Villa *et al.*, 2006).

São consideradas como parte de um patrimônio genético e cultural de diversos povos tradicionais, indígenas, quilombolas e de agricultores familiares, fundamentais para a conservação *in situ* dos recursos da agrobiodiversidade, além de serem consideradas um recurso básico e relevante para autonomia e segurança alimentar e nutricional, necessárias para permanência do homem no campo com a diversificação produtiva (Araújo *et al.*, 2013).

É importante salientar algumas particularidades sobre os recursos genéticos vegetais, especialmente aquelas relacionadas ao conceito dos termos ‘variedades locais’, ‘crioulas’ e ‘tradicionais’. De acordo com a lei nacional de sementes (Lei 10.771), no artigo 2º, inciso XVI, os termos ‘variedades locais’, ‘tradicionais’ e ‘crioulas’ são definidas como sinônimos, sendo definidas como, as “variedades desenvolvidas, adaptadas ou produzidas por agricultores familiares, assentados da reforma agrária ou indígenas, com caracteres fenotípicos bem determinados e reconhecidos pelas respectivas comunidades e que, a critério do Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), são consideradas também como descritores socioculturais e ambientais, e que não se caracterizam como substancialmente semelhantes aos cultivares comerciais”.

Atualmente, inúmeras propriedades rurais são detentoras de espécies vegetais preservadas e adaptadas ao longo de gerações, nas mãos de agricultores e agricultoras (Berg, 2009; Pelwing *et al.*, 2008). As sementes crioulas são reconhecidas morfológicamente pelos agricultores que as cultivam (Harlan, 1971; Ming, 2012; Machado; Filho 2014; Loko *et al.*, 2018; Rosset; Altieri, 2018),

Comumente são nomeadas e diferem entre si em relação à adaptação aos diferentes tipos de solo, ao período de cultivo, ao ciclo, porte, cor, forma e modo de aquisição. São isentas da modificação genética exercida pelas tecnologias do

melhoramento vegetal, e as únicas formas de alterações alélicas e genotípicas dessas sementes foram pelas pressões seletivas desempenhadas pelo homem na interação com o ambiente (Tomas *et al.*, 2011).

A manutenção e adaptação dos métodos das tradições agrícolas nas pequenas comunidades rurais foram herdadas ao longo das gerações através dos conhecimentos sobre as práticas de cultivo, a multiplicação das sementes, as diferentes estratégias de armazenamento das sementes em longo prazo, a seleção e intercâmbio das espécies mais produtivas e resistentes. Assim sendo, a importância dos conhecimentos tradicionais para conservação das variedades locais é imprescindível para manutenção da biodiversidade agrícola (Boef *et al.*, 2007; Lyra *et al.* 2011).

As sementes crioulas são o início e o fim da produção camponesa, a diversidade e existência permitem garantir a abundância e diversidade de cada localidade, favorecendo uma alimentação adequada e saudável, além de desenvolver formas culinárias preservadas e desejadas na reprodução dos povos (Alves *et al.*, 2014).

Para um manejo dos agroecossistemas saudáveis e sustentáveis, numa visão agroecológica, o uso de variedades crioulas é um fator condicionante, pois essa estratégia viabiliza o emprego de genótipos localmente adaptados, que são capazes de converter recursos abióticos disponíveis nos agroecossistemas em biomassa de interesse econômico (Petersen *et al.*, 2013).

O resgate de sementes crioulas está diretamente associado ao patrimônio genético e cultural e, contribuem para a chamada "agrobiodiversidade". Além disso, ao associarmos o resgate destas ao manejo adequado da lavoura pelos camponeses, quilombolas e indígenas, permite o desenvolvimento de um modelo de agricultura que possibilita a sua sustentabilidade, levando em conta as dimensões social, política, ambiental, cultural, organizativa, econômica e por último, da integralidade (Linhares; Rodrigues, 2008).

A prática tradicional de conservação de sementes das variedades crioulas é mantida, em sua maioria, através de tecnologias sociais como os "bancos" ou "casas comunitários" de sementes cultivadas nas unidades familiares, pelas relações de troca e reciprocidade nas comunidades das sementes e pelos saberes tradicionais a elas vinculados (Pelwing *et al.*, 2008, Kaufmann *et al.*, 2016, Kaufmann *et al.*, 2018).

As sementes crioulas são identificadas com base nos nomes dados pela comunidade, e características particulares da região e/ou contexto, como tipo de solo, temperatura, época de plantio, entre outras, o que dificulta utilizar os critérios aplicados

universalmente, ou seja, características consistentes para a identificação. Este assunto vem sendo discutido há muito tempo (Zeven 1998, Villa *et al.*, 2006, Azeez, 2018).

As comunidades agrícolas tradicionais são consideradas guardiãs da variabilidade e biodiversidade das plantas cultivadas e do conhecimento associado a toda essa riqueza, o que tem despertado atenção especial desta comunidade, pois mantêm consigo a diversidade biológica e natural em função das práticas agrícolas de baixo impacto (Pelwing *et al.*, 2008). São considerados essenciais na manutenção da agrobiodiversidade de forma heterogênea, pois têm com base modelos de produção diversificados e sustentáveis, produzem suas próprias sementes, permitem que as espécies locais e as variedades interajam de forma integral com fatores ambientais, proporcionando a evolução contínua das espécies em respostas às mudanças dos agroecossistemas (Boef *et al.*, 2007).

A agricultura familiar tem usado como estratégia de armazenamento de sementes crioulas a criação do banco de sementes. Esta prática se caracteriza pelo uso de diferentes métodos para conservar a viabilidade das sementes por longos períodos, garantindo a elas total acesso a tais recursos, sendo realizadas após multiplicação e beneficiamento (Didonet, 2007).

A resiliência dos agroecossistemas é reduzida quando há a perda de variedades, em consequência, acarreta também em prejuízos aos conhecimentos tradicionais associados às espécies, que são indispensáveis na conservação da agrobiodiversidade tropical (Alves *et al.*, 2011). É importante, ressaltar que tal perda ameaça a capacidade e os costumes das populações em assegurar sua própria alimentação e manter sua autonomia produtiva (Carvalho, 2016).

O arroz local é naturalmente resistente a pragas e doenças, tolerante a estresse, e esse grão, necessita apresentar uma boa qualidade para que seja apreciado pelas pessoas nas localidades onde cresce e se desenvolve. No geral, esses cultivares são vistos como ativos muito valiosos e precisam ser gerenciados adequadamente. O cultivo de arroz de sequeiro em terras altas é amplamente determinado por variedades que são adaptadas a essas condições (SAVARI *et al.*, 2020).

Pesquisas têm sido realizadas com o intuito de proteger essas variedades crioulas *ex situ* (em bancos de genes) para disponibilizar seus recursos genéticos aos agricultores, e a conservação *in situ* da agrobiodiversidade dentro sistemas agrícolas tradicionais tem sido uma alternativa (Maxted *et al.*, 2002). É o tipo de estratégia utilizada para a conservação da biodiversidade, quanto aos recursos genéticos associados, quer seja de

forma espontânea na natureza (espécies nativas) e, no caso das espécies domesticadas, do local onde essas desenvolveram as suas características adaptativas envolvendo os sistemas tradicionais agrícolas (Burle; Fonseca, 2022).

2.5 Diversidade genética do arroz

O arroz é considerado uma espécie modelo para os cereais, porque apresenta genoma pequeno quando comparado com outras gramíneas, possui uma vasta coleção de germoplasmas, contendo linhagens, variedades cultivadas, espécies não domesticadas, variedades tradicionais e, principalmente, uma grande quantidade de informações genéticas e moleculares agregadas, e disponíveis (Paterson *et al.*, 2005; Brondani; Vianello, 2012).

O International Rice Genebank Collection (IRRI), é o centro de conservação de germoplasma mais conhecido de pesquisa do arroz. O uso de marcadores do tipo SNPs (Polimorfismo de nucleotídeo único) e variantes estruturais reveladas por ressequenciamento aceleram pesquisas em genética diversidade, evolução, estudos de associação de genótipos e fenótipos e mineração de alelos. Para desvendar novos genes ou alelos para incorporar em programas de melhoramento, atualmente, o germoplasma natural tem sido preservado pela conservação *in situ* e/ou *ex situ*, todavia, há necessidade urgente de avaliação sistemática (Huang *et al.*, 2010; Li *et al.*, 2014; Wang *et al.*, 2018; Zhao *et al.*, 2018).

No Brasil o melhoramento genético do arroz sempre foi atribuição quase que exclusiva dos programas de instituições públicas, dentre elas Instituto Riograndense do Arroz (IRGA), Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI), Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), Instituto Agrônômico de Campinas (IAC) e Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) (Morais *et al.*, 2015).

Estima-se que no ano de 2050 a produção de arroz deverá apresentar o dobro da produtividade atual, e essa meta não será atingida apenas com o melhoramento genético convencional (Fedoroff *et al.*, 2010). Sobre o mesmo ponto de vista, Brondani e Vianello (2012) inferem que apesar da grande variabilidade genética disponível do arroz, e, que a mesma pode ser melhor manejada através de programas de melhoramento, contudo essa não seria a única maneira viável de atender ao aumento crescente da demanda para que alcancemos maiores índices de produtividade.

Nos últimos anos, a biotecnologia tem agregado benefícios impactantes e seguros para agricultores, consumidores, além do meio ambiente, auxiliando no desenvolvimento de sistemas agrícolas mais sustentáveis (Brondani; Vianello, 2012). Outro aspecto em destaque, foi a redução da diversidade genética de *O. sativa*, ao longo do processo de domesticação, ocasionado pelo “efeito gargalo” de varreduras seletivas, trata-se uma redução drástica do tamanho da população, sendo esta, pelo menos a uma geração (Caicedo *et al.*, 2007; Kovach; Mccouch, 2008; Hour *et al.*, 2020).

As variedades crioulas são morfologicamente identificáveis e têm origens históricas que exibem menor diversidade genética do que seus parentes não domesticados, contudo, entretanto, ao equiparados as cultivares modernas elas apresentam maior adaptação aos ambientes locais e à diversidade de preferências dos agricultores (Pusadee *et al.*, 2009; Thomson *et al.*, 2007).

Outra característica de suma importância ao estudo em questão é que as variedades crioulas possuem riqueza alélica em torno de 30% maior do que a das cultivares (Kovach; Mccouch, 2008; Zhang *et al.*, 2009), tolerâncias abióticas, resistências bióticas e outros caracteres superiores (Hour *et al.*, 2020). Em conjunto, a investigação da diversidade genética das variedades crioulas, correlacionando as riquezas nutricionais fornecerá informações valiosas e recursos para o cultivo moderno de arroz.

A diversidade genética é medida principalmente com base na estrutura morfológica diferenças de características quantitativas importantes, todavia, tal método apresenta algumas desvantagens em termos de tempo, espaço e custo de mão de obra. Além de não poder definir o nível exato de diversidade genética entre os germoplasmas, devido à ação gênica aditiva na expressão dos traços, sendo estes economicamente importantes, assim fatores ambientais mascaram seu verdadeiro desempenho fenotípico (Zhen *et al.*, 2004; Schulman, 2007, Aljumaili *et al.*, 2018).

Atualmente, a produção agrícola tem sido impactada significativamente através dos programas de melhoramento genético. Todavia, apesar do sucesso desses programas, a aplicação de tecnologias moleculares pode aprimorar a eficiência do melhoramento genético. Dentre essas diferentes tecnologias, podemos destacar o estudo do polimorfismo do DNA, o qual tornou-se uma área de pesquisa ativa das principais espécies agrônômicas. Nesse contexto, podemos dar ênfase a utilização de marcadores moleculares, os quais têm se mostrado úteis no auxílio do melhoramento de plantas, assim como no entendimento da domesticação das culturas, da evolução de plantas e

conhecimento dos mecanismos genéticos envolvidos nas características de interesse agronômico (Caixeta *et al.*, 2013).

As variedades crioulas possuem variabilidade para um amplo número de caracteres de interesse econômico, como genes que conferem tolerância aos estresses bióticos e abióticos (Priori *et al.*, 2018), que pelo ponto de vista genético, tais caracteres permitem adaptação aos diferentes agroecossistemas.

Em programas de melhoramento, o fornecimento de genes amplia a base genética é essencial para o desenvolvimento de novos cultivares (Vivas *et al.*, 2014). Todavia, a substituição de variedades crioulas por cultivares comerciais, incentivada pelos programas estaduais de distribuição de sementes, contribui com a erosão genética (Villela *et al.*, 2014).

Já as redes de troca de sementes, realizadas por agricultores familiares, comunidades quilombolas e indígenas promovem a dispersão genética, permitindo que os produtores adquiram novas variedades, recuperem tipos perdidos ou compensem a falta de sementes. Além disso, essa prática permite também a troca de conhecimentos tradicionais sobre agrobiodiversidade, práticas agroecológicas e etnoconhecimento (Pautasso *et al.*, 2012).

No geral, o fornecimento de recursos genéticos valiosos e úteis para melhoramento da cultura do arroz provém de antepassados selvagens e raças locais com rica diversidade genética e ampla adaptação a vários ambientes (Kovach; Mccouch, 2008; Sang; Ge, 2013; Dwivedi *et al.*, 2016), essencial para estudo futuros.

Atualmente, se tem a necessidade de interagir as práticas tradicionais com as inovações tecnológicas para alcançarmos a produtividade desejada alicerçada a riqueza genética das variedades crioulas.

2.6 Marcadores moleculares

Os marcadores moleculares baseados no polimorfismo do DNA permitem o acesso às diversas mutações que se encontram em diferentes regiões do genoma, que são utilizados para fornecer informações importantes para a detecção de variabilidade genética e para programas de conservação e uso de recursos genéticos (Faleiro *et al.*, 2007).

Esta é uma tecnologia prontamente disponível para avaliar a variabilidade genética e relação entre germoplasmas de culturas em variedades de arroz (Shah *et al.*,

2013), além de proporcionar resultados eficazes são ferramentas confiáveis para medir a diversidade genética de germoplasma das culturas, assim como o estudo da evolução.

A caracterização genética de plantas cultivadas ganhou força com o advento de marcadores moleculares baseadas em PCR. Atualmente, SSR é uma opção de marcador para caracterização molecular, este marcador é codominante, distribuído em todo o genoma, altamente reprodutíveis, variável, confiável e de natureza multialélica (Salgotra *et al.*, 2015).

Dentre os inúmeros marcadores moleculares utilizados para a cultura de arroz os microssatélites (SSR) têm grande potencial de uso principalmente em análises que envolvam a determinação de identidade varietal, assim como determinação do grau de relacionamento genético entre genótipos, que se aplica em situações de determinação de variabilidade genética e para estruturação de genótipos em uma coleção de germoplasma (Brondani; Vianello, 2012).

Os marcadores microssatélites têm sido usados por muitos pesquisadores (Jin *et al.*, 2010; Das *et al.*, 2013; Sou *et al.*, 2015) para caracterização de variedades de arroz, mesmo em menor número, mostram um melhor espectro de diversidade genética devido à sua natureza multialélica e altamente polimórfica (McCouch *et al.*, 1997).

Microssatélites são considerados codominantes, visto que alelos diferentes podem ser observados como bandas distintas, dessa maneira. Todavia, tais marcadores podem ocasionalmente comportar-se como dominantes, neste caso a diferença entre os genótipos que segregam no sítio de anelamento dos primers, ao invés de ser no número de sequências repetitivas (Hoffmann: Barroso, 2006).

As sementes crioulas podem ser variedades melhoradas que ao longo dos anos se adaptaram as condições locais, não sendo, portanto, consideradas crioulas ou as sementes de arroz cultivadas no estado do Maranhão pelos agricultores tradicionais apresentam grande variabilidade genética, característica que está relacionada a caracteres morfofisiológicos e agronômicos singulares, sendo estas caracterizadas como sementes crioulas.

Outro questionamento, seria relacionado a questão nutricional entre as variedades crioulas e cultivares melhoradas, em que as crioulas apresentem fácil adaptabilidade a condições adversas, e mesmo assim, mantenham seu padrão nos constituintes de amido, proteínas, fibras, ou até mesmo, superem das melhoradas. Alicerçado a tais pesquisas, ressalta-se ainda, a importância de associarmos todas as informações adquiridas da cultura de arroz, juntamente com dados da composição química de diferentes genótipos,

comparando a dados já presentes na literatura, com as variedades encontradas comercialmente, sendo estas já melhoradas.

3 REFERÊNCIAS

ALJUMAILI, S. J.; RAFII, M. Y.; LATIF, M. A. S.; SAKIMIN, Z.; AROLU, I. W.; MIAH, G. Genetic Diversity of Aromatic Rice Germplasm Revealed By SSR Markers, **BioMed Research International**, v. 2018, Article ID 7658032, 11 pages <https://doi.org/10.1155/2018/7658032>

ALVAREZ, A., FUENTES, J. L., PULDÓN, V., GÓMEZ, P. J., MORA, L., DUQUE, M. C.; GALLEGO, G.; TOHME, J. M. Genetic diversity analysis of Cuban traditional rice (*Oryza sativa* L.) varieties based on microsatellite markers. **Genet. Mol. Biol.** v. 30, p. 1109-1117., 2007. <https://doi:10.1590/S1415-47572007000600014>

ALVES, H. S.; AZEVEDO, R. A. B.; ALBUQUERQUE, M. C. F. Trajetória de variedades locais cultivadas em roças de agricultores camponeses do Bairro da Serra – Iporanga, SP. **Interações**, v. 12, n. 2, 203-214, 2011.

ARAÚJO, S. L.; FERREIRA, T. C.; SANTOS, A. S.; CORRÊA, E. B. Sanidade de sementes crioulas de milho armazenadas por agricultores familiares na Paraíba. **Cadernos de Agroecologia**, v. 8, n. 2, p. 1-4, 2013.

ARDENGHI, N. M. G.; ROSSI, G.; GUZZON, F. Back to beaked: *Zea mays* subsp. *mays* Rostrata Group in northern Italy, refugia and revival of open-pollinated maize landraces in an intensive cropping system. **Peer J**, v. 6, p. 5123, 2018. <https://doi:10.7717/peerj.5123>

AZEEZ, M. A.; ADUBI, A. O.; DURODOLA, F. A. Landraces and Crop Genetic Improvement. **In:** GRILLO, O (ed.). *Journal Rediscovery of Landraces as a Resource for the Future*, 2018. <https://doi:10.5772/intechopen.69576>

BELL, K. B. Rice, resistance, and forced transatlantic communities: (RE) envisioning the African diaspora in low country Georgia, 1750–1800. **J Afr Am Hist** v. 95, p. 57-182, 2010.

BERG T. Landraces and folk varieties: a conceptual reappraisal of terminology. **Euphytica**, v. 166, p.423-430, 2009.

BERNI *et al.*, 2018. BERNI, R.; ID, C. C.; ROMI, M.; HAUSMAN, J.; GUERRIERO, G.; AND CAI, G. Agrobiotechnology goes wild: ancient local varieties as sources of bioactives. **Int. J. Mol. Sci.** v. 19, E2248, 2018. <https://doi:10.3390/ijms19082248>
BHAT, F., AND RIAR, C. Health benefits of traditional rice varieties of temperate regions. **Med. Aromat. Plants**, v. 4, p. 3-5, 2015. <https://doi:10.4172/2167-0412.1000198>

BOEF, W. S.; THIJSSSEN, M. H.; OGLIARI, J. B.; STHAPIT, B. R. **Biodiversidade e agricultores fortalecendo o manejo comunitário**. L&PM: Porto Alegre, RS, p. 271, 2007.

BRONDANI; VIANELLO. Biotecnologia na cultura do arroz. *In*: CAÇADO, G. M. de A. Biotecnologia aplicada à agropecuária. 1 ed. Epamig: Caldas, 2012. 1ed. Poços de Caldas: Gráfica e Editora Sul Minas, v. 1, 2012.

BURLE, M. L.; FONSECA, M. A. J. da. Nem só ex situ, nem só in situ/on farm: por uma conservação integrada da agrobiodiversidade. **Revista RG News**, Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos v. 8, n. 1, p. 29-34, 2022.

CAICEDO, A. L.; WILLIAMSON, S. H.; HERNANDEZ, R. D.; BOYKO, A.; FLEDEL-ALON, A.; YORK, T. L.; POLATO, N. R.; OLSEN, K. M.; NIELSEN, R.; MCCOUCH, S. R. BUSTAMANTE, C. D.; PURUGGANAN, M. D. Genome-wide patterns of nucleotide polymorphism in domesticated rice. **PLoS Genet**, v. 3, n.9, p. 1745-1756, 2007. <http://doi.org/10.1371/journal.pgen.0030163>

CAIXETA, E. T.; FERRÃO, L. F. V.; MACIEL-ZAMBOLIM, E. Marcadores moleculares. *In*: BÓREM, A.V; FRITSCHÉ-NETO, R (eds.). **Biotecnologia aplicada ao melhoramento de plantas**. Suprema: Visconde do Rio Branco, 2013.

CALLAWAY, E. The birth of rice. **Nature**, v. 514, p. 58-59, 2014.

CARVALHO, M. T. M.; CASTRO, A. P.; FERREIRA, C. M.; LACERDA, M. C.; LANNA, A. C.; SILVALOBO, V. L.; SILVA, M. A. S.; COLOMBARI FILHO, J. M. **O arroz de terras altas como estratégia para segurança alimentar, intensificação ecológica e adaptação à mudança do clima**: rumo aos objetivos de desenvolvimento sustentável para o milênio, ed. Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, v. 14 p. 252, 2020 (Comunicado técnico).

CARVALHO, R. Manejo e a qualidade de sementes crioulas em comunidades de várzea no médio Solimões. **Dissertação** (Mestrado em Agricultura no Trópico Úmido), Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia - INPA, Manaus, 2016. 59 f.: il.

CLEMENT, C.S. ROCHA, S.F.R.; COLE, D.M. et al. Conservação on farm. *In*: NASS, L.L. (Org.). **Recursos genéticos vegetais**, ed. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, p.511-544, 2007.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. Acesso em: 10 de novembro de 2022. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Oferta e demanda: arroz. Disponível em: <http://portaldeinformacoes.conab.gov.br/oferta-e-demanda.htm> Acesso em: 15/06/23.

COSTA, F. N. **Que país é este? dimensões da desigualdade social**. Campinas: Universidade de Campinas, 2019. 44 p. (Texto para discussão, 370).

DAS, B.; SENGUPTA, S.; PARIDA, S. K.; ROY, B.; GHOSH, M.; PRASAD, M.; ET, A. L. Genetic diversity and population structure of rice landraces from Eastern and

DE LIMA, I. P.; BOTELHO, F. B. S.; SILVA, C. S. C.; NETO, A. R.; BERCHEMBROCK, Y. V.; CARDOSO, F. P.; SORMANTI, G.; CASTRO, A. P. Potencial genético de linhagens de arroz de terras altas pertencentes ao programa 26 de melhoramento da Universidade Federal de Lavras – melhor arroz. **Braz. J. of Develop.** v.6, n.1, p.1706-1713, 2020.

DENARDIN, C. C.; SILVA, L. P. Estrutura dos grânulos de amido e sua relação com propriedades físico-químicas. **Ciência Rural**, v.39, n.3, 2009.

DIDONET, A. D. Produção comunitária de sementes: segurança alimentar, desenvolvimentosustentável e cidadania. 1 ed. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Documentos 213), 2007. 15 p. ISSN 1678-9644.

DWIVEDI, S. L.; CECCARELLI, S.; BLAIR, M. W.; UPADHYAYA, H. D.; ARE, A. K.; ORTIZ, R. Landrace germplasm for improving yield and abiotic stress adaptation. **Trends in Plant Science**, v. 21, n. 1, p. 31-42, 2016.

DYER, G. A.; LÓPEZ-FELDMAN, A.; YÚNEZ-NAUDE, A.; TAYLOR, J. E. Genetic erosion in maize's center of origin. **PNAS**, v. 111, p. 14094-14099, 2014. doi: 10.1073/pnas.1407033111

ELTIS, D.; MORGAN, P.; RICHARDSON, D. Agency and diaspora in Atlantic history: reassessing the African contribution to rice cultivation in the Americas. **Am His Rev**, v. 112, p. 329-1358, 2007.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. Dados conjunturais da produção de arroz (*Oryza sativa* L.) no Brasil (1986 a 2021): área, produção e rendimento. Santo Antônio de Goiás, 2022. Disponível em: <http://cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm> . Acesso em: 15/ 06/23.

FALEIRO, F.G. **Marcadores genético-moleculares aplicados aos programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. 102p.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Faostat. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#home> Acesso em: 15/06/23.

FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics Division. Agricultural production [Database]. FAO, Rome, Italy. Disponível em: <http://faostat.fao.org/home/> Acesso em: 23 de abril, 2021.

FEDOROFF, N. V.; BATTISTI, D. S.; BEACHY, R. N.; COOPER, P. J. M.; FISCHHOFF, D. A.; HODGES, C. N.; KNAUF, V. C.; LOBELL, D.; MAZUR, B. J.; MOLDEN, D.; REYNOLDS, M. P.; RONALD, P. C.; ROSEGRANT, M. W.;

FERRAZ JÚNIOR, A. S. de L. Arroz de sequeiro em aleias de leguminosas em solos de baixa fertilidade natural. 2000. 196 f. **Tese** (Doutorado em Ciência do Solo) Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, 2000.

GOULART, I. C. G. R.; BORBA, T. C. O.; MENEZES, V. G.; MEROTTO, A. Distribution of weedy red rice (*Oryza sativa*) resistant to imidazolinone herbicides and

its relationship to rice cultivars and wild *Oryza* species. **Weed Sci**, v. 62, p. 280–293, 2014.

GROSS, B. L.; ZHAO, Z. Archaeological and genetic insights into the origins of domesticated rice. **Proc Natl Acad Sci, USA**, v. 111, p. 6190-6197, 2014.

HAEFELE, S. M.; NELSON, A.; HIJMANS, R.J. Soil quality and constraints in global rice production. **Geoderma**, v. 235, p. 250-259, 2014.

HARLAN, J. R. Our vanishing genetic resources. **Science**, v. 188, p. 618-621, 1975.

HE, F. A. R.; XI, Z.; AKSHY, T.; ZHANG, G. “Genetic diversity of different Waxy geneotypes in rice,” **Fen Zi Zhi Wu Yu Zhong**, v. 2, p. 179-186, 2003.

HEYWARD, D. C. **Seed from Madagascar**. University of South Carolina Press, Columbia. 1993.

HOFFMANN, L. V.; BARROSO, P. A. V. Marcadores Moleculares como Ferramentas para Estudos de Genética de Plantas, 1 ed. Campina Grande, Embrapa Algodão (Documentos 147), 2006, 2007. 35 p. ISSN 0103-0205.

HOUR, A.; HSIEH, W.; CHANG, S.; WU, Y.; CHIN, H.; LIN, Y. Genetic diversity of landraces and improved varieties of rice (*Oryza sativa* L.) in Taiwan. **Rice**, v. 13, n. 82, 2020. <https://doi.org/10.1186/s12284-020-00445-w>

HUANG, X.; XINGHUA, W.; TAO, S.; QIANG, Z. *et al.* Genome-Wide Association Studies of 14 Agronomic Traits in Rice Landraces. **Nature Genetics**, v. 42, n.11, p. 961-67, 2010. doi:10.1038/ng.695.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA.
Levantamento Sistemático da Produção Agrícola - LSPA. Rio de Janeiro, 2022
Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1618> Acesso em: 09/11/22.

ISHII, T.; XU, Y.; MCCOUCH, S. R. “Nuclear- and chloroplast microsatellite variation in A-genome species of rice,” **Genome**, vol. 44, n. 4, p. 658–666, 2001.

JACKSON, M. T.; LETTINGTON, R. J. L. Conservation and use of rice germplasm: an evolving paradigm under the international treaty on plant genetic resources for food and agriculture. Rome: FAO, 2002. <http://www.fao.org/docrep/006/Y4751E/y4751e07.htm>.

JIN, L.; LU, Y.; XIAO, P.; SUN, M.; CORKE, H.; BAO, J. Genetic diversity and population structure of a diverse set of rice germplasm for association mapping. **Theor**

JULIANO, B.O. **Rice in human nutrition**. Rome: FAO, 1993. Online Disponível em: <http://www.fao.org> Acesso em: 06 de dezembro de 2022.

JULIANO, B.O.; BECHTEL, D.B. The rice grain and its gross composition. **In:** JULIANO, B.O. (Ed.). **Rice: chemistry and technology**. Minnesota, USA: American Association of Cereal Chemists, cap.2, p.17-57, 1985.

KAUFMANN, M. P.; REINIGER, L. R. S.; WISNIEWSKY, J. G. Conservação Integrada da Agrobiodiversidade Crioula. **Revista Brasileira de Agroecologia**, vol. 13, p. 36-43, 2018.

KAUFMANN, M. P.; REINIGER, L. R. S.; WIZNIEWSKY, J. G.; MUNIZ, M. F. B. Resgate e Conservação da Agrobiodiversidade Crioula em Ibarama-RS: estratégias de manutenção. **Extensão Rural**, vol. 23, p. 66-78, 2016.

KHUSH, G. S. Taxonomy, ecology and agronomy of rice cultivation vis-à-vis genetic engineering of rice. **In:** CHOPRA V. L, SANTHARAM, S.; SHARMA RP (eds) Biosafety of transgenic rice. National Academy of Agricultural Sciences, New Delhi, p. 26 - 37, 2005.

KOVACH, M. J.; MCCOUCH, S. R. Leveraging natural diversity: back through: back through the bottleneck. **Curr Opin Plant Biol.**, v. 11, n.2, p.193-200, 2016.

LI, J. Y.; WANG, J.; ZEIGLER, R. S. The 3,000 rice genomes project: new opportunities and challenges for future rice research. **Gigascience**, vol. 3, n.8, 2014. <https://doi.org/10.1186/2047-217X-3-8>

LINHARES, J.F.P.; RODRIGUES, M.I.A. O resgate das sementes crioulas como estratégia para a conservação da agrobiodiversidade e autonomia da produção camponesa. **Revista Pós Ciências Sociais**, v. 5, n. 9, 2008.

LOKO, L.E.Y.; TOFFA, J.; ADJATIN A.; AKPO, A. J. *et al.* Folk taxonomy and traditional uses of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces by the sociolinguistic groups in the central region of the Republic of Benin. **Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine**, v. 14, p. 52, 2018. <https://doi.org/10.1186/s13002-018-0251-6>.

LUMEN, B.O.; CHOW, H. Nutritional quality of rice endosperm. **In:** LUH, B. S. (Ed.). Rice utilization. 2.ed. New York: Van Nostrand Reinhold, v.2, cap.15, p.363-395, 1995.

LYRA, D. H.; SAMPAIO, L. S.; PEREIRA, D. A.; AMARAL, C. L. F. Conservação on farm da agrobiodiversidade de sítios familiares em Jequié, Bahia, Brasil. **Revista Ceres**, v. 58, p. 1, p. 69-76, 2011.

MACHADO, A. T.; SANTILLI, J.; MAGALHÃES, R. **A agrobiodiversidade com enfoque agroecológico: implicações conceituais e jurídicas**. Embrapa Informação Tecnológica. Brasília, DF. 2008.

MACHADO, L.C.P., L.C.P.M. FILHO. A dialética da agroecologia. Contribuição para um mundo com alimentos sem veneno. Expressão Popular. São Paulo: Expressão Popular, 2014.

MAXTED, N.; GUARINO, L.; MYER, L.; CHIWONA, E. A. Towards a methodology for on-farm conservation of plant genetic resources. **Genet Resour Crop Evol.** v. 49, p. 31-46, 2002. doi: 10.1023/A:1013896401710

MBANJO, E. G. N.; KRETZSCHMAR, T.; JONES, H.; EREFUL, N. *et al.* The Genetic Basis and Nutritional Benefits of Pigmented Rice Grain. **Frontiers in Genetics**, v. 11, artigo 229, 2020. Doi: 10.3389/fgene.2020.00229

MCCOUCH, S. R.; BUSTAMANTE, C. D.; PURUGGANAN, M. D. Genome-wide patterns of nucleotide polymorphism in domesticated rice. **PLoS Genet**, v. 3, n. 9, p. 1745–1756, 2007. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.0030163>

MCCOUCH, S. R.; CHEN, X.; PANAUD, O.; TEMNYKH, S. *et al.* Microsatellite marker development, mapping and applications in rice genetics and breeding. **Plant Mol Biol**, v. 35, n. 1-2, p. 89–99, 1997.

MIAH, G.; RAFII, M.Y.; ISMAIL M.R.; PUTEH, A.B. *et al.* Blast resistance in rice: A review of conventional breeding to molecular approaches. **Mol. Biol. Rep.**, v. 40, p. 2369–2388, 2013.

MING, L.C.; AMOROZO, M.C.M.; KFFURI, C.W. **Agrobiodiversidade no Brasil, experiências e caminhos de pesquisa**. Edited by: U.P. Albuquerque. NUPEEA, Recife, 2012.

MOLDENHAUER, K.; GIBBONS, J.; MCKENZIE, K. Rice varieties. *In*: CHAMPAGN E.T. (ed) Rice: chemistry and technology, 3rd edn. **The American Association of Cereal Chemists**, St. Paul, p. 49-75, 2004.

MORAIS JÚNIOR, O. P. de; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P. de; CASTRO, A. P. de *et al.* Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, v.72, p.297-305, 2015. DOI: 10.1590/0103-9016-2014-0137

MULVANY, P.; BERGER, R. Biodiversidad Agrícola: Cuando Ias Agricultores mantienen Ia Red de Ia Vida. *In*. CIP-UPWARD. **Conservación y Uso Sostenible de Ia Biodiversidad Agrícola**: Libra de Consulta, ed. CIP, Filipinas, p.14-21, 2004.

ONG, M. H.; BLANSHARO, J. M. V. Texture determinants in cooked, parboiled rice I: rice starch amylose and the fine structure of amylopectin. **Journal of Cereal Science**, v.21, p.251-260, 1995.

PATERSON, A.H.; FREELING, M.; SASAKI, T. Grains of knowledge: genomics of model cereals. **Genome Research**, v.15, p.1643-1650, 2005.

PELWING, A. B.; FRANK, L. B.; BARROS, I. B. Sementes crioulas: o estado da arte no Rio Grande do Sul. **RER**, Piracicaba, SP, v. 46, n. 2, p. 391-420, 2008.

PERALES, H. R., BENZ, B. F., BRUSH, S. B. Maize diversity and ethnolinguistic diversity in Chiapas, Mexico. **PNAS**, v. 102, p. 949-954, 2005. doi: 10.1073/pnas.0408701102

PETERSEN, P.; SILVEIRA, L.; DIAS, E.; CURADO, F.; SANTOS, A. Sementes ou grãos? Lutas para desconstrução de uma falsa dicotomia. **Agriculturas**, v.10, n.1, p.36-45, 2013.

PORTERES, R. History of the first samples of *Oryza glaberrima* collected from Africa. **J Trop Agric Appl Bot**, v. 2, p.535–537, 1955.

PRIORI, D., BARBIERI, R. L., MISTURA, C. C., VILLELA, J. C. B. Caracterização morfológica de variedades crioulas de abóboras (*Cucurbita maxima*) do sul do Brasil. **Revista Ceres**, v. 65, n. 4, p. 337-345, 2018. <https://doi.org/10.1590/0034-737X201865040006>.

PUSADEE, T.; JAMJOD, S.; CHIANG, Y. C.; RERKASEM, B. *et al.* Genetic structure and isolation by distance in a landrace of Thai rice. **Proc Natl Acad Sci**, U.S.A, v. 106, n. 33, p. 13880-13885, 2009. <https://doi.org/10.1073/pnas.0906720106>

RICARDO, T.R.; WANDER, A.E. Rentabilidade e risco de culturas anuais em Rio Verde/GO. **Custos e @gronegocio**, v.9, p.181-195, 2013.

RICEPEDIA – BRAZIL (2015). Disponível em: <http://ricepedia.org/brazil> Acesso em 25 de dezembro, 2015.

ROSSET, P.; M. ALTIERI. **Agroecología ciencia y política**. Fundación Tierra. Riobamba, Ecuador, 2018.

SALGOTRA, R. K.; GUPTA, B. B.; BHAT, J. A.; SHARMA, S. Genetic Diversity and Population Structure of Basmati Rice (*Oryza sativa* L.) Germplasm Collected from North Western Himalayas Using Trait Linked SSR Markers. **PLOS ONE**, vol. 10, n. 7, 2015. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0131858>

SANCHEZ, P. L.; WING, R. A., BRAR, D. S. “The wild relative of rice: genomes and genomics,” *In*: Genetics and genomics of rice, plant genetics and genomics: crops and models. Eds. ZHANG, Q.; WING, R. A. R.A (New York: Springer), n. 5, p. 9-25,2013. doi: 10.1007/978-1-4614-7903-1_2

SANEEI, P.; LARIJANI, B.; ESMAILLZADEH, A. Rice consumption, incidence of chronic diseases and risk of mortality: meta-analysis of cohort studies. **Public Health Nutr.** v. 20, p. 233–244, 2017. <http://doi:10.1017/S1368980016002172>

SANG, T.; GE, S. Understanding rice domestication and implications for cultivar improvement. **Curr Opin Plant Biol**, v. 16, n.2, p. 139-146, 2013. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2013.03.003>

SANTANA, C.A.M.; SOUZA, G. da S. e; GOMES, E.G. O futuro do arroz de terras altas no Brasil: cultivo de oportunidade. **Revista de Política Agrícola**, ano 31, p. 51-70, 2022.

SARMA, R.; SWAMY, H. V. V. K.; SHASHIDHAR, H. E. Dealing with zinc and iron deficiency in rice: combine Strategies to fight hidden hunger in developing countries. **Int. J. Curr. Microbiol. Appl. Sci.** v. 7, 1887-1895, 2018. <http://doi:10.20546/ijcmas.2018.703.224>

SAVARI, M.; SHEYKHI, H; SHOKATI AMGHANI, M. The role of educational channels in the motivating of rural women to improve household food security. **One Health**, v. 10, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2020.100150>.

SCHULMAN, A. H. “Molecular markers to assess genetic diversity,” **Euphytica**, vol. 158, n. 3, p. 313–321, 2007.

SCHWANCK, A. A.; MENESES, P. R.; FARIAS, C. R. J.; FUNCK, G. R. D. *et al.* *Bipolaris oryzae* seed borne inoculum and brown spot epidemics in the subtropical lowland rice-growing region of Brazil. **Eur J Plant Pathol**, v. 142, p. 875–885, 2015.

SHAH, S. M., NAVEED, S. A.; ARIF, M. Genetic diversity in basmati and non-basmati rice varieties based on microsatellite markers. **Pak. J. Bot.** v. 45, p. 423-431, 2013.

SHARMA, A.; PATNI, B.; SHANKHDHAR, D.; SHANKHDHAR, S. C. Zinc – an indispensable micronutrient. **Physiol. Mol. Biol. Plants**, v. 19, p. 11-20, 2013.
<http://doi:10.1007/s12298-012-0139-1>

STEIN, J. C.; YU, Y.; COPETTI, D.; ZWICKL, D. J. *et al.* Genomes of 13 domesticated and wild rice relatives highlight genetic conservation, turnover and innovation across the genus *Oryza*. **Nature Genetics**, v. 50, p.285-296, 2018.

STORCK, C. R. Variação na composição química em grãos de arroz submetidos a diferentes beneficiamentos. 2004. **Dissertação** (Mestrado) - Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, 2004.

SUDIANTO, E.; BENG-KAH, S.; TING-XIANG, N.; SALDAIN, N.E.; SCOTT, R. C; BURGOS, N. R. Clearfield rice: its development, success, and key challenges on a global perspective. **Crop Prot**, v. 49, p. 40–51, 2013.

TERUNGWA, T. I.; AND YUGUDA, M. A. The impact of rice production, consumption and importation in Nigeria: the political economy perspectives. **Int. J. Sustain. Dev. World Policy** v. 3, p. 90-99, 2014.

THOMAS, M.; DAWSON, J. C.; GOLDRINGER, I.; BONNEUIL, C. Seed exchanges, a key to analyze crop diversity dynamics in farmer-led on-farm conservation. **Genet. Resour Crop Evol.**, v. 58, p.321-338, 2011.

THOMSON, M. J.; SEPTININGSIH, E. M.; SUWARDJO, F.; SANTOSO, T. J. *et al.* Genetic diversity analysis of traditional and improved Indonesian rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using microsatellite markers, **Theoretical and Applied Genetics**, v. 114, n. 3, p. 559-568, 2007.

VERMA, D. K., AND SHUKLA, K. Nutritional value of rice and their importance. **Indian Farmers Dig.**, v. 44, p. 21-35, 2011.

VILLA, T. C. C.; MAXTED, N.; SCHOLTEN, M.; FORD-LLOYD, B. Defining and identifying crop landraces. **Plant Genetic Resources**, v. 3, n. 3, p. 373-384, 2006.

WALTER, M. Composição química e propriedades antioxidantes de grãos de arroz com pericarpo marrom-claro, vermelho e preto. **Tese** (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, 2009.

WANDER, A. E.; SILVA, O. F.; FERREIRA, C. M. O arroz e o feijão no Brasil e no mundo. *In*: FERREIRA, C. M., J. A. F. BARRIGOSI, (eds.) Arroz e feijão : tradição e segurança alimentar, Brasília, DF : Embrapa, 2021. 164 p.

WANG, W.; MAULEON R, H. Z.; CHEBOTAROV, D.; TAI, S. *et al.* Genomic variation in 3.010 diverse accessions of Asian cultivated rice. **Nature**, v. 557, n. 7703, p. 43-49, 2018. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0063-9>

WORLD RICE PRODUCTION. **World Rice Production 2019/2020**. Disponível em: <http://www.worldagriculturalproduction.com/crops/rice.aspx/> Acesso em: 17 de maio de 2019.

YUAN, S.; LINQUIST, B. LLOYD, W.; CASSMAN, K. *et al.* A roadmap towards sustainable intensification for a larger global rice bowl. **Nature Communications**, v. 12, p. 163, 2021. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-27424-z>
www.nature.com/naturecommunications.

ZHENG, L.; KWON, T.R.; LIU, X.; WILSON, C. *et al.* Genetic diversity analyzed by microsatellite markers among rice (*Oryza sativa* L.) genotypes with different adaptations to saline soils. **Journal of Plant Sciences**, v. 166, n. 5, p. 1275–1285, 2004.

ZEVEN, A. C. Landraces: A review of definitions and classifications. **Euphytica**, v. 1, n. 1, p. 127-139, 1998.

ZHANG, D.; ZHANG, H.; WANG, M.; SUN, J. *et al.* Genetic structure and differentiation of *Oryza sativa* L. in China revealed by microsatellites. **Theor. Appl. Genet.**, vol. 119, n. 6, p. 1105-1117, 2009. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1112-4>

ZHAO, Q.; FENG, Q.; LU, H.; LI, Y. *et al.* Pan-genome analysis highlights the extent of genomic variation in cultivated and wild rice. **Nat Genet**, v. 50, n. 2, p. 278-284, 2018. <https://doi.org/10.1038/s41588-018-0041-z>

ZHOU, Z. *et al.* Composition and functional properties of rice. **International Journal of Food Science and Technology**, v.37, p.849-868, 2002.

Caracterização molecular de variedades crioulas de arroz (*Oryza sativa* L.) baseadas em marcadores microssatélites

CAPÍTULO II

Artigo a ser submetido na Revista PLOS ONE

Caracterização molecular de variedades crioulas de arroz (*Oryza sativa* L.) baseadas em marcadores microsatélites

Danielle Silva da Paz¹; Antonia Alice Costa Rodrigues²

¹#Doutoranda em Agroecologia, Universidade Estadual do Maranhão, São Luís, Brasil

²#Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade, Universidade Estadual do Maranhão, São Luís, Brasil

*Correspondência do autor:

aacrodrigues@outlook.com

Estes autores contribuíram igualmente com este trabalho

Resumo

O uso dos marcadores microsatélites na caracterização molecular é considerado uma alternativa para estudar a diversidade genética, além de avaliar a relação entre os diferentes germoplasmas de arroz. A pesquisa teve por objetivo analisar a diversidade genética a partir de marcadores microsatélites em variedades crioulas de arroz (*Oryza sativa* L.) provenientes de unidades de produção familiar no Estado do Maranhão. As 42 variedades crioula de arroz foram provenientes de 16 municípios maranhenses, em áreas produzidas por agricultores familiares, e uma variedade melhorada (BRS Primavera). Na análise dos 43 genótipos de arroz submetidos ao ensaio de marcadores microsatélites, 18 *primers* apresentaram polimorfismo. Os marcadores RM87, RM202, RM335 e RM16874 produziram valor máximo, 3 alelos. Os *primers* RM231, RM270, RM17, RM87 e RM84 foram os mais informativos por apresentarem PIC acima de 0,50. A análise de agrupamento separou os genótipos em 11 *clusters*. O maior valor do coeficiente de dissimilaridade foi observado entre os genótipos Palha Murcha e Vermelho, Palha Murcha e Palha Murcha Miúdo, e Palha Murcha e Pé Roxo, demonstrando a diversidade entre genótipos estudados. A caracterização molecular baseada em marcadores microsatélites proporcionou uma base sólida na identificação de genótipos geneticamente distantes. Diante disso, pode inferir que os genótipos de *Oryza sativa* crioulas que estão presentes nas mãos dos agricultores familiares em municípios do

Estado do Maranhão, e que são fonte de diversidade genética para orientar programas futuros de melhoramento genético vegetal.

Introdução

A Teoria Malthusiana, exposta em 1798, relatava que o crescimento populacional aumentava em nível exponencial, entretanto, a quantidade de alimento a ser produzido, acontecia em ordem aritmética. Tais questionamentos tem causado inúmeras preocupações em relação a quantidade de alimento a ser produzido para suprir as necessidades alimentares, pois Malthus subestimou a capacidade da tecnologia em elevar a produção de alimentos (FONTANA *et al.*, 2015).

Em decorrência desse crescimento, assim como, os impactos relacionados às mudanças climáticas, os produtores de arroz precisariam desenvolver urgentemente cultivares mais sustentáveis com rendimentos mais elevados, grãos mais saudáveis e com impactos ambientais reduzidos (STEIN *et al.*, 2018; WANG *et al.*, 2018).

O arroz (*Oryza sativa* L.), atualmente é considerado o alimento básico para mais da metade da população mundial (WORLD RICE PRODUCTION, 2019). No decorrer dos últimos anos, pode-se observar que houve uma grave erosão genética das lavouras, ocasionado devido à substituição de variedades tradicionais por cultivares modernas (ZEVEN, 1998; DYER *et al.*, 2014).

Contudo, as espécies selvagens de arroz e variedades tradicionais são adaptadas a condições ambientais adversas, sendo assim consideradas, portanto, recursos genéticos inexplorados principalmente, para serem usadas na criação de novas cultivares resistentes a desafios futuros (ALVAREZ *et al.*, 2007; WANG *et al.*, 2018).

Tais acessos de arroz são considerados um rico reservatório de genes em potencial, podendo ser aproveitado em programas de melhoramento, devido a variabilidade genética existente entre acessos de arroz deixando um amplo espaço para melhorias da cultura (SINGH *et al.*, 2015).

Entre as características de interesse no desenvolvimento de genótipos superiores, como cultivares, através de programas de melhoramento genético têm sido direcionados para o incremento o potencial produtivo da cultura (BRESEGHELLO *et al.*, 2011; COLOMBARI FILHO *et al.*, 2013). Todavia, torna-se necessário estratégias para a

manipulação da variabilidade genética, assim como os métodos de melhoramento a serem empregados para dessa forma, alcançar os ganhos genéticos desejados (CHÂTEL *et al.*, 2008).

O uso de marcadores moleculares, em arroz têm possibilitado inúmeras pesquisas relacionadas a estudo da diversidade genética, identificação de subespécies, caracterização molecular de cultivares e a construção de mapas para a identificação de características importantes, resistência a doenças e insetos-praga (LOPES, 2002).

A repetição de sequência simples (SSR) é uma ferramenta importante para a identificação da variação genética do germoplasma (POWELL *et al.*, 1996; MA *et al.*, 2011). O marcador SSR tem alguns méritos como rapidez, simplicidade, polimorfismo rico e estabilidade, sendo amplamente aplicado na análise de diversidade genética, construção de mapas moleculares e mapeamento de genes (ZHANG *et al.*, 2007; MA *et al.*, 2011), teste de pureza genética (PENG *et al.*, 2003; MA *et al.*, 2011), análise da diversidade de germoplasma (ZHOU *et al.*, 2003; JIN *et al.*, 2010; MA *et al.*, 2011) utilização da heterose, principalmente na identificação de espécies com parentesco genético mais próximo.

Ao longo de todo o genoma do arroz estão distribuídos os marcadores moleculares do tipo SSR, e estes, possuem alto conteúdo de informação de polimorfismo. Essa classe de marcadores tem sido utilizada para caracterizar a diversidade genética de cultivares e variedades tradicionais de arroz em alguns países como no Brasil (BRONDANI *et al.*, 2006; BORBA *et al.*, 2009) na Argentina (GIARROCCO *et al.*, 2007), na Venezuela (HERRERA *et al.*, 2008) e na Índia (PERVAIZ *et al.*, 2009).

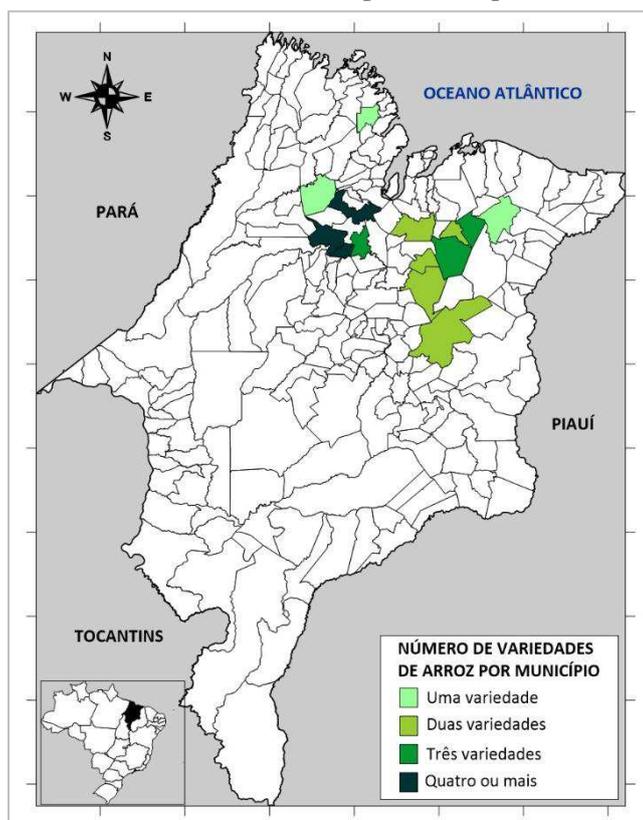
Diante do exposto, essa pesquisa teve por objetivo caracterizar molecularmente variedades crioulas de arroz (*Oryza sativa* L.) provenientes de unidades de produção familiares no estado do Maranhão baseadas em marcadores microssatélites (SSR).

Materiais e Métodos

Obtenção das variedades, semeadura e coleta do tecido foliar

Foram utilizados 42 genótipos de arroz da Coleção de Variedades Crioulas de Arroz da Universidade Estadual do Maranhão (UEMA) coletadas em um total de 14 municípios do Estado do Maranhão, sendo estes, Codó, Coroatá, Igarapé do Meio, Itapecuru Mirim, Mirinzal, Monção, Nina Rodrigues, Pedro Rosário, Pirapemas, São Benedito do Rio Preto, Urbano Santos, Vargem Grande, Viana, Vitória do Mearim, localizadas em áreas produtivas de arroz, produzidas por agricultores familiares, e uma variedade BRS Primavera, melhorada. (Fig. 1).

Figura 1. Distribuição dos pontos de coletas das variedades crioulas de arroz por municípios.



Esses genótipos se encontram armazenados em câmara fria seca ($\pm 15^\circ \text{C}$ / 25 de UR). Sementes de cada genótipo foram colocadas em papel Germitest, depositadas em sacos plásticos e acondicionadas, em câmara de germinação B.O.D (*Biochemical Oxygen Demand*), com fotoperíodo de 12 horas luz, controle de temperatura 25°C para a germinação, de acordo com as Regras para Análises de Sementes (RAS) (BRASIL, 2009). As amostras provenientes das plântulas foram coletadas 20 dias após a emergência, em seguida, foram mantidas em papel alumínio devidamente identificadas e armazenadas em freezer à -80°C até extração de DNA genômico.

Extração de DNA e reação de amplificação

As extrações de DNA de tecido vegetal foram realizadas segundo protocolo descrito por Doyle e Doyle (1987), utilizando o método CTAB. A concentração das amostras de DNA foi estimada por eletroforese em gel de agarose 1 % (Sigma-Aldrich, Steinheim am Albuch, Alemanha), e quantificadas com o auxílio do Biodrop, em seguida, a concentração foi ajustada para 30 ng/ μ L.

Nas reações de cadeias de polimerase (PCR) foram utilizadas 30 ng de DNA para cada reação de 25 μ L, contendo 10X Tampão da Taq com KCl [500 mM KCl; 100 mM Tris-HCl (pH 8,8); 1 % Triton-X-100]; 100 μ M de cada dNTP (dATP, dTTP, dGTP e dCTP); 25 mM de MgCl₂; 0,2 μ M de cada iniciador e 5 U/ μ L de Taq DNA Polymerase (Sinapse Inc.).

As amplificações foram realizadas em Termociclador Applied Biosystems ProFlex PCR System (Thermo Fisher Scientific®), empregando um programa com desnaturação inicial a 94 °C por 1 minuto e 25 segundos, com uma sequência de 30 ciclos de 35 segundos a 95 °C, 55 segundos na temperatura específica de cada primer, seguida de 1 minuto e 30 segundos a 72 °C e, em seguida, 10 minutos a 72 °C para extensão, sendo que para as reações de PCR foram selecionados vinte primers microssatélites específicos para o arroz (Tab. 1).

Tabela 1. Lista dos vinte marcadores moleculares microssatélites específicos de *Oryza sativa* e suas respectivas, temperaturas de anelamento.

ID	PRIMERS		T _{anelamento}
	Sequência F	Sequência R	
RM270	GGCCGTTGGTTCTAAAATC	TGCGCAGTATCATCGGCGAG	56,5 °C
RM190	CTTTGTCTATCTCAAGACAC	TTGCAGATGTTCTTCCTGATG	53,0 °C
RM335	GTACACACCCACATCGAGAAG	GCTCTATGCGAGTATCCATGG	58,0 °C
RM263	CCCAGGCTAGCTCATGAACC	GCTACGTTTGAGCTACCACG	58,5 °C
RM202	CAGATTGGAGATGAAGTCCTCC	CCAGCAAGCATGTCAATGTA	55,5 °C
RM39	GCCTCTCTCGTCTCCTTCCT	AATTCAAACCTGCGGTGGC	56,5 °C
RM551	AGCCAGACTAGCATGATTG	GAAGGCGAGAAGGATCACAG	56,0 °C
RM16874	TAGCAAGCTTGGAGAAGTGATGG	CAGAAGAAGTCAGCTCTATGCTTGG	59,0 °C
RM84	TAAGGGTCCATCCACAAGATG	TTGCAAATGCAGCTAGAGTAC	55,0 °C
RM1	GCGAAAACACAATGCAAAAA	GCGTTGGTTGGACCTGAC	53,0 °C
RM424	TGGCGCATTTCATGTCATC	TGGCGCATTTCATGTCATC	54,0 °C
RM87	CCTCTCCGATACACCGTATG	GCGAAGGTACGAAAGGAAAG	56,0 °C
RM216	GCATGGCCGATGGTAAAG	TGTATAAAACCACACGGCCA	54,0 °C

RM528	AAATGGAGCATGGAGGTCACB	AAATGGAGCATGGAGGTCAC	55,0 °C
RM232	CCGGTATCCTTCGATATTGC	CCGACTTTTCCTCCTGACG	56,0 °C
RM17	TGCCCTGTTATTTTCTTCTCTC	GGTGATCCTTTCCCATTTC	53,5 °C
RM174	AGCGACGCCAAGACAAGTCGGG	TCCACGTCGATCGACACGACGG	63,0 °C
RM231	CCAGATTATTTCTGAGGTC	CACTTGCATAGTTCTGCATTG	53,5 °C
RM481	TAGCTAGCCGATTGAATGGC	CTCCACCTCCTATGTTGTTG	57,5 °C
RM434	GCCTCATCCCTCTAACCCCTC	CAAGAAAGATCAGTGCGTGG	56,5 °C

Os produtos de amplificação foram separados durante 2 horas em eletroforese, com gel de agarose a 1,5 %, visualizados em transluminador (Loccus) e fotografados em foto documentador para gel de eletroforese – L-PIX EX (Loccus).

Análises estatístico-genéticas

Todos os genótipos foram avaliados através dos produtos das reações de amplificação (marcadores SSR), sendo codificados em presença (1) e ausência (0) de bandas e convertidos em uma matriz binária, a partir da qual foram estimadas as dissimilaridades genéticas entre os diferentes acessos, com base no complemento do coeficiente de similaridade, utilizando-se software Past, versão 4.03. A partir desses dados foram realizadas a construção do dendrograma, pelo método hierárquico UPGMA e do índice de Diversidade Shannon-Wiener (H'), ambos pelo método Jaccard. Na avaliação do Conteúdo de Informação de Polimorfismo (PIC) foi gerado um ambiente R a partir Package 'vegan' versão 2.5-4.

Resultados e Discussão

Na análise dos 43 genótipos de arroz submetidos ao ensaio de marcadores SSR para avaliar a diversidade molecular, 18 apresentaram polimorfismo. O *primer* RM84 se apresentou monomórfico e o RM 231 amplificou apenas o genótipo Bacaba. Os tamanhos dos fragmentos da amplificação variaram de 50 - 400 pares de base (bp). Destaque para o *primer* RM87 que apresentou maior variação (Tab. 2).

Tabela 2. Detalhes dos primers SSR, número de alelos amplificados, tamanho aproximado dos produtos da PCR (pb) e Conteúdo de Informação de Polimorfismo (PIC).

Primer	Nº de Alelos Amplificados	Tamanho Aprox. (bp)	PIC
RM270	2	80-190	0,99
RM190	2	60-200	0,18
RM335	3	50-250	0,00
RM263	3	50-250	0,09
RM202	3	50-290	0,38
RM39	2	50-250	0,09
RM551	2	50-290	0,14
RM16874	3	50-250	0,14
RM84	1*	63,49	0,75
RM1	2	80-25	0,14
RM424	2	70-390	0,18
RM87	3	70-400	0,90
RM216	2	70-300	0,31
RM528	2	50-320	0,52
RM232	2	50-250	0,49
RM17	2	50-300	0,95
RM174	2	50-350	0,00
RM231	2	100-300	1,00
RM481	2	60-300	0,38
RM434	2	60-250	0,70
Média	2,25	-	

*monomórfico

Na avaliação da diversidade genética de genótipos de arroz utilizando os mesmos marcadores microssatélites, o *primer* RM39, apresentou natureza monomórfica (RASHMI *et al.*, 2017).

O valor de PIC observado nesse estudo variou de 0 a 0,99, com média de 0,42 (Tab. 2), considerado moderadamente informativo, pois de acordo com Bostein *et al.* (1980) valores de PIC abaixo de 0,25 são considerados pouco informativos, entre 0,25 e 0,50 moderadamente informativos e os acima de 0,50 são altamente informativos.

Mediante tais parâmetros os *primers* RM 270, RM84, RM 87, RM 528, RM 17, RM 231 e RM 434, foram considerados altamente informativos, pois o PIC variou entre 0,52 e 1,00. Os *primers* RM 202, RM 216, RM 232 e RM 481, demonstraram a variação

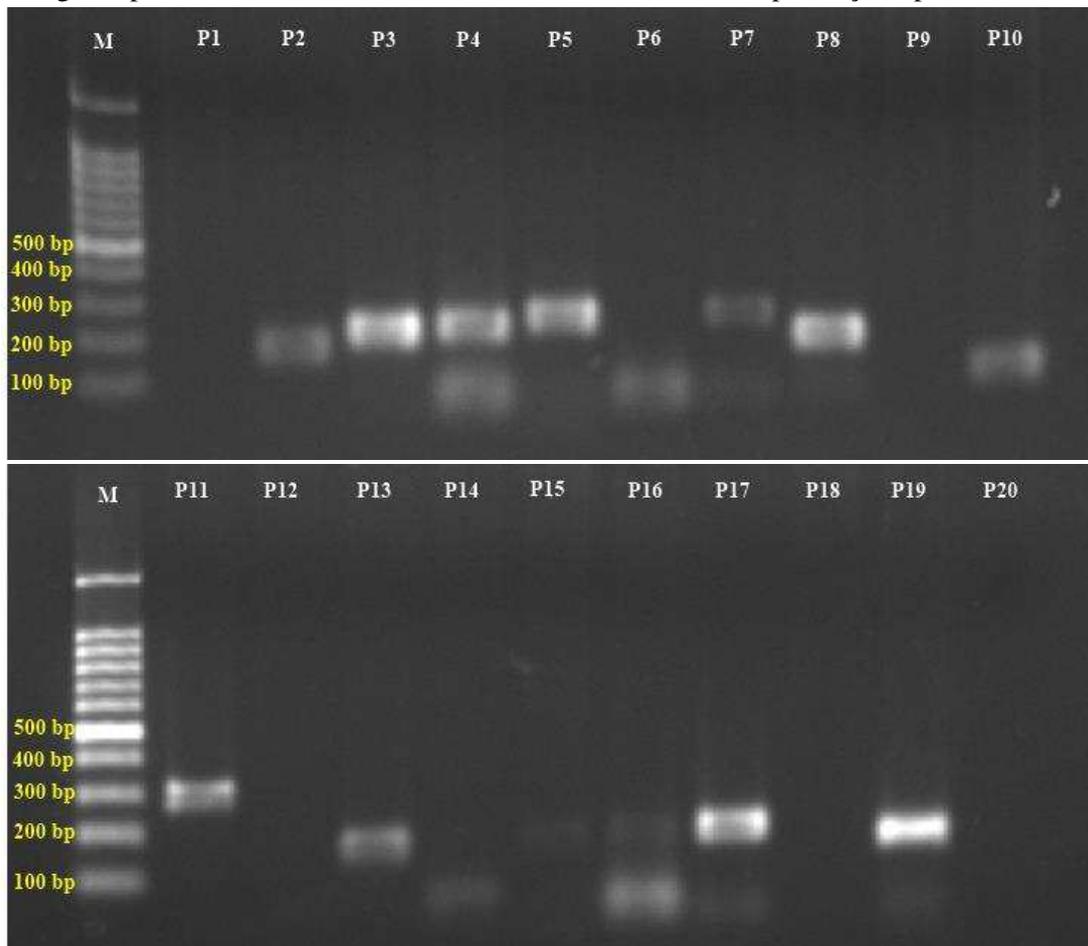
entre 0,31 e 0,49, se caracterizando como moderadamente informativos, e por fim os *primers* apresentando RM 190, RM 263, RM 39, RM 551, RM 16874, RM 1, RM 424, RM 481, RM 528, RM 433 foram pouco representativos por apresentarem PIC abaixo de 0,25. Vale ressaltar, ainda que os *primers* RM 335 e RM 174 obtiveram PIC iguais a zero (0) não sendo recomendados para a caracterização genética dos genótipos de *O. sativa*.

No trabalho realizado por Rashmi *et al.*, (2017), ao analisar a diversidade genética de acessos de arroz a partir de marcadores microssatélites obtiveram valores de PIC entre 0,032 e 0,588 com média de 0,366. Singh *et al.*, (2013), constataram variação de 0,04 a 0,5, e média de 0,25. Em comparação a estimativas anteriores de análise de microssatélites em arroz, trabalho realizado por Singh *et al* (2015) apresentaram resultados variando de 0,26 a 0,65 com uma média de 0,47. Umadevi *et al* (2014) obtiveram PIC entre 0,28 e 0,50, uma média de 0,45. Em pesquisa realizada por Hossain *et al.*, 2012 observaram variação de 0,239 a 0,765 com uma média de 0,508. Pode-se inferir, que cada marcador responde de forma específica aos diferentes genótipos de arroz.

A análise do Conteúdo de Informação de Polimorfismo (PIC) determina o potencial que um marcador pode detectar polimorfismo, dentro de uma população ou grupo de indivíduos, sendo assim, essencial para inferir o quão informativo são os *primers utilizados* nessa pesquisa. Os *primers* avaliados nesse estudo apresentaram 85 % de polimorfismo, em geral, demonstraram serem potencialmente usados na caracterização molecular de germoplasma de arroz.

Com relação ao gel de agarose (1,5 %) (Figura 2) do genótipo ‘Comum’, cabe destacar a presença de polimorfismo, para os *primers* RM263, RM551, RM16874, RM17, RM174 e RM481. Os *primers* RM270, RM84, RM87, RM231 e RM434, que se apresentaram pouco informativos para esse acesso, pois não amplificaram. O *primer* RM270 amplificou apenas um genótipo ‘Baixinho’ e o *primer* RM87 dois genótipos ‘Baixinho’ e ‘Cana Roxa’, demonstrando alta especificidade desses marcadores SSR. Isso sugere que cada marcador reage diferentemente quando associamos a variedades de *O. sativa*.

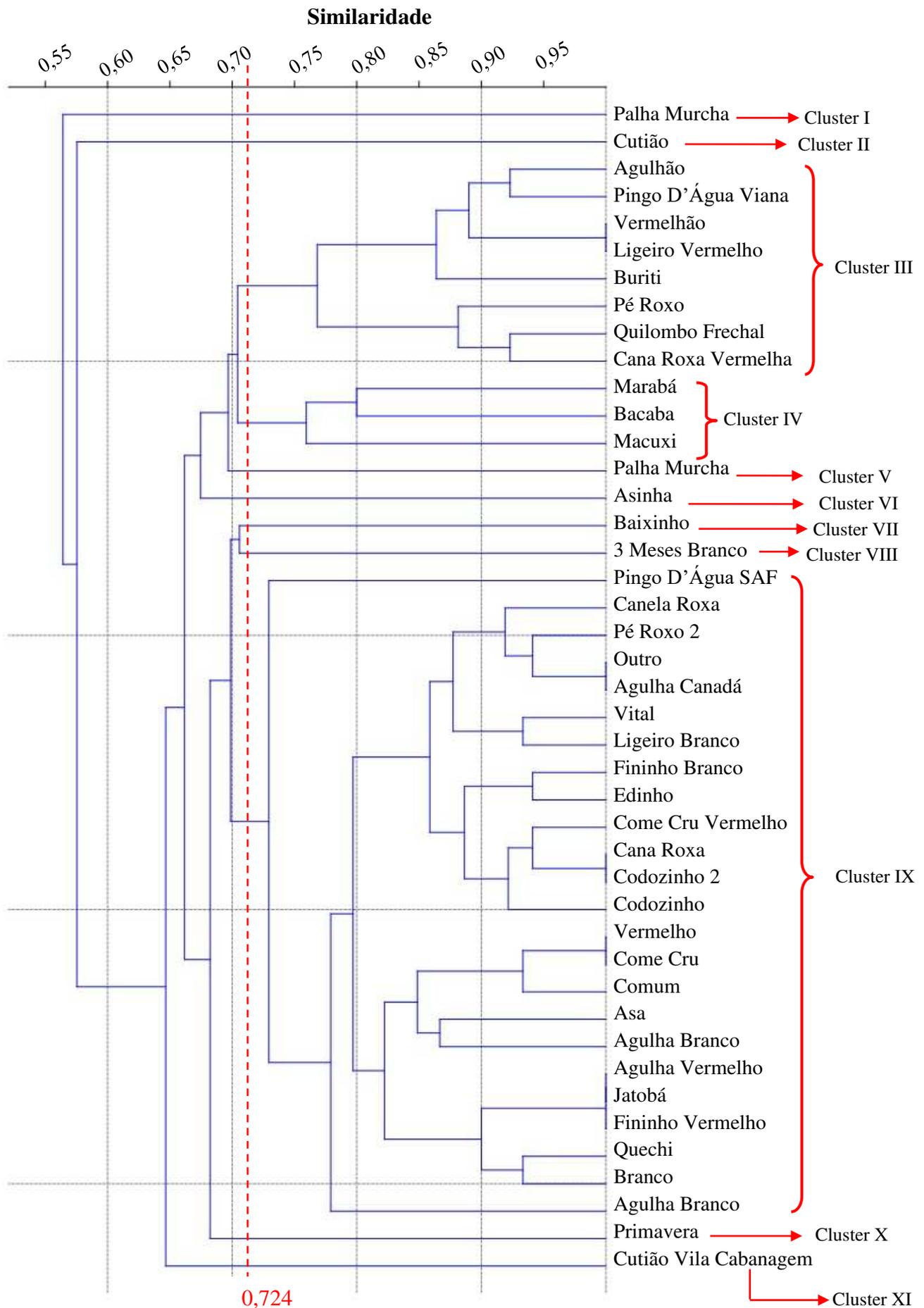
Figura 2. Gel de agarose à 1,5 % de produto da PCR utilizando os vinte marcadores SSR do genótipo de *O. sativa* L. variedade “Comum”, demonstrando a presença de polimorfismo.



M: Marcador (ladder com 100bp), P1: RM 270; P2: RM190; P3: RM335; P4: RM263; P5: RM202; P6: RM39; P7: RM551; P8: RM16874; P9: RM84; P10: RM1; P11: RM424; P12: RM87; P13: RM216; P14: RM528; P15: RM232; P16: RM17; P17: RM174; P18: RM231; P19: RM481 e P20: RM434.

Um dendrograma baseado no coeficiente de dissimilaridade de Jaccard foi construído a partir do método UPGMA. Com base na média da similaridade genética, os 43 genótipos de arroz estudados foram agrupados em 11 *clusters*. Os *clusters* I, II, V, VI, VII, VIII, X e XI foram representados por apenas um genótipo, sendo esses, ‘Palha Murcha’, ‘Cutião’, ‘Palha Murcha Miúdo’, ‘Asinha’, ‘Baixinho’, ‘3 Meses Branco’, ‘BRS Primavera’ e ‘Cutião Vila Cabanagem’, respectivamente (Fig.3).

Figura 3. Dendrograma de quarente e dois acessos de arroz crioulos obtidos em área de produção familiar de municípios do Estado do Maranhão e uma variedade melhorada (BRS Primavera)



Na Figura 3, o dendrograma apresentou subdivisões, dessa forma o *cluster III*, foi composto por dois subgrupos, sendo: *III-a* formado pelos genótipos Agulhão e Pingo D'Água Viana (0,92 de similaridade), Vermelhão e Ligeiro Vermelho (1 de similaridade) e Buriti; *III-b* formado pelos genótipos Quilombo Frechal apresentando 0,92 de similaridade do Cana Roxa Vermelho e Pé Roxo (*III-b2*).

O *cluster IV* foi compreendido pelos genótipos Marabá, Bacaba e Macuxi. O *cluster IX* apresentou o maior número de genótipos (24), sendo estes, Pingo D'Água SAF'S, Canela Roxa, Pé Roxo 2, Outro, Agulha Canadá, Vital, Ligeiro Branco, Fininho Branco, Edinho, Come Cru Vermelho, Cana Roxa, Codozinho 2, Codozinho, Vermelho, Come Cru, Comum, Asa, Agulha Branco Andirobalzinho, Agulha Vermelho, Jatobá, Fininho Vermelho, Quechi, Branco e Agulha Branco Severino (Fig. 3).

O *Cluster IX* apresentou várias subdivisões. Primeiramente, em dois grupos maiores. O primeiro grupo se subdividiu em dois: 1) *IX-a* (Pingo D'Água SAF's); 2) *IX-b1a* (Canela Roxa, Pé Roxo 2, Outro, Agulha Canadá, Vital, Ligeiro Branco, Fininho Branco, Edinho, Come Cru Vermelho, Cana Roxa, Codozinho 2, Codozinho) e *IX-b1b* (Vermelho, Come Cru, Comum, Asa, Agulha Branco Andirobalzinho, Agulha Vermelho, Jatobá, Fininho Vermelho, Quechi e Branco).

Vale ressaltar, que os genótipos Vermelhão e Ligeiro Vermelho (*Cluster III*); Outro e Agulha Canadá (*Cluster IX-b1a*); Cana Roxa e Codozinho 2; Vermelho e Come Cru (*IX-b1b*); e por último, Agulha Vermelho, Jatobá e Fininho Vermelho (*IX-b1b*) apresentaram similaridade genética 1, ou seja, 100 % de similaridade entre si. O coeficiente de similaridade varia de uma a zero, em que próximo a um mostra alta similaridade, enquanto próximo de zero mostra alta dissimilaridade.

Tais resultados inferem que grau de semelhança 1, caracterizam genótipos que são geneticamente iguais. Com isso, podemos afirmar que a presença de duplicatas no banco de germoplasma, ou seja, os genótipos podem receber nomes diferentes de acordo com cada unidade de produção familiar, em diferentes povoados ou até municípios, mas que se trata do mesmo material genético. Esses resultados podem ser explicados devido à possível troca de material genético, ao longo das gerações, assim como a questão das proximidades de unidades de produção. Com isso, torna-se necessário aprofundarmos as análises desses genótipos.

A formação dos clusters pelo dendrograma nesse estudo mostrou a correlação cofenética (r) foi de 0,78, que de acordo com Rohlf (2000) valores iguais ou superiores a 0,70 são considerados bons.

A tabela 3 apresenta os resultados da análise molecular da variância, sendo essencial na avaliação da variação genética em uma população, dividindo essa variação em grupos predefinidos. A partir do dendrograma, com base na análise hierárquica dos *clusters*, com os três *clusters* obtidos, em que $n > 1$, onde n é o número de genótipos presente no agrupamento. Os resultados da análise entre as populações mostraram estimativa da variação zero (0), indicando que não houve variação significativa, enquanto, na variação dentro das populações foi de 0,057. A variação total observada entre as populações foi 0 %, e de 100 % dentro das populações.

Tabela 3. Análise Molecular de Variância (AMOVA) de genótipos de arroz crioulo coletadas em áreas de produtores familiares do estado Maranhão, baseada na análise de 20 marcadores SSR.

Fonte de Variação	GL	SQ	Componentes de Variação	Variação (%)	P valor
Entre população	2	0,060	0,030	0,000	0%
Dentro da população	32	1,826	0,057	0,057	100%
Total	34	1,886		0,057	100%

$F_{is} = -0,058$; $p = 0,239$

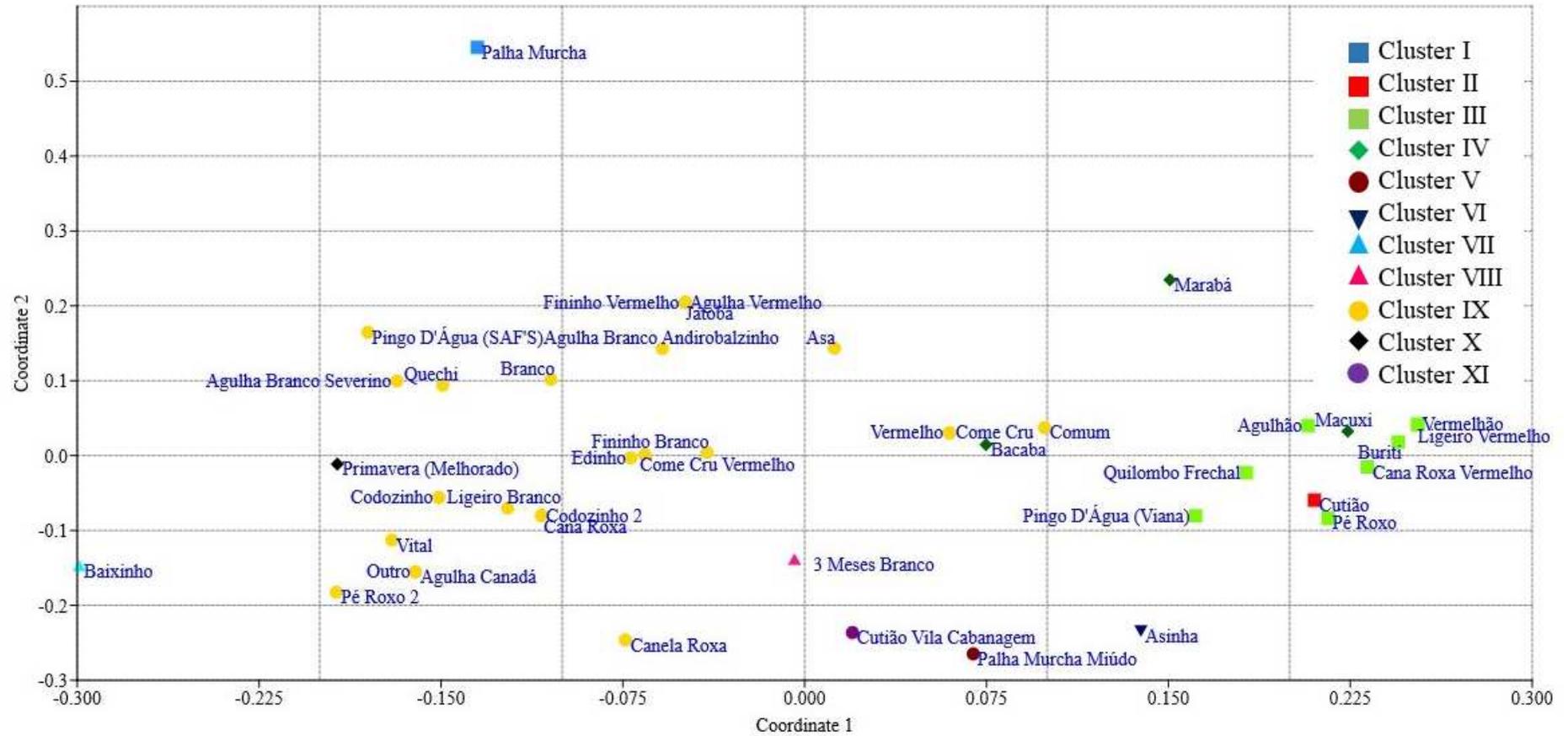
Resultados semelhantes foram observados por Singh *et al.* (2016), na avaliação da diversidade de arroz, também baseadas por marcadores SSR, em que houve baixa variação entre as populações (3 %), além de apresentar 61 % entre indivíduos e 36 % de variação dentro dos indivíduos.

A AMOVA infere que houve variação genética significativa dentro das populações, enquanto a variação entre as populações foi insignificante. A diferenciação genética total (F_{ST}) foi -0,058, podendo ser indicativo de alguma heterogeneidade genética, contudo o resultado não foi estatisticamente significativo, devido o valor de p ($p = 0,239$).

A análise de coordenadas principais (PCoA) apresentou subsídios para entender as relações genéticas entre os genótipos de *O. sativa*. Dessa forma, foram analisados padrões de agrupamentos, apresentando distinção na dispersão bidimensional, em que a PCoA apresentou uma correspondência geográfica dos genótipos aqui avaliados, inferindo um padrão de agrupamento entre elas. Além disso, observou-se que os resultados mostraram correlação com a divisão dos *clusters* através do dendrograma e na matriz de similaridade genética. Ressalta-se, ainda, que alguns genótipos ficaram localizados no mesmo ponto gráfico, sendo eles: (i) Vermelhão e Ligeiro Vermelho, (ii)

Agulha Canadá e Outro, (iii) Cana Roxo e Codozinho 2, (iv) Vermelho e Come Cru, e, (v) Agulha Vermelho, Jatobá e Fininho Vermelho, (Fig. 4).

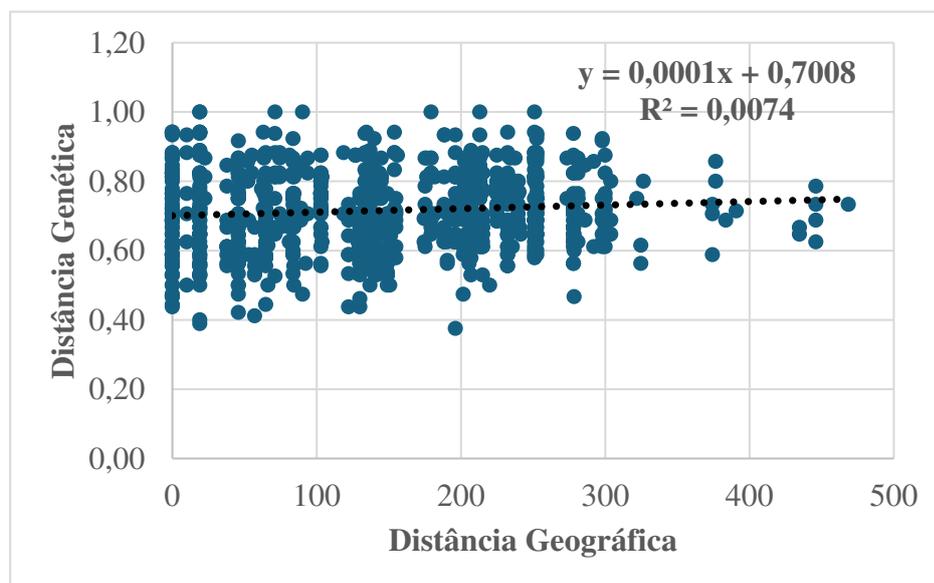
Figura 4. Análise de Coordenada Principal (PCoA) de 43 genótipos de *O. sativa* baseados em 20 marcadores SSR.



Correlacionando a proximidade geográfica dos genótipos Ligeiro Vermelho e Vermelhão, as sementes foram coletadas nos municípios Pedro do Rosário e Vitória do Mearim, respectivamente. Já as sementes do genótipo Cana Roxa (Igarapé do Meio) e Codozinho 2 (Pirapemas); Agulha Canadá (Igarapé do Meio) e Outro (Monção); Agulha Vermelho (São Benedito do Rio Preto), Jatobá (Viana) e Fininho Vermelho (Vargem Grande). Pode-se inferir que, mesmo o arroz sendo uma espécie anual autógama, possa apresentar um percentual de taxa de cruzamento natural variável, mesmo que muito baixa. Tais informações podem explicar a proximidade genética entre esses genótipos.

Na Figura 5, observou-se que houve uma correlação positiva, contudo, muito baixa entre a distância genética e a distância geográfica ($r = 0,086$). Pode-se inferir que, tais resultados foram ocasionados pela constante troca de material genético entre agricultores, o que resultou na baixa variabilidade das mesmas, mesmo apresentando muitas variedades utilizadas pelos agricultores.

Figura 5. Regressão da distância geográfica e genética de genótipos de *O. sativa* coletadas de áreas produtivas em municípios do Estado do Maranhão.



De acordo com Epperson (1996), o isolamento genético por distância é um processo dinâmico no espaço e no tempo que produz alterações na composição genética. Entretanto, os dados sugerem que as variedades crioulas de arroz, se caracterizam por ser um sistema dinâmico e evolutivo, e não o conjunto estático de genótipos encontrados em variedades melhoradas.

Os processos naturais, como deriva, seleção, fluxos de genes e hibridização são fatores que podem influenciar a distribuição da variação genética do arroz. Todavia como este grão, é uma espécie domesticada, práticas de cultivo, assim como, a troca e seleção de sementes pelos agricultores desempenhem um papel predominante (Pusadee *et al.*, 2009).

A maior média de dissimilaridade foi observada pelo genótipo Palha Murcha (0,54), se apresentou mais distante geneticamente do Asinha, Palha Murcha Miúdo e Pé Roxo, com índice de distância 0,38, 0,39 e 0,40, respectivamente. O mesmo genótipo apresentou distante do Cutiã Vila Cabanagem, Cana Roxa Vermelha (0,44), Cutiã (0,46), Canela Roxa, Quilombo Frechal e Macuxi (0,47).

O genótipo Baixinho apresentou a segunda menor média de distância genética de 0,57 do Macuxi (0,42), em que se mostrou dissimilaridade do Buriti, Pé Roxo (0,44), Cana Roxa Vermelho, Marabá, Vermelhão e Bacaba (0,47). Ressalta-se o genótipo Pingo D'Água SAF's apresentou 0,41 de dissimilaridade do Cutiã. Entre as maiores dissimilaridades observadas, a variedade melhorada BRS Primavera apresentou 0,41 da Pé Roxo e 0,47 da Cana Roxa Vermelha. Tais resultados inferem a presença de considerável diversidade dos genótipos estudados. Além disso, o uso da variedade BRS Primavera (melhorada), nessa pesquisa, serviu de parâmetro diferenciador quando comparada às variedades crioulas.

A BRS Primavera foi lançada no ano de 1997, originária do cruzamento entre IRAT10 e LS85-185, em Goiânia, Goiás (FONSECA *et al.*, 2004). Constitui-se na primeira cultivar de arroz de terras altas, com grãos de classe longo-finos, de qualidade, além do seu desempenho quanto à produtividade (FORNASIERI FILHO; FORNASIERI, 2006). Tal tecnologia foi um marco de conquista entre os melhoristas na transformação do arroz de terras altas tipo longo para longo-fino, além de revigorar os sistemas de plantio sem irrigação.

De acordo com Ferreira *et al.* (2006) um ponto vulnerável desse sistema de produção de arroz de terras altas, mesmo com o auxílio dos avanços tecnológicos, ainda é a falta de cultivares com características adaptadas aos novos sistemas produtivos, e que apresente a qualidade de grãos exigida pelos consumidores. Isto, tornou a cultivar BRS Primavera, em destaque especial, e que tem se tornado referência de qualidade.

Todavia, as variedades crioulas, de acordo com o ponto de vista genético, possuem variabilidade para um amplo número de caracteres, com genes que conferem tolerância

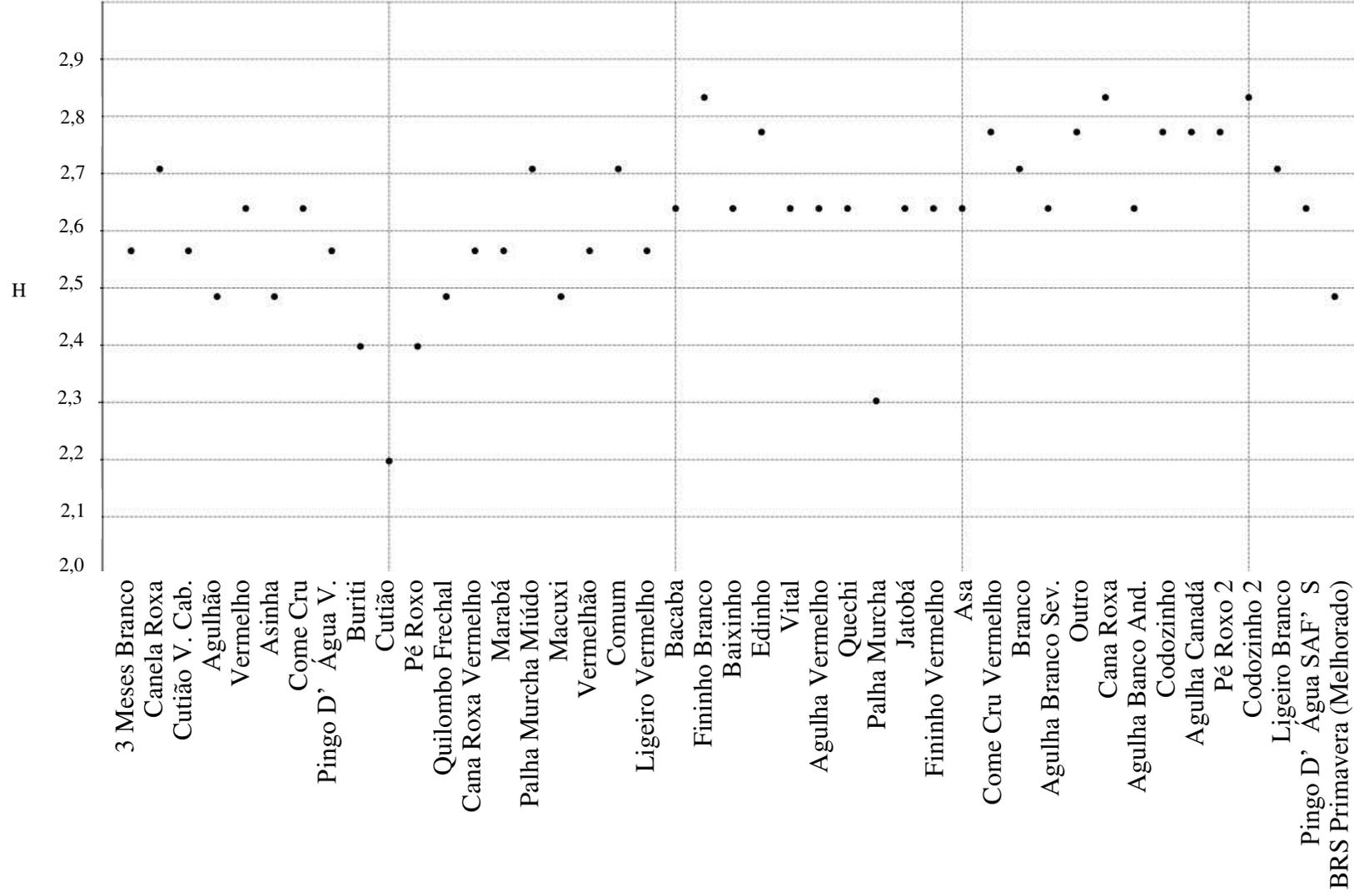
aos estresses bióticos e abióticos (PRIORI *et al.*, 2018), permitindo a adaptação aos diferentes agroecossistemas, o oposto ocorre com variedades melhoradas.

Em pesquisa realizada por Moreira *et al.* (2024) utilizando os mesmos genótipos de arroz, avaliando a caracterização morfológica, apresentou resultados semelhantes aos obtidos na caracterização molecular, constatando que os genótipos Jatobá e Fininho Vermelho apresentaram 18 caracteres semelhantes, dos 21 caracteres avaliados (85,7%), resultados semelhantes foram obtidos na caracterização molecular em que apresentaram similaridade de 1, ou seja, ou seja, 100 % de similaridade entre si. Em comparação com os dados morfológicos, podemos constatar resultados semelhantes em relação ao índice de distância genética, Agulha Vermelho, Jatobá e Fininho Vermelho (1)

Os genótipos Vermelhão e Ligeiro Vermelho; Outro e Agulha Canadá; Cana Roxa e Codozinho 2; e, Vermelho e Come Cru mostraram 100 % de similaridade genética (1). Canela Roxa apresentou similaridade genética de 0,94, do Outro e Agulha Canadá, assim como Fininho Branco do Edinho; Edinho do Ligeiro Branco e Codozinho 2; O genótipo Outro dos genótipos Ligeiro Branco, Codozinho 2 e do Pé Roxo 2; Cana Roxa do Codozinho e Agulha Canadá; Codozinho do Codozinho 2; e de Agulha Canadá dos genótipos Ligeiro Branco, Codozinho 2 e do Pé Roxo 2. A variedade BRS Primavera apresentou a terceira maior média de distância genética (0,64) quando comparada aos demais genótipos avaliados, demonstrando correlação existente com os genótipos de arroz.

Na avaliação dos genótipos de *O. sativa* baseados no índice de diversidade de Shannon (H), os genótipos Fininho Branco, Cana Roxa e Codozinho 2 apresentaram maiores índices (2,83), seguidos dos genótipos Edinho, Come Cru Vermelho, Outro, Codozinho, Agulha Canadá e Pé Roxo 2 (2,77), Canela Roxa, Palha Murcha Miúdo, Comum, Branco e Ligeiro Branco (2,71). O maior número de genótipos apresentou índice de diversidade de 2,64, sendo composto por treze genótipos (Vermelho, Come Cru, Bacaba, Baixinho, Vital, Agulha Vermelho, Quechi, Jatobá, Fininho Vermelho, Asa, Agulha Branco Severino, Agulha Branco Andirobalzinho e Pingo D'Água SAF's). Os genótipos Ligeiro Vermelho, Vermelhão, Marabá, Cana Roxa Vermelho, Pingo D'Água, Cutiã Vila Cabanagem e 3 Meses Branco (2,56), Buriti e Pé Roxo (2,40), Asinha, Agulhão, Quilombo Frechal, Macuxi e Primavera (2,48). Os menores índices de diversidade foram observados pelos genótipos Cutiã e Palha Murcha, apresentando os valores 2,19 e 2,30, respectivamente (Fig. 6).

Figura. 6. Dispersão gráfica de genótipos de *O. sativa* L. baseados no índice de diversidade genética Shannon (H).



Na análise de distância genética (similaridade) e no índice de diversidade de Shannon a variedade BRS Primavera apresentou menores valores em relação aos demais genótipos. Esse resultado já era esperado, pois as variedades melhoradas, em geral, se apresentam mais homogêneas e, conseqüentemente menor variabilidade genética.

Rajendran (2012) estudou híbridos de arroz por meio da caracterização genotípica com microssatélites (SSR) e verificou baixa variabilidade genética, o mesmo sugeriu ainda o uso de maior quantidade de acessos do germoplasma desta espécie, a fim de ampliar a base genética e maximizar a heterose, sendo de fundamental importância o incremento de variabilidade dentro dos programas de melhoramento de forma a evitar que encadeamentos de limitação da base genética, que tornam a cultura mais vulnerável agronomicamente.

A criação de bancos de germoplasmas comunitários, assim como feiras de trocas seriam alternativas para a continuidade da difusão desses materiais genéticos, além de proporcionar o resgate da produção de suas próprias sementes por parte dos agricultores familiares, quilombolas e indígenas. Além disso, promoveria a aquisição de novos acessos ao Banco de Germoplasma da UEMA. Manter esse elo com os agricultores familiares geraria uma troca de conhecimentos, além de incentivar o uso das sementes tradicionais, conservando dessa riqueza que são as variedades crioulas.

Conclusão

- ✓ Na caracterização dos genótipos de *O. sativa*, dos vinte *primers* avaliados, dezoito se apresentaram polimórficos e eficazes na análise;
- ✓ Os *primers* RM 270, RM84, RM 87, RM 528, RM 17, RM 231 e RM 434 foram considerados altamente informativos, e são recomendados para caracterização genética dos genótipos de arroz.
- ✓ Os genótipos estudados apresentaram 100 % da variação total atribuída dentro dos onze *clusters* gerados.
- ✓ A BRS Primavera (melhorada) apresentou os menores valores de diversidade genética quando comparada as variedades crioulas.

Referências Bibliográficas

1. Alvarez, A.; Fuentes, J. L.; Puldón, V.; Gómez, P. J.; Mora, L.; Duque, M. C. *et al.* Genetic diversity analysis of Cuban traditional rice (*Oryza sativa* L.) varieties based on microsatellite markers. **Genet. Mol. Biol.** v. 30, p. 1109-1117, 2007. <http://doi:10.1590/S1415-47572007000600014>
2. Borba, T. C. O.; Brondani, R. P. V.; Rangel, P. H. N.; Brondani, C. Microsatellite marker-mediated analysis of the EMBRAPA rice core collection genetic diversity. **Genetica**, v. 37, n.3, p. 293-304, 2009.
3. Botstein, D.; White, R. L.; Skolnick, M.; Davis, R. W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, v. 32, p. 314, 1980.
4. Brasil. Ministério da Agricultura e Reforma Agrária. **Regras para análise de sementes**. 1 ed. Brasília : Mapa/ACS, 2009. 399 p.
5. Breseghello, F.; Morais, O. P. de; Pinheiro, P. V.; Silva, A. C. S.; Castro, E. da M. de; Guimarães, E. P. *et al.* Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science**, v.51, p.914-923, 2011. <http://doi:10.2135/cropsci2010.06.0325>
6. Brondani, C.; Borba, T. C. de O.; Rangel, P. N.; Brondani, R. P. V. Determination of genetic variability of traditional varieties of Brazilian rice using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 29, n. 4, p.676-684, 2006.
7. Châtel, M.; Ospina, Y.; Rodriguez, F.; Lozano, V.H.; Delgado, H. Upland rice composite population breeding and selection of promising lines for Colombian savannah ecosystem. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.38, p.1-5, 2008.
8. Colombari Filho, J. M.; Resende, M. D. V. de; Morais, O. P. de; Castro, A. P. de; Guimarães, E. P.; Pereira, J. A. *et al.* Upland rice breeding in Brazil: a simultaneous genotypic evaluation of stability, adaptability and grain yield. **Euphytica**, v.192, p.117-129, 2013. <http://doi:10.1007/s10681-013-0922-2>
9. Dyer, G. A.; López-Feldman, A.; Yúnez-Naude, A.; Taylor, J. E. Genetic erosion in maize's center of origin. **PNAS** v. 111, p. 14094-14099, 2014. <http://doi:10.1073/pnas.1407033111>
10. Doyle, J.J.; Doyle, J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochem Bull**, v. 19, p. 11–15, 1987.
11. Epperson K. B.; Li, T. Measurement of genetic structure within populations using Moran's spatial autocorrelation statistics. **Proc Natl Acad Sci**, v. 93, p. 10528 – 10532, 1996.
12. Ferreira, C. M.; Lanna, A. C.; Neves, P. de C. F.; Barrigossi, J. A. F. **Cultivar de Arroz de Terras Altas "Primavera"**, p.73 – 84, 2006. Disponível em:

<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/215741/1/CNPAF-2006-p74.pdf>

Acesso em: 03/03/23.

13. Fontana, R. L. M.; Costa, S. S.; Silva, J. A. B. da; Rodrigues, A. de J. Teorias demográficas e o crescimento populacional no mundo. **Cadernos de Graduação Ciências Humanas e Sociais Unit**, Aracaju, v. 2, n. 3, p.113-124, 2015.
14. Fonseca, J. R.; Morais, O. P.; Castro, E.M.; Santiago, C. M.; Collichio, E. Recomendações de Cultivares de Arroz de Terras Altas para o Estado do Tocantins, **Circular Técnica**, v. 66, 2004. ISSN 1678-9636.
15. Fornasieri Filho, D.; Fornasieri, J. L. (eds.). **Manual da cultura do arroz**. Jaboticabal, Funep, 589 p., 2006.
16. Giarrocco, L. E.; Marassi, M. A.; Salerno, G. L. Assessment of the genetic diversity in Argentine rice cultivars with SSR markers. **Crop Science**. 2007; v. 47, p. 853-860.
17. Herrera, T. G.; Duque, D. P.; Almeida, I.P.; Nunez, G. T.; Alejandro, J. P.; Martinez CP *et al.* Assessment of genetic diversity in Venezuelan rice cultivars using simple sequence repeats markers. **Electronic Journal of Biotechnology**, vol.11 No.5, Special Issue, 2008. <http://doi:10.2225/vol11-issue5-fulltext-6>
18. Hossain, M. M.; Islam, M. M.; Hossain, H.; Ali, M. S.; Silva, J. A. T, da; Komamine, A.; Prodhon, S. H. Genetic diversity analysis of aromatic landraces of rice (*Oryza sativa* L.) by microsatellite markers. **Genes, Genomes and Genomics**, v. 6, p. 42-47, 2012.
19. Jin, L.; Lu, Y.; Xiao, P.; Sun, M.; Corke, H.; Bao, J. Genetic diversity and population structure of a diverse set of rice germplasm for association mapping. **Theor. Appl. Genet.** 2010, v. 121, n. 3, p. 475-487.
20. Lopes, M. C. B. Caracterização fenotípica e molecular de genótipos de arroz irrigado. 2002. 100 p. **Dissertação** (Mestrado em Fitotecnia) – Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2002.
21. Ma, H.; Yin, Y.; Guo, Z. F.; Cheng, L. J.; Zhang, L.; Zhong, M. *et al.* Establishment of DNA fingerprinting of Liaojing series of japonica rice. **Middle-East Journal of Scientific research**. 2011, v. 8, n. 2, p. 384-392.
22. MARANHÃO. Perfil da agropecuária maranhense 2019. São Luís: Sagrima,2019.
23. Moreira, E. P., Oliveira, L. de J. M. G. de, Silva, E. K. C. e, Rosário, W. Ca. do, Paz D. S. da, Sousa, E. G. de, Nascimento, I. de O., Rodrigues, A. A. C. Morphoagronomic descriptors of rice landraces varieties(*Oryza sativa* L.)from the state of Maranhão. **Revista Caderno Pedagógico**, v.21, n.4, p. 01-17, 2024.
24. Peng, S. T., Zhuang, J. Y., Yan, Q. C., Zheng, K.L. SSR markers selection and purity detection of major hybrid rice combinations and their parents in China. **Chin. J. Rice. Sci**, v. 17, n. 1, p. 1-5, 2003.

25. Pervaiz, Z. H.; Rabbani, M. A.; Pearce, S. R.; Malik, S. A. Determination of genetic variability of Asian rice (*Oryza sativa* L.) varieties using microsatellite markers. **African Journal of Biotechnology**, v. 8, n. 21, p. 5641-5651, 2009.
26. Powel, W.; Morgante, M.; Andre, C.; Hanafey, M.; Vogel, J.; Tingey, S. *et al.* Comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR markers for germplasm analysis. **Mol. Breed**, v. 2, n. 3, p. 225-238, 1996.
27. Priori, D.; Barbieri, R. L.; Mistura, C. C.; Villela, J. C. B. Caracterização morfológica de variedades crioulas de abóboras (*Cucurbita maxima*) do sul do Brasil. **Revista Ceres**, v. 65, n. 4, p. 337-345, 2018. <https://doi.org/10.1590/0034-737X201865040006>
28. Pusadееa, T.; Jamjod, S.; Chiang, Y.; Rerkasema, B.; Schaal, B. A. Genetic structure and isolation by distance in a landrace of Thai rice Tonapha, **PNAS**, v. 106, n. 33, p. 13880–13885, 2009. Disponível em: www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0906720106 Acesso: 20/03/23.
29. Rashmi, D.; Bisen, P.; Saha, Shoumik.; Loitongbam, B.; Singh, S.; Pallavi, Singh, P. K. Genetic Diversity Analysis in Rice (*Oryza sativa* L.) Accessions using SSR Markers. **International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology**, vol. 10, n. 4, p.457-467, 2017. <http://doi:10.5958/2230-732X.2017.00057.2>
30. Rajendran, N.; Mukherjee, L.; Reddy, K. K.; Shashidhar, H. E. DNA fingerprinting and estimation of genetic diversity among hybrid rice parental lines (*Oryza sativa* L.) using simple sequence repeats (SSR) markers. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 4, n. 11, p. 169-174, 2012.
31. Rohlf, F. J. 2000. NTSYS - pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system. (Version 2.1). New York, NY, Exeter Publishing. 98p.
32. Singh, N.; Choudhury, D. R.; Singh, A. K.; Kumar, S.; Kalyani, S.; Srinivasan, K. *et al.* Genetic diversity trend in Indian rice varieties: an analysis using SSR markers. **BMC Genetics**. vol. 17, n. 127, 2016. <http://doi:10.1186/s12863-016-04337-7>.
33. Singh, A.; Saini, R.; Singh, J.; Arya, M.; Ram, M.; Pallavi, M.; *et al.* Genetic diversity studies in rice (*Oryza Sativa* L.) using microsatellite markers. **International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology**, vol. 8, n.1, p. 143-152, 2015. <http://doi:10.5958/2230-732X.2015.00019.4>
34. Singh, N.; Choudhury, D. R.; Singh, A. K.; Kumar, S.; Kalyani, S.; Srinivasan, K. *et al.* Comparison of SSR and SNP markers in estimation of genetic diversity and population structure of Indian rice varieties. **PLoS One**, vol. 8, n. 12, 2013. <http://doi:10.1371/journal.pone.0084136>
35. Stein, J.C., Yu, Y., Copetti, D. *et al.* Genomes of 13 domesticated and wild rice relatives highlight genetic conservation, turnover and innovation across the genus *Oryza*. **Nat Genet** 50, p. 285–296, 2018. <https://doi.org/10.1038/s41588-018-0040-0>

36. Umadeci, M.; Veerabhadhira, P.; Manonmani, S. Assessment of genetic diversity of rice (*Oryza sativa*) cultivars using simple sequence repeat (SSR) markers. **African Journal Biotechnology**, vol. 13, n.35, p. 3547-3552, 2014. <http://doi:10.5897/AJB12.1406> Disponível em: <http://www.academicjournals.org/AJB>
37. WALTER, Melissa; MARCHEZAN, Enio; AVILA, Luis Antonio de. Arroz: composição e características nutricionais. In: Ciência Rural. Santa Maria, v. 38, n. 4, p. 1184-1192, 2008.
38. Wang, W.; Mauleon R, H. Z.; Chebotarov, D.; Tai, S.; Wu, Z.; Li, M.; *et al.* Genomic variation in 3.010 diverse accessions of Asian cultivated rice. **Nature**, vol. 557, n. 7703, p. 43-49, 2018. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0063-9>
39. World Rice Production. **World Rice Production 2019/2020**. Disponível em: <http://www.worldagriculturalproduction.com/crops/rice.aspx/> Acesso em: 17/05/19.
40. Zeven, A. C. Landraces: A review of definitions and classifications. **Euphytica**, vol. 1, n. 1, p. 127-139, 1998.
41. Zhang, S. B.; Zhu, Z.; Zhao, L.; Zhang, Y. D.; Chen, T.; Lin, J. *et al.* Identification of SSR markers closely linked to eui gene in rice. **Yi Chuan** (Hereditas-Beijing), vol. 29, n. 3, p. 365-370, 2007.
42. Zhou, H. F.; Xie, Z. W.; Ge, S. Microsatellite analysis of genetic diversity and population genetic structure of a wild rice (*Oryza rufipogon* Griff) in China. **Theor. Appl. Genet.** vol. 107, 2, p. 332-339, 2003.

**Análise da composição química de variedades crioulas de arroz (*Oryza sativa* L.)
oriundas de produção familiar**

CAPÍTULO III

Artigo a ser submetido na Revista JOURNAL OF FOOD COMPOSITION AND
ANALYSIS

ANÁLISE DA COMPOSIÇÃO QUÍMICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.) ORIUNDAS DE PRODUÇÃO FAMILIAR

1

2

Danielle Silva da Paz¹; Antonia Alice Costa Rodrigues²

3

¹Doutoranda em Agroecologia pela Universidade Estadual do Maranhão; ²Departamento de Fitotecnia e

4

Fitossanidade da Universidade Estadual do Maranhão

5

6 **Resumo**

7

8 A forma mais eficiente na identificação do teor de nutrientes dos alimentos é através da
9 análise da composição química e do valor nutritivo. O objetivo da pesquisa foi analisar a
10 composição química de variedades crioulas de arroz obtidas em unidades de produção
11 familiar do Estado do Maranhão. Os parâmetros avaliados foram: matéria seca (MS);
12 matéria mineral (MM); matéria orgânica (MO); carboidratos totais (CHO); extrato etéreo
13 (EE) ou gordura total; proteína bruta (PB); quantificação de fibra detergente neutro (FDN)
14 e fibra detergente ácido (FDA), lignina e amido. Na avaliação da composição química, o
15 maior valor no teor de MS foi observado na variedade Quilombo Frechal, apresentando
16 menor valor de FDN. Os valores de MM e MO foram inversamente proporcionais, em
17 que a variedade Vermelho apresentou maior conteúdo de MM, e menor teor MO, em
18 contrapartida foi observado na variedade Asa. Para o conteúdo de CHO, a variedade
19 Canela Roxa apresentou percentual de 91,04 %. Para Gorduras totais as variedades
20 Baixinho, BRS Primavera, Lajeado Liso, Pé Roxo e Agulha Vermelho (Vermelho)
21 apresentaram teores elevado, em comparação as demais variedades. Na quantidade de
22 proteína presente observou variação entre 6,69 e 13,83 %, em que a variedade BRS
23 Primavera (melhorada) apresentou maior percentual. O constituinte de amido variou de
24 64,11 a 93,19, com média de 78,29 %, sendo que a variedade Cana Roxa apresentou maior

25 teor de amido (93,19 %). Diante disso, pode-se inferir que as diferenças quantitativas na
26 composição química dos grãos das variedades analisadas estão associadas às
27 características intrínsecas genotípicas do grão.

28

29 Palavras-chave: Agricultura Familiar; Produção Agroalimentar; Qualidade Nutricional;
30 Sementes Crioulas de Arroz.

31

32

33 **1. Introdução**

34

35 O arroz (*Oryza sativa* L.) é considerado um dos mais importantes cereais para
36 a segurança alimentar mundial. É a principal fonte de carboidrato, consumido por milhões
37 de pessoas do mundo, além de ser componente essencial para obter uma dieta balanceada.
38 É uma cultura alimentar extensivamente cultivada ocupando cerca de milhões hectares de
39 terras agrícolas (MUTHAYYA *et al.*, 2014).

40 No Mercosul, o Brasil, ocupou o 1º lugar em 2021, tanto em área colhida
41 como em produção (11,7 milhões de toneladas). Na safra do ano agrícola de 2022, a
42 produção total de arroz, no Brasil, foi 10,7 milhões de toneladas, colhidas em 1,6 milhão
43 de hectares, com produtividade média de 6.569 kg ha⁻¹. (SILVA; WANDER, 2023).

44 Há um crescente interesse do consumidor em produtos alimentícios que
45 promovam a saúde, com isso, o arroz, em especial, tem se destacado devido a qualidade
46 nutricional dos grãos, o que têm gerado um mercado substancial para um arroz
47 nutricionalmente mais valioso. Em geral, vem criando benefícios para a saúde de muitas
48 pessoas, pelo fato de o arroz ser um alimento básico para a população, além de gerar ao
49 mesmo tempo benefícios econômicos para os produtores (TERUNGWA; YUGUDA,
50 2014).

51 Nos últimos anos a qualidade de grãos de arroz ganhou ênfase, por se tratar
52 de uma característica complexa, pelo qual reflete nas opiniões de produtores,
53 processadores, vendedores e consumidores em relação à produção, processamento,
54 comercialização e consumo do grão (ZHOU *et al.*, 2020). Tais características
55 quantitativas são influenciadas por muitos genes, e simultaneamente por muitos fatores
56 ambientais.

57 Inúmeras características estão diretamente relacionadas à composição
58 química dos grãos crus, dentre essas, é influenciada pelo fator genético, condições e
59 formas de cultivo, armazenamento e beneficiamento (processo de pós-colheita), assim
60 como, a forma de preparo desse grão (BASSINELLO; NAVES, 2006).

61 A qualidade nutricional de grãos encontradas em certas variedades
62 tradicionais tem mostrado serem superiores às dos grãos de variedades modernas de arroz
63 produzido por métodos convencionais, e grande parte disso é devido à sua eficácia em
64 acumular compostos bioativos (BHAT; RIAR, 2015; BERNI *et al.*, 2018; MBANJO *et*
65 *al.*, 2020).

66 Dentro da perspectiva agroecológica o uso de variedades crioulas é um fator
67 condicionante para um manejo dos agroecossistemas saudáveis e sustentáveis, pois essa
68 estratégia viabiliza o emprego de genótipos localmente adaptados, que são capazes de
69 converter recursos abióticos disponíveis nos agroecossistemas em biomassa de interesse
70 econômico (PETERSEN *et al.*, 2013).

71 Vale ressaltar, que as variedades tradicionais apresentam um grande
72 potencial, além de fácil adaptação à produção em condições adversas, mantêm sua
73 qualidade nutricional, tornando a cultura do arroz o foco de inúmeros programas de
74 pesquisa relacionados à questão da qualidade nutricional. Diante disso, esta pesquisa tem

75 por objetivo avaliar a composição química de variedades crioulas de arroz proveniente de
76 unidades de produção familiar de municípios do Estado do Maranhão.

77

78 **2. Material e Métodos**

79

80 Foram utilizados 45 genótipos de arroz crioula e uma variedade melhorada
81 (BRS Primavera), coletadas em 14 municípios do Estado (Codó, Coroatá, Igarapé do
82 Meio, Itapecuru Mirim, Mirinzal, Monção, Nina Rodrigues, Pedro Rosário, Pirapemas,
83 São Benedito do Rio Preto, Urbano Santos, Vargem Grande, Viana, Vitória do Mearim),
84 localizadas em áreas de produção de agricultores familiares. Atualmente, as sementes são
85 armazenadas em câmara fria seca, no Laboratório de Sementes, e fazem parte do Banco
86 de Germoplasma da Universidade Estadual do Maranhão – UEMA.

87 Para realização das análises da composição química do arroz foram separados
88 150 g de cada variedade com casca. Foi realizado o descascamento dos grãos, em seguida,
89 a moagem, com o auxílio de pilão e moídos (micro moinho) para obter o tamanho de
90 partículas apropriadas para as análises (1,0 mm de Ø). O arroz por apresentar um baixo
91 teor de umidade, características de grãos, farelos e fenos, não necessitou da etapa de pré-
92 secagem. Essas amostras foram colocadas em tubos de vidro até o momento das análises.

93 Os parâmetros analisados foram a Matéria Seca (MS), Matéria Mineral
94 (MM), ou Cinzas, Extrato Etéreo (EE) ou Gordura Total Proteína Bruta (PB),
95 Carboidratos Totais (CHO), Fibra Insolúvel em Detergente Neutro (FDN), Fibra
96 Insolúvel em Detergente Ácido (FDA), Lignina e Amido.

97 Para a análise de MS foram utilizados 2 g amostra/variedade de arroz, em
98 seguida, foram colocadas em cadinhos de porcelana, e posteriormente, em estufa a 105
99 °C sem circulação de ar forçado por 16 horas. Foi realizada a pesagem do cadinho, antes

100 e ao final, registrado o peso novamente. O conteúdo de MM foi realizado de forma
101 sequencial, a MS, pelo método de incineração em mufla a 550 °C durante três horas, sendo
102 realizada a pesagem após atingir a temperatura ambiente, em dessecador. Na avaliação
103 do conteúdo de gordura total foi realizada pelo método *Goldfish* (solvente éter), em três
104 etapas: extração, remoção e quantificação.

105 A quantificação de proteína bruta (PB) foi realizada através da determinação
106 de Nitrogênio pelo método de Kjeldahl ($N \times 5,95$), de acordo com as técnicas descritas
107 pela AOAC (1995), com atualizações de Rodrigues *et al.* (2018), Costa *et al.* (2019),
108 sendo a parte da digestão avaliada por Silva *et al.* (2016). O conteúdo de Carboidratos
109 Totais (CHO) foi determinado por diferença, pela seguinte fórmula: $CHO = 100 - (PB +$
110 $EE + MM)$.

111 Os teores de Fibra insolúvel em detergente neutro (FDN) e Fibra insolúvel
112 em detergente ácido (FDA) foi realizado através de adaptações de acordo com Detmann
113 *et al.* (2021), pelo método de extração com o auxílio de *filter bags* FDN e FDA, Método
114 F -002/2 e F-004/2, respectivamente, ambos utilizando a autoclave.

115 Na análise do teor de lignina contida nas sementes de arroz crioula foi
116 utilizado o procedimento obtido por Van Soest (1994), em que foram realizadas correções
117 no preparo da concentração dos reagentes e, em alguns procedimentos e a incorporação
118 dos Métodos F-014/1 e F-015/1, na obtenção do resíduo insolúvel em detergente ácido.
119 Na análise de amido, foi utilizado o método adotado de hidrólise enzimática, descrito por
120 Zinn (1990) com modificações e validações realizadas por Silva *et al.* (2019).
121 Primeiramente, foi feita a curva padrão nas concentrações de 0, 50, 100, 150, 200 e 250
122 mg de D-glicose. A leitura da absorvância foi realizada a 630 nm com auxílio do
123 espectrofotômetro UV/visível (Biospectro Espectrofotômetro SP 220), sendo que

124 primeiramente foi realizada as concentrações padrão, para calibração do equipamento,
125 em seguida, a leitura da absorvância das amostras de arroz.

126 Os resultados da análise da composição química dos grãos foram submetidos
127 à análise de variância e comparados pelo teste de Tukey em nível de 5% de significância,
128 com o auxílio do software Sisvar versão 5.6 (FERREIRA, 2019).

129

130 3. Resultados e Discussão

131

132 Na avaliação da composição química de 45 variedades de arroz crioulo e uma
133 melhorada (BRS Primavera) foram avaliados nove parâmetros. Na análise da matéria seca
134 (MS), os teores variaram entre 76,23 e 91,48 %, as variedades Quilombo Frechal e
135 Marabá, respectivamente, diferiram estatisticamente entre si ao nível de 0,05 de
136 significância. (Tabela 1).

137

138 **Tabela 1.** Composição química dos grãos de quarenta e cinco variedades de arroz crioulo de áreas de
139 produção familiar, no estado do Maranhão, e uma variedade melhorada (BRS Primavera).

VARIETADES	MS (%)	MM (%)	MO (%)	PB (%)	EE (%)	CHO (%)
Agulha Branco And.	87,32 ab ¹	0,82 ab ¹	99,81 ab ¹	9,51 abcd ¹	2,29 abcdefg ¹	88,01 b ¹
Agulha Branco Sev.	87,41 ab	0,83 ab	99,80 ab	9,46abcd	3,66 bcdefg	86,68 b
Agulha Vermelho B.	88,35 b	0,84 ab	99,79 ab	9,78 abcd	4,10 cdefg	85,90 b
Agulha Vermelho V.	88,84 b	0,82 ab	99,82 b	9,03 abcd	3,29 abcdefg	87,49 b
Agulhão	81,07 ab	0,84 ab	99,79 ab	9,27 abcd	1,67 abcdef	88,84 b
Asa	89,31 b	0,77 a	99,89 b	10,32 cd	2,63 abcdefg	86,94 b
Asinha	89,22 b	0,79 ab	99,87 b	9,83 abcd	2,01 abcdefg	88,03 b
Bacaba	89,50 b	0,82 ab	99,82 b	8,39 abcd	2,40 abcdefg	89,03 b
Baixinho	87,97 ab	0,82 ab	99,82 b	9,11 abcd	4,66 g	86,13 b
Branco	89,24 b	0,84 ab	99,79 ab	9,15 abcd	1,68 abcdef	65,95 a
Buriti	87,90 ab	0,79 ab	99,87 b	8,01 abcd	2,24 abcdefg	89,61 b
Cana Roxa	89,24 b	0,81 ab	99,84 b	6,69 a	2,24 abcdefg	90,90 b
Cana Roxa Vermelha	88,26 b	0,83 ab	99,80 ab	7,56 abcd	1,44 abc	90,79 b
Canela Roxa	88,96 b	0,82 ab	99,81 ab	6,83 a	1,93 abcdef	91,04 b
Codozinho	89,36 b	0,87 ab	99,74 ab	8,23 abcd	3,10 abcdefg	87,81 b
Come Cru	88,88 b	0,84 ab	99,77 ab	9,00 abcd	2,07 abcdefg	88,69 b
Come Cru Vermelho	88,40 b	0,87 ab	99,73 ab	7,50 abc	2,23 abcdefg	89,98 b
Comum	89,50 b	0,84 ab	99,77 ab	10,45cd	2,01 abcdefg	87,30 b
Cutião	89,93 b	0,78 a	99,88 b	7,21 abc	2,61 abcdefg	90,06 b
Cutião Vermelho	89,05 b	0,81 ab	99,83 b	9,21 abcd	3,17 abcdefg	87,44 b

Cutião Vila Cab.	90,25 b	0,79 ab	99,87 b	8,69 abcd	3,90 cdefg	87,27 b
Edinho	89,03 b	0,79 ab	99,87 b	10,23 bcd	1,82 abcdef	88,89 b
Fininho Branco	88,32 b	0,80 ab	99,84 b	9,47 abcd	2,77 abcdefg	87,60 b
Fininho Vermelho	89,58 b	0,85 ab	99,77 ab	8,75 abcd	2,40 abcdefg	88,62 b
Jatobá	87,94 ab	0,81 ab	99,83 b	8,60 abcd	0,77 a	90,45 b
Lajeado Liso	88,42 b	0,83 ab	99,80 ab	9,43 abcd	4,19 efg	86,17 b
Ligeiro	88,80 b	0,79 ab	99,87 b	10,23 bcd	0,76 a	88,87 b
Ligeiro Branco	88,00 ab	0,85 ab	99,77 ab	9,21 abcd	3,06 abcdefg	87,49 b
Ligeiro Liso	88,46 b	0,97 ab	99,53 ab	8,38 abcd	3,81 bcdefg	87,33 b
Ligeiro Vermelho	90,00 b	0,84 ab	99,78 ab	8,47 abcd	1,49 abcd	89,80 b
Macuxi	89,35 b	0,79 ab	99,86 b	8,70 abcd	2,06 abcdefg	89,10 b
Marabá	91,48 b	0,81 ab	99,83 b	8,82 abcd	2,76 abcdefg	88,29 b
Nenezinho Vermelho	87,34 ab	0,85 ab	99,77 ab	8,45 abcd	2,26 abcdefg	89,06 b
Palha Murcha	89,42 b	0,83 ab	99,79 ab	7,85 abcd	1,79 abcdef	90,14 b
Palha Murcha Miúdo	87,78 ab	0,80 ab	99,85 b	9,11 abcd	1,22 ab	90,52 b
Pé Roxo	87,88 ab	0,81 ab	99,83 b	10,51 cde	4,12 defg	85,19 b
Pingo D'água	88,44 b	0,85 ab	99,77 ab	8,07 abcd	2,00 abcdefg	86,94 b
Pingo D'água SAF	88,22 b	0,89 ab	99,69 ab	10,88 de	1,87 abcdef	86,94 b
Primavera	89,10 b	0,79 ab	99,87 b	13,83 e	4,23 fg	81,80 b
Quechi	88,05 ab	0,83 ab	99,80 ab	10,29 cd	1,68 abcdef	87,83 b
Quilombo Frechal	76,23 a ¹	0,85 ab	99,74 ab	10,34 cd	3,12 abcdefg	86,28 b
Três Meses Branco	88,80 b	0,88 ab	99,71 ab	8,71 abcd	1,57abcde	89,42 b
Vermelhão	88,75 b	0,82 ab	99,82 b	8,29 abcd	3,10 abcdefg	88,44 b
Vermelho	90,14 b	1,15 b	98,94 a	6,87 ab	2,55 abcdefg	89,51 b
Vila Diamante	88,34 b	0,98 ab	99,49 ab	8,80 abcd	2,89 abcdefg	87,81 b
Vital	89,32 b	0,94 ab	99,60 ab	8,33 abcd	3,22 abcdefg	88,05 b
CV (%)	4,04	13,08	0,26	11,22	31,29	4,27
DMS	11,94	0,37	0,88	3,36	2,66	12,52

140 ¹Médias seguidas de letras iguais não diferem entre si pelo teste Tukey ao nível de 5% de significância. MS= 141 Matéria Seca; MM= Matéria Mineral (Cinzas); MO = Matéria Orgânica; PB = Proteína Bruta; EE = Extrato 142 Etéreo (Gordura Total); CHO = Carboidratos Totais, pela seguinte fórmula, CHO = 100 - (PB+EE+MM). 143

144 A variedade Marabá apresentou o maior teor de MS e diferiu estatisticamente 145 apenas da variedade Quilombo Frechal. Em contrapartida, essa variedade apresentou o 146 menor teor de MS, não diferindo das variedades Agulha Branco Andirobalzinho, Agulha 147 Branco Severino, Agulhão, Baixinho Buriti, Jatobá, Nenezinho Vermelho, Palha 148 Murcha Miúdo, Pé Roxo e Quechi (Tabela 1).

149 Na Tabela 1, em relação ao teor de cinzas as variedades Asa e Cutião 150 apresentaram menores valores, 0,77 e 0,78 %, respectivamente, diferindo estatisticamente 151 da variedade Vermelho (1,15 %), apresentando maior percentual. Entretanto, os mesmos 152 não diferiram estatisticamente das demais 43 variedades.

153 Para o conteúdo de matéria orgânica, variou entre 98,94 e 99,89 %, sendo que 154 neste parâmetro a variedade Vermelho apresentou menor teor (98,94 %) diferindo 155 estatisticamente das variedades Agulha Vermelho (Vermelho), Asa, Asinha, Bacaba,

156 Baxinho, Buriti, Cana Roxa, Comum, Cutião Vermelho, Cutião Vila Cabanagem, Edinho,
157 Fininho Branco, Jatobá, Ligeiro, Ligeiro Vermelho, Macuxi, Marabá, Palha Murcha,
158 Palha Murcha Miúdo, Primavera e Vermelhão. O maior teor foi observado na variedade
159 Asa, essa por sua vez foi igual estatisticamente a Cutião, a qual não diferiu das variedades
160 anteriormente citadas (Tabela 1).

161 A variedade BRS Primavera, mesmo implantada em sistema de plantio
162 sequeiro, em condições adversas, apresentou o maior teor de Proteína Bruta (PB)
163 apresentando 13,83 %, contudo, não diferiu estatisticamente da variedade Pingo D'Água
164 SAF's (10,88), que por sua vez não diferiu da Pé Roxo (10,51). Os menores teores foram
165 observados nas variedades Cana Roxa (6,69) e Canela Roxa (6,83). Portanto, infere-se
166 que houve uma grande influência genética para tal variedade.

167 O teor proteico das variedades avaliadas ficou dentro do intervalo de valores
168 de arroz polido (5 a 13 %) e base úmida (12 %) (KENNEDY; BURLINGA, 2003;
169 NAVES, 2007), com média de 7,5 % . Resultados semelhantes foram observados por
170 Watt e Merrill (1995), dado internacional da composição química de arroz polido e
171 integral, em que a proteína variou entre 6,7 e 7,2 g.100g, respectivamente. Foi também
172 verificado pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (1999) valores de 7,5
173 (polido) e 8,1 g.100g (integral). Esses percentual oscila de acordo com as diferenças
174 varietais (KENNEDY; BURLINGANE, 2003; NAVES, 2007), resultados observados
175 nessa pesquisa, em que as 46 variedades estudadas esses componentes variaram entre si.

176 Em pesquisa realizada por Pagnan *et al.* (2015), em que avaliaram
177 características sensoriais, físicas e químicas de genótipos de arroz irrigado e de terras
178 altas, dentre estes, a variedade BRS Primavera apresentou 12,00 (g 100g⁻¹), resultados
179 semelhantes aos dessa pesquisa, com variação de 9,04 a 13,83.

180 Em relação ao teor de lipídios nas variedades avaliadas a variedade Ligeiro e
181 Jatobá apresentaram menores valores, 0,76 e 0,77, respectivamente, e a variedade
182 Baixinho apresentou maior teor (4,66). O conteúdo arroz polido é considerado muito
183 baixo (menos de 1%), já o arroz integral apresenta um valor maior, podendo conter até 3
184 %, essa variação ocorre visto que, cerca de 80 % dos lipídios presentes no grão se encontra
185 nas camadas periféricas (TAIRA, 1995). O carboidrato total presente nas variedades
186 crioulas avaliadas variou 65,95 e 91,04 % (Tabela 1).

187 Trabalho realizado por Pagan *et al.* (2015), observaram valores entre 85,20 e
188 89,96 %, sendo que a BRS Primavera apresentou 86,96 %. Nessa pesquisa, a mesma
189 variedade apresentou valor inferior (81,80 %).

190 A composição do carboidrato presente no arroz apresenta variação entre os
 191 dados Internacional e Nacional, além disso, o tipo de beneficiamento também causa
 192 modificação no conteúdo dos constituintes, do arroz polido, cru ou integral.

193 Para Watt e Merrill (1975) o teor de carboidratos totais apresentou 80,4 e 77,4
 194 g/100g, e dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (1999) foi 79,7 e 76,6
 195 g/100g, polido e integral, respectivamente (Tabela 1).

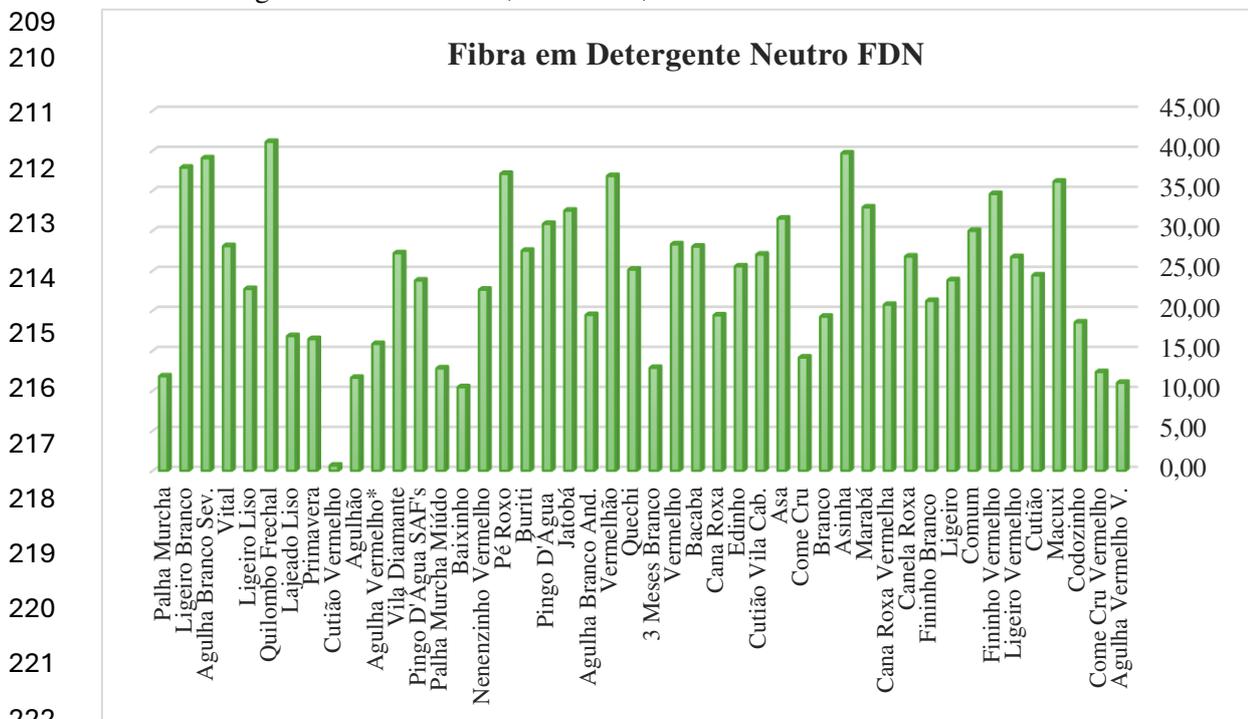
196 As variedades avaliadas nessa pesquisa, em geral, ficaram dentro dessa faixa
 197 de variação, visto que não passaram por nenhum tipo de beneficiamento (apenas retirada
 198 da casca) e moagem para análises.

199 O polimento do grão integral provoca perdas consideráveis dos nutrientes
 200 presentes no arroz, tais como a fibra, com redução até 70 %, lipídios, cerca de 80 %, entre
 201 outros (WYATT; TRIANA-TEJAS, 1994; HUNT, JOHNSON E JULIANO, 2002;
 202 NEVAS, 2007).

203 A Figura 1 apresenta o teor de fibras em detergente neutro (FDN),
 204 demonstrando que a variedade Quilombo Frechal apresentou maior teor (41,10 %), e o
 205 menor teor foi observado na Cutião Vermelho (0,65%).

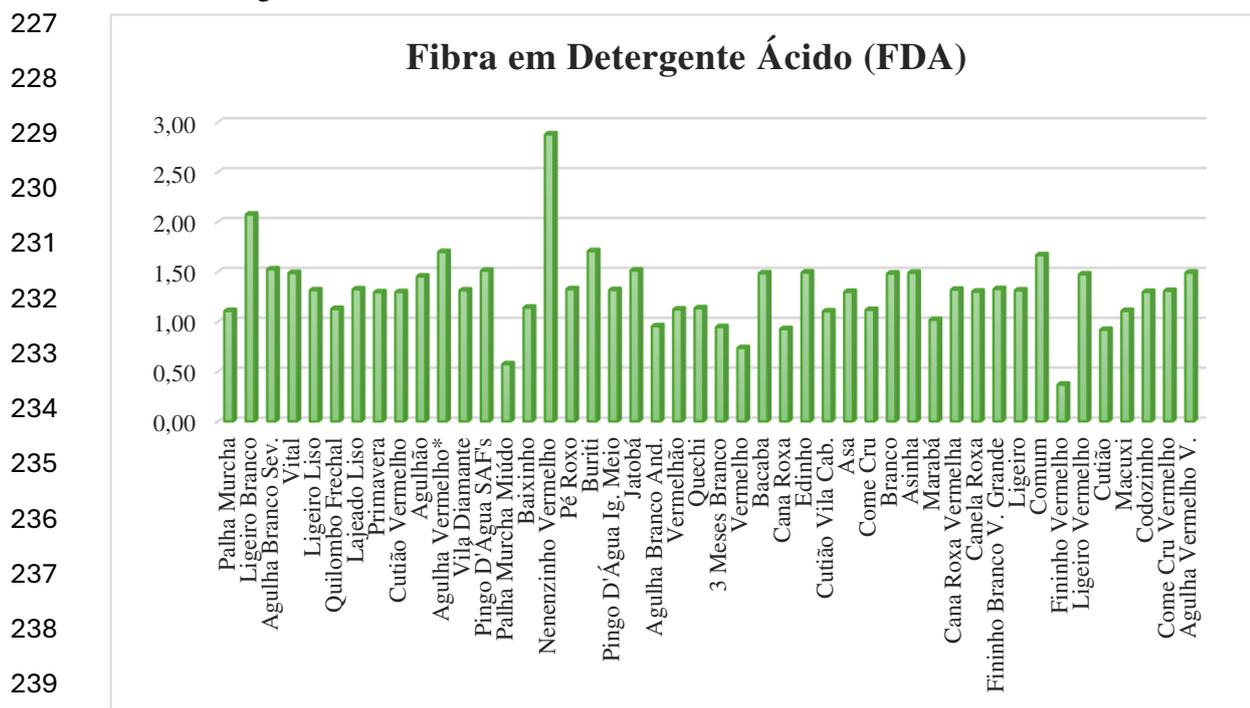
206

207 Figura 1. Conteúdo de fibras em detergente neutro (FDN) dos grãos de variedades de arroz crioulos
 208 de áreas de agricultores familiares, Maranhão, Brasil.



223 Na figura 2, na avaliação do teor de fibras em detergente ácido a variedade
 224 Nenenzinho Vermelho obteve 2,88 % (maior) e Fininho Vermelho 0,37 % (menor).

225 Figura 2. Conteúdo de fibras em detergente ácido (FDA) dos grãos de variedades de arroz crioulo
 226 de áreas de agricultores familiares, Maranhão, Brasil.

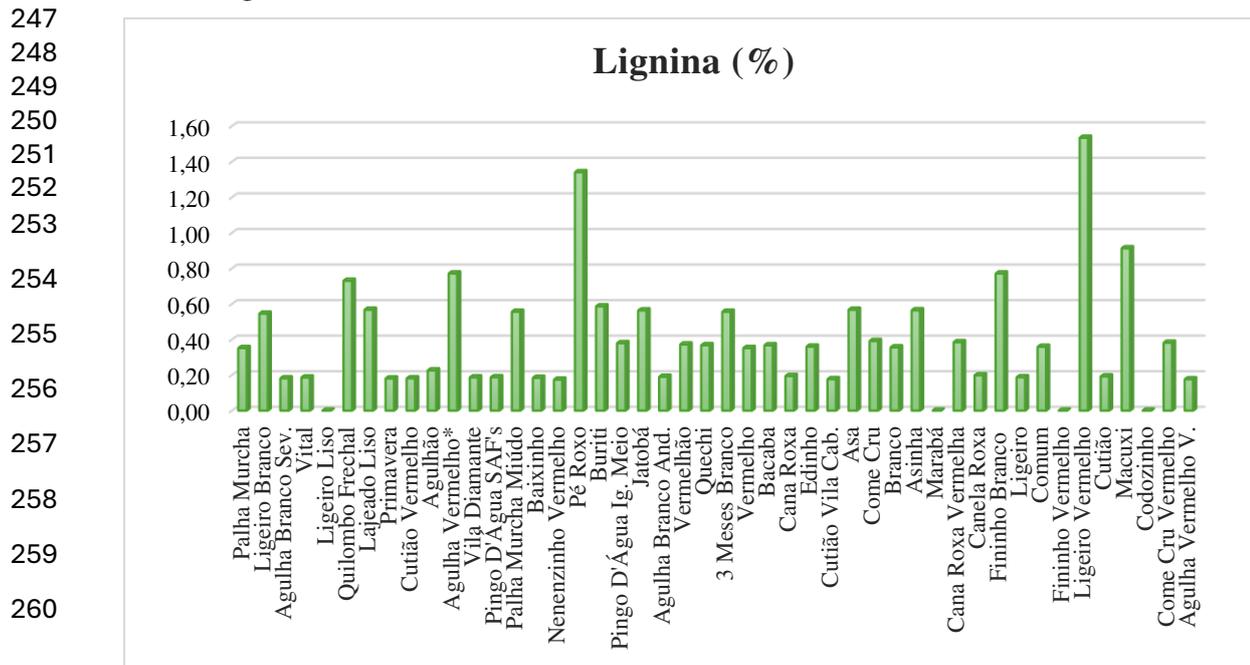


240

241 Na quantificação do conteúdo de lignina presente nas variedades de arroz o
 242 maior percentual foi apresentado pela Ligeiro Vermelho (1,53 %), a variação foi de zero
 243 (0) a 1,53 % (Figura 3).

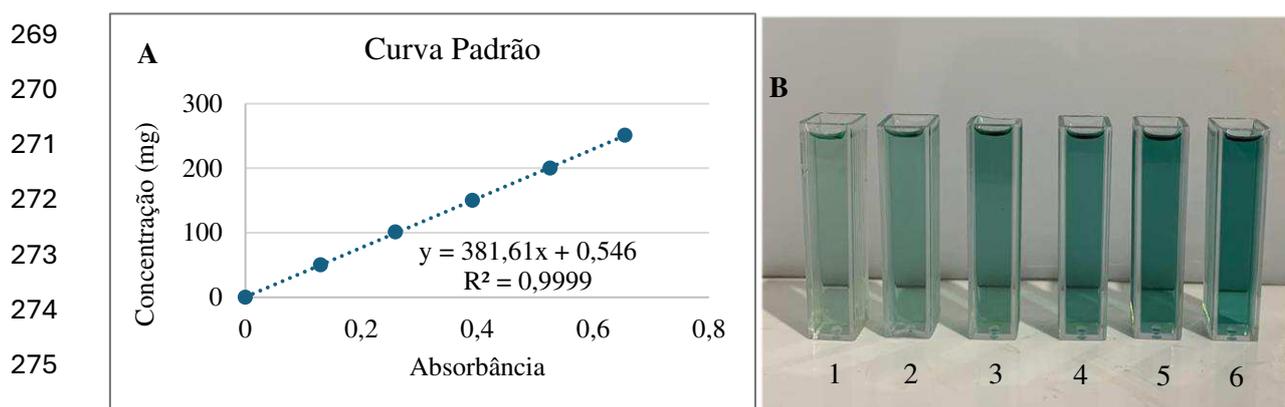
244

245 Figura 3. Variação na composição química no teor de lignina em variedades de arroz crioulo de
 246 áreas de agricultores familiares, Maranhão, Brasil.



261 Na Figura 4A, observa-se a curva padrão usada como parâmetro na leitura
 262 das absorvância de cada genótipo de arroz avaliado. A curva padrão foi utilizada para
 263 determinar quantitativamente uma propriedade de uma amostra desconhecida a partir de
 264 uma amostra com a mesma propriedade conhecida. O valor de R^2 foi de 0,99, mostrando
 265 uma correlação positiva, em que quanto maior a quantidade de D-glicose, maior a
 266 absorvância observada.

267 Figura 4. Análise do conteúdo de amido presente nos genótipos de arroz crioulo coletadas em áreas
 268 de agricultores familiares, Maranhão, Brasil.



277 (A) Curva padrão para leitura das absorvâncias dos genótipos de arroz; (B) Variação na intensidade
 278 da cor azul em seis concentrações conhecidas de D-glicose (0, 50, 100, 150, 200 e 250 mg).

279 As absorvância da curva padrão foram 0,000, 0,130, 0,259, 0,392, 0,526,
 280 0,655 referente as concentrações de 0, 50, 150, 200 e 250 mg de D-glicose,
 281 respectivamente. Através da intensidade da cor azul pode ser medida a absorvância (Abs)
 282 da solução no comprimento de onda a 630 nm, com isso foi possível estabelecer a relação
 283 que havia entre essa medida a Abs da curva, e por conseguinte, a quantidade de amido
 284 presente nos genótipos de arroz avaliados (Figura 4B).

285 Na figura 5, na quantificação do teor de amido, observou variação entre as
 286 variedades avaliadas, de 69,11 a 93,19 %, sendo Buriti e Cana Roxa, respectivamente.
 287 Trabalho realizado por Pagnan *et al.* (2015), o valor de amido da variedade BRS
 288 Primavera apresentou 86,59, valor inferior ao observado nessa pesquisa (68,39 %).
 289 Podemos inferir que essa redução possa ter ocorrido devido esta variedade ter sido
 290 implantada em agricultura de sequeiro, ou seja, dependo do período das águas (irrigado
 291 pelas chuvas), e sem suplementação nutricional ao longo do desenvolvimento da cultura,
 292 foi realizada apenas de adubação de fundação.

293 Segundo Naves (2007) a média de PB do arroz polido foi de 88 %, valor
 294 superior aos resultados dessa pesquisa. Essas diferenças na quantidade de cada

295 constituintes dos grãos nas variedades de arroz também foi observado por outros autores
 296 (KALSCHNE *et al.*, 2020; POLES *et al.*, 2014).

297

298 Figura 5. Conteúdo de amido de variedades de arroz crioulo e da BRS Primavera.

299

300

301

302

303

304

305

306

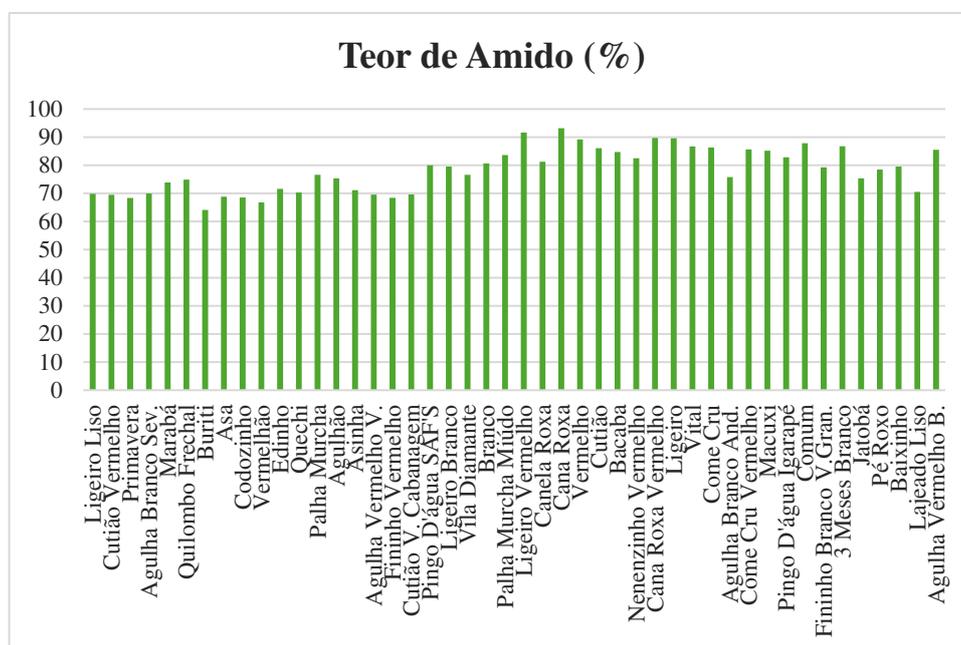
307

308

309

310

311



312

312 As diferenças quantitativas na composição química dos grãos dos genótipos
 313 estudados, podem variar de acordo inúmeros fatores, como variações climáticas, aporte
 314 nutricional, condições de solos, manejo da cultura. Todavia, as características genéticas,
 315 intrínsecas a cada variedade irão influenciar também nas características desse grão
 316 (arroz).

317

318 4. Conclusão

319

320 As variações da composição química das variedades de arroz ocorrem
 321 principalmente devido às características intrínsecas genotípicas do grão.

322

323 As variedades crioulas e a BRS Primavera apresentaram variação entre os
 324 parâmetros avaliados, uma vez que, esta variação se encontrou dentro do intervalo
 325 observado na literatura, demonstrando a riqueza nutricional do arroz presente na
 326 agricultura familiar.

326

327 Pode-se ainda inferir que, o conteúdo desses constituintes, pode ter sido
 influenciado pelas condições com que as sementes foram cultivadas, as diferentes

328 localidades, as variáveis edafoclimáticas (solo e clima), assim como a forma de
329 armazenamento, que é específico de cada agricultor familiar.

330

331 **5. Agradecimentos**

332

333 À Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES),
334 pela concessão da bolsa, pela Universidade Estadual do Maranhão, pelo Programa de Pós-
335 graduação em Agroecologia (UEMA), pela equipe do Laboratório de Fitopatologia
336 (UEMA), em especial pela Profa. Dra. Antonia Alice Costa Rodrigues.

337

338 **6. Referências**

339

340 ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS. **Official methods of**
341 **analysis of the Association of Official Analytical Chemists (method 920.39,C).**
342 Arlington: A.O.A.C., 1995.

343

344 BASSINELLO, P. Z.; NAVES, M. M. V. Bioquímica e saúde humana. **In:** SANTOS, A.
345 B. dos; STONE, L. F.; VIEIRA, N. R. de A. A cultura do arroz no Brasil. 2.ed. Santo
346 Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006. p.31-51.

347

348 BERNI, R.; ID, C. C.; ROMI, M.; HAUSMAN, J.; GUERRIERO, G.; AND CAI, G.
349 Agrobiotechnology goes wild: ancient local varieties as sources of bioactives. **Int. J.**
350 **Mol. Sci.** vol. 19, E2248, 2018. <http://doi10.3390/ijms19082248>

351

352 BHAT, F., AND RIAR, C. Health benefits of traditional rice varieties of temperate
353 regions. **Med. Aromat. Plants**, vol. 4, p. 3-5, 2015. [http://doi10.4172/2167-0412](http://doi10.4172/2167-04121000198)
354 1000198

355

356 COSTA, G.P.; SILVA, T.E.; RODRIGUES, J.P.P.; DETMANN, E. Avaliação da
357 concentração dos componentes da solução de destilação sobre a quantificação do
358 nitrogênio total pelo método de Kjeldahl. **Revista Agrária Acadêmica**, v.2, p. 151-159,
359 2019.

360

361 DETMANN, E.; SILVA, L. F. C. e; ROCHA, G. C.; PALMA, M. N. N.; RODRIGUES,
362 J. P. P. (eds.). **Métodos para análises de alimentos**. Visconde do Rio Branco, MG:
363 Suprema, 2 ed., 2021.

364

365 FERREIRA, D. F. SISVAR: A COMPUTER ANALYSIS SYSTEM TO FIXED
366 EFFECTS SPLIT PLOT TYPE DESIGNS. *Brazilian Journal of Biometrics*, vol. 37, n. 4,
367 p. 529–535, 2019. <https://doi.org/10.28951/rbb.v37i4.450>

368

369 HUNT, J.R.; JOHNSON, L.K.; JULIANO, B.O. Bioavailability of zinc from cooked
370 Philippine milled, undermilled, and brown rice, as assessed in rats by using growth, bone

- 371 zinc, and zinc-65 retention. **Journal of Agriculture and Food Chemistry**, v.50, n.18,
372 p.5229-5235, 2002.
- 373
- 374 IBGE. Fundação Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Tabelas de composição**
375 **de alimentos**. 5. ed. Rio de Janeiro, 1999. 137 p. (Estudo Nacional da Despesa Familiar).
- 376
- 377 KALSCHNE, D. L.; SILVA-BUZANELLO, R. A. da; BYL, R A. P. I.; CREMIN, F. R.
378 S; MAGALHÃES JUNIOR, A. M. de; CANAN, C. Rice and rice bran from different
379 cultivars: physicochemical, spectroscopic, and thermal analysis characterization, **Foods**
380 **science/ Ciências de Alimentos**. Semina: Ciências Agrárias, Londrina, v. 41, n. 6,
381 suplemento 2, p. 3081-3092, 2020. <http://doi10.5433/1679-0359.2020v41n6Supl2p3081>
- 382
- 383 KENNEDY, G.; BURLINGAME, B. Analysis of food composition data on rice from a
384 plant genetic resources perspective. **Food Chemistry**, v.80, nA, p. 589-596, 2003.
- 385
- 386 MBANJO, E. G. N.; KRETZSCHMAR, T.; JONES, H.; EREFUL, N.; BLANCHARD,
387 C.; BOYD, L. A.; SREENIVASULU, N. The Genetic Basis and Nutritional Benefits of
388 Pigmented Rice Grain. **Frontiers in Genetics**, vol. 11, artigo 229, 2020.
389 <http://doi10.3389/fgene.2020.00229>
- 390
- 391 MUTHAYYA, S.; SUGIMOTO, J. D.; MONTGOMERY, S.; MABERLY, G. F. An
392 overview of global rice production, supply, trade, and consumption. **Ann. N.Y. Acad.**
393 **Sci.** vol. 1324, p. 7–14, 2014. doi: 10.1111/nyas.12540
- 394
- 395 NAVES, M.M.V. Características químicas e nutricionais do arroz. **Boletim CEPPA**,
396 v.25, p.51-60, 2007.
- 397
- 398 PAGNAN, M. F.; BASSINELLO, P. Z.; PRUDENCIO, S. H. Características sensoriais,
399 físicas e químicas e aceitação de arroz irrigado ou de terras altas. **Pesq. agropec. bras.**,
400 Brasília, v.50, n.10, p.979-988, 2015. <http://doi10.1590/S0100-204X2015001000014>
- 401
- 402 PETERSEN, P.; SILVEIRA, L.; DIAS, E.; CURADO, F.; SANTOS, A. Sementes ou
403 grãos? Lutas para desconstrução de uma falsa dicotomia. **Agriculturas**, vol.10, n.1, mar,
404 p.36-45. 2013.
- 405
- 406 POLES, L.F.; LIMA, D.C.; MORAIS, P.G.; ROMO, I.C.F.; SARMENTO, S.B.S.;
407 CANNIATTI-BRAZACA, S.G. Caracterização físico-química, funcional e nutricional
408 de duas cultivares brasileiras de arroz. **Revista Brasileira de Tecnologia**
409 **Agroindustrial**, v.8, p.1262-1273, 2014. <http://doi10.3895/s1981-36862014000100011>
- 410
- 411 RODRIGUES, A.N.; SILVA, TE.; DETMANN, E. Concentrações de hidróxido de sódio
412 nas soluções de destilação do método de Kjeldahl sobre a quantificação do nitrogênio
413 total. **Boletim de Indústria Animal**, v.75, p.9-16, 2018.
- 414
- 415 SILVA, B. C.; GODOI, L. A.; VALADARES FILHO, S.C.; ZANETTI, D.; BENEDETI,
416 P. B.; DETMANN, E. A suitable enzymatic method for starch quantification in different
417 organic matrices. **MethodsX**, v.6, p. 2322-2328, 2019.
- 418

- 419 SILVA, T.E.; DETMANN, E.; FRANCO, M.O.; PALMA, M.N.N.; ROCHA, G.C.
420 Evaluation of digestion procedures in Kjeldahl method to quantify total nitrogen in ana-
421 ses applied to animal nutrition. **Acta Scientiarum Animal Sciences**, v.38, p.45-51, 2016.
422
- 423 SILVA, O. F. da; WANDER, A. E. **Estatística de produção** (Embrapa Arroz e Feijão)
424 Disponível em: [https://www.embrapa.br/en/agencia-de-informacao-](https://www.embrapa.br/en/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/arroz/pre-producao/socioeconomia/estatistica-de-producao)
425 [tecnologica/cultivos/arroz/pre-producao/socioeconomia/estatistica-de-producao](https://www.embrapa.br/en/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/arroz/pre-producao/socioeconomia/estatistica-de-producao) Acesso
426 em: 20/12/23.
427
- 428 TAIRA, H. Grain quality: physicochemical properties and quality of rice grains. **In:**
429 MATSUO, T.; KUMAZAWA, K.; ISHII, R.; ISHIHARA, K.; HIRATA, H. (Ed.).
430 Science of the rice plant. Tokyo: Food and Agriculture Police Research Center, 1995. v.2
431 (Physiology). cap. 6.1, p.1063-1089.
432
- 433 TERUNGWA, T. I.; AND YUGUDA, M. A. The impact of rice production,
434 consumption and importation in Nigeria: the political economy perspectives. **Int. J.**
435 **Sustain. Dev. World Policy** v. 3, p. 90-99, 2014.
436
- 437 WATT, B.K.; MERRILL, A. L. **Composition of foods: raw, processed, prepared.**
438 Washington, D.C.: United States Department of Agriculture, 1975. (Agriculture
439 Handbook, 8).
440
- 441 WYATT, C. J.; TRIANA-TEJAS, A. Soluble and insoluble Fe, Zn, Ca, and phytates in
442 foods commonly consumed in northern Mexico. **Journal of Agriculture and Food**
443 **Chemistry**, vA2, p.2204-2209, 1994.
444
- 445 VAN SOEST, P. J. **Nutricional ecology of the ruminant.** 2 ed. Ithaca: Cornell
446 University Press, 1994. 476 p.
447
- 448 ZINN, R. Influence of flake density on the comparative feeding value of steam-flaked
449 com for feedlot cattle. **Journal of animal Science**, vol. 68, p. 767-775, 1990.
450
- 451 ZHOU, H.; XIA, D.; HE, Y. Rice grain quality—traditional traits for high quality rice
452 and health-plus substances. **Molecular Breeding**, vol. 40, n. 1, p. 1–17, 2020.
453
454

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Na caracterização molecular das variedades crioulas de arroz provenientes de áreas produtivas de agricultores familiares, pode-se constatar, que 18 *primers* apresentaram polimórficos, com isso, se mostraram eficazes na caracterização dos genótipos em estudo. Os *primers* RM 270, RM84, RM 87, RM 528, RM 17, RM 231 e RM 434 foram considerados altamente informativos, e são recomendados para caracterizar genótipos de arroz.

Os 11 *clusters* formados apresentaram elevada variação dentro, mesmo não apresentando variação entre os *clusters*. A variabilidade existente nas variedades crioulas as torna importantes para estudos futuros de programas de melhoramento genético, bem como no desenvolvimento de cultivares de interesse econômico.

Este trabalho coloca em evidência, a fácil adaptação dessas variedades às condições adversas, além de grande importância para a evolução das espécies, e estudos futuros em programas de melhoramento genético. A variedade BRS Primavera (melhorada) apresentou diversidade genética inferior as crioulas, resultado este já esperado.

É essencial dar continuidade nessa pesquisa para elucidarmos os resultados da distância genética entre algumas variedades que apresentaram 100 % similares, pois tais resultados inferem que haja a presença de duplicatas dentro do Banco de Germoplasma da UEMA. Infere que tais duplicidades possam ter surgido devido a uma possível expansão dessas variedades, sendo cultivadas em muitos locais, originando nomes diferentes dados pelos produtores, caracterizado prática da troca de material genético entre agricultores.

Para solucionar essa questão torna-se necessário realizar a genotipagem das variedades estudadas nesta pesquisa. Além disso, é importante a partir dos dados genéticos aqui avaliados, serem feitas avaliações de outras características como, resistência a doenças, pragas e estresse abióticos.

Na análise da composição química das 45 variedades crioulas e a BRS Primavera apresentaram variação entre os parâmetros avaliados, todavia, essa variação se manteve dentro do intervalo observado na literatura. Com isso, pode se inferir que mesmo em condições adversas as variedades crioulas mantiveram a qualidade nutricional, demonstrando a riqueza nutricional do arroz presente na agricultura familiar.

Faz-se necessário a realização da análise de outros parâmetros nutricionais aqui não contemplados, e assim teremos dados mais detalhados sobre a composição e riqueza nutricional das variedades crioulas presentes nas áreas da agricultura familiar dos municípios aqui estudados. No geral, a pesquisa realizada apresenta de suma importância conscientizar os agricultores familiares no uso dessas variedades crioulas, além de promover o fortalecimento da cadeia produtiva do arroz no estado do Maranhão.

APÊNDICES

NORMAS DA REVISTA *Plos One*



TITLE, AUTHOR, AFFILIATIONS FORMATTING GUIDELINES

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42

This is the article title

John Doe^{1¶}, Antonie Data^{1¶}, Johannes van Stats^{1,¶a}, Marie Testperson^{2*}, David
Ribosome Jr.^{3,4}, Gregory H.T. McBio^{5,¶b}, Angela Reviewerson^{1,2&}, Marina
Measure^{1&}, on behalf of The Bunny Genome Sequencing Consortium[^]

¹ Department, Institution, City, State, Country

² Department of Dermatology, Division of Rabbit Health, Section of Veterinary
Medicine, St. Hare Hospital, San Francisco, California, United States of America

³ Department of Libraries and Archives, National Contemporary Bunny Museum,
Lagomorph, Connecticut, United States of America

⁴ Department of Restoration, National Contemporary Bunny Museum, Lagomorph,
Connecticut, United States of America

⁵ Department of Archaeology, Bunny University, Lagomorph, Connecticut, United
States of America

^{¶a}Current Address: Department of Carrot Science, Bunny University, Lagomorph,
Connecticut, United States of America

^{¶b}Current Address: Department of Canine Evasion, Bunny University, Lagomorph,
Connecticut, United States of America

* Corresponding author

E-mail: testperson@university.ed (MT)

[¶]These authors contributed equally to this work.

[&]These authors also contributed equally to this work.

[^]Membership of the Bunny Genome Sequencing Consortium is provided in the

Acknowledgments.

Symbol Legend		
Symbol	Name	Definition
¶	Pilcrow (paragraph symbol)	1st set of equal contributors
&	Ampersand	2nd set of equal contributors
*	Asterisk	Corresponding author(s)
#a	Pound/number sign	First Current address
#b	Pound/number sign	Second Current address
†	Dagger/Cross	Deceased
^	Caret	Consortium/Group Authorship

Article Title

- Italics, bold type, symbols, and other text formatting will all be reproduced in the published article as submitted.
- Titles should be written in sentence case (capitalize only the first word of the title, the first word of the subtitle, and any proper nouns and genus names).

Author Byline

- Author names will be published exactly as they appear in the accepted manuscript.
- Indicate affiliations by number only.
- Affiliation footnotes should appear in numerical order at first mention.
- Please use the symbols provided in this document for other designations.
- Numbers and symbols should be in superscript.
- Do not include titles (Dr., PhD, Professor, etc.).

Affiliations

- Affiliations will be published as they appear in the accepted manuscript.
- Include each component in order of small to large (Department, Division, Section, Institution, City, State, Country).
- Do not include ZIP or Postal Codes, street addresses, or building/office numbers.
- Do not use abbreviations (e.g. Dept.).
- Do not list positions within an institution (e.g. Department Chair, Professor, etc.).
- List each affiliation individually and in full.

Corresponding Authorship

- Do not include physical addresses; only email addresses are required.
- List corresponding author's initials in parentheses after the email address.

Contributorship

- Use the symbols provided here to indicate equal contributions.
- If you would like the equal contributions notes to read differently, please specify in your manuscript (e.g., "AR and MM are Joint Senior Authors").

Consortia or other Group Authors

- If there is a consortium or group author on your manuscript, please provide a note that describes where the full membership list is available for the readers.
- The membership list can be listed in the Acknowledgments, in Supporting Information, or on the internet.
- Consortia/Group authors can have affiliations, but it is not required.



1 **Abstract** ←

2 Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit.
 3 Vestibulum adipiscing urna ut lectus gravida, vitae blandit tortor
 4 interdum. Donec tincidunt porta sem nec hendrerit. Vestibulum nec
 5 pharetra quam, vitae convallis nunc. Mauris in mattis sapien. Fusce
 6 sodales vulputate auctor. Nam lacus felis, fermentum sit amet nulla
 7 ac, tristique ultrices tellus. Integer rutrum aliquet sapien, eu
 8 fermentum magna pellentesque vitae. Integer semper viverra mauris
 9 vel pulvinar. Suspendisse sagittis malesuada urna. Praesent mauris
 10 diam, fringilla id fringilla ac, posuere non lorem. Vestibulum mauris
 11 ante, fringilla quis tortor sit amet, accumsan fermentum quam. Nulla
 12 dictum consectetur leo. Ut vulputate ipsum purus, a interdum nibh
 13 viverra et. Praesent aliquam sapien vel massa sodales bibendum.
 14 Nulla interdum accumsan lectus, sed auctor elit accumsan a.
 15 Suspendisse quis rhoncus nibh. The verum est de illic.

16 **NOTE: Before submitting, review the full submission guidelines**
 17 **for the journal to which you are submitting:** [PLOS ONE](#), [PLOS](#)
[Biology](#), [PLOS Medicine](#), [PLOS Neglected Tropical Diseases](#), [PLOS](#)
[Computational Biology](#), [PLOS Genetics](#), [PLOS Pathogens](#)

18 **Introduction** ←

19 Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit.
 20 Vestibulum adipiscing urna ut lectus gravida, vitae blandit tortor
 21 interdum. Donec tincidunt porta sem nec hendrerit. Vestibulum nec
 22 pharetra quam, vitae convallis nunc.

23 **Level 1 heading**

24 Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit.
 25 Vestibulum adipiscing urna ut lectus gravida, vitae (Fig 1) ←
 26 interdum. Donec tincidunt porta sem nec hendrerit. Vestibulum nec
 27 pharetra quam, vitae convallis nunc. Mauris in mattis sapien. Fusce
 28 sodales vulputate auctor. Nam sit amet nulla lacus a, (Figs 1 and 2) ←
 29 ultrices tellus. Integer rutrum aliquet sapien, eu fermentum magna
 30 pellentesque vitae.

31

32 **Fig 1. This is the Fig 1 Title.** This is the Fig 1 legend.

33 **Fig 2. This is the Fig 2 Title.** This is the Fig 2 legend.

34 **File Naming for Figures**

- Figure files should be saved as "Fig1.tif", "Fig2.eps", etc.
- Acceptable file formats for figures are ".tif", ".tiff", and ".eps"
- Figures should be uploaded separately as individual files.

Level 1 Heading

- Use Level 1 heading for all major sections (Abstract, Introduction, Materials and Methods, Results, Discussion, etc.).
- Bold type, 18pt font.
- Only use italics and text formatting where needed (e.g. genus and species names, genes, etc.).
- Headings should be written in sentence case (capitalize only the first word of the heading, the first word of the subheading, and any proper nouns and genus names).

NOTE: Do not cite figures, tables, supporting information, or references in the Abstract.

Figure Citations

- Cite figures as "Fig 1", "Fig 2", etc.
- Cite figures and tables in order.
- Do not cite "Fig 2" before "Fig 1".
- Cite multiple figures as "Figs 1 and 2", "Figs 1-3", etc.

Figure Captions

- Each figure caption should appear directly after the paragraph in which they are first cited.
- Do not include tables within captions.
- Use bold type for the figure titles.



1 **Abstract** ←

2 Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit.
 3 Vestibulum adipiscing urna ut lectus gravida, vitae blandit tortor
 4 interdum. Donec tincidunt porta sem nec hendrerit. Vestibulum nec
 5 pharetra quam, vitae convallis nunc. Mauris in mattis sapien. Fusce
 6 sodales vulputate auctor. Nam lacus felis, fermentum sit amet nulla
 7 ac, tristique ultrices tellus. Integer rutrum aliquet sapien, eu
 8 fermentum magna pellentesque vitae. Integer semper viverra mauris
 9 vel pulvinar. Suspendisse sagittis malesuada urna. Praesent mauris
 10 diam, fringilla id fringilla ac, posuere non lorem. Vestibulum mauris
 11 ante, fringilla quis tortor sit amet, accumsan fermentum quam. Nulla
 12 dictum consectetur leo. Ut vulputate ipsum purus, a interdum nibh
 13 viverra et. Praesent aliquam sapien vel massa sodales bibendum.
 14 Nulla interdum accumsan lectus, sed auctor elit accumsan a.
 15 Suspendisse quis rhoncus nibh. The verum est de illic.

16 **NOTE: Before submitting, review the full submission guidelines**
 17 **for the journal to which you are submitting:** [PLOS ONE](#), [PLOS](#)
[Biology](#), [PLOS Medicine](#), [PLOS Neglected Tropical Diseases](#), [PLOS](#)
[Computational Biology](#), [PLOS Genetics](#), [PLOS Pathogens](#)

18 **Introduction** ←

19 Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit.
 20 Vestibulum adipiscing urna ut lectus gravida, vitae blandit tortor
 21 interdum. Donec tincidunt porta sem nec hendrerit. Vestibulum nec
 22 pharetra quam, vitae convallis nunc.

23 **Level 1 heading**

24 Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit.
 25 Vestibulum adipiscing urna ut lectus gravida, vitae (Fig 1) ←
 26 interdum. Donec tincidunt porta sem nec hendrerit. Vestibulum nec
 27 pharetra quam, vitae convallis nunc. Mauris in mattis sapien. Fusce
 28 sodales vulputate auctor. Nam sit amet nulla lacus a, (Figs 1 and 2) ←
 29 ultrices tellus. Integer rutrum aliquet sapien, eu fermentum magna
 30 pellentesque vitae.

31
 32 **Fig 1. This is the Fig 1 Title.** This is the Fig 1 legend.

33 **Fig 2. This is the Fig 2 Title.** This is the Fig 2 legend.

34 **File Naming for Figures**

- Figure files should be saved as "Fig1.tif", "Fig2.eps", etc.
- Acceptable file formats for figures are ".tif", ".tiff", and ".eps"
- Figures should be uploaded separately as individual files.

Level 1 Heading

- Use Level 1 heading for all major sections (Abstract, Introduction, Materials and methods, Results, Discussion, etc.).
- Bold type, 18pt font.
- Only use italics and text formatting where needed (e.g. genus and species names, genes, etc.).
- Headings should be written in sentence case (capitalize only the first word of the heading, the first word of the subheading, and any proper nouns and genus names).

NOTE: Do not cite figures, tables, supporting information, or references in the Abstract.

Figure Citations

- Cite figures as "Fig 1", "Fig 2", etc.
- Cite figures and tables in order.
- Do not cite "Fig 2" before "Fig 1".
- Cite multiple figures as "Figs 1 and 2", "Figs 1-3", etc.

Figure Captions

- Each figure caption should appear directly after the paragraph in which they are first cited.
- Do not include tables within captions.
- Use bold type for the figure titles.



1 **Abstract** ←

2 Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit.
 3 Vestibulum adipiscing urna ut lectus gravida, vitae blandit tortor
 4 interdum. Donec tincidunt porta sem nec hendrerit. Vestibulum nec
 5 pharetra quam, vitae convallis nunc. Mauris in mattis sapien. Fusce
 6 sodales vulputate auctor. Nam lacus felis, fermentum sit amet nulla
 7 ac, tristique ultrices tellus. Integer rutrum aliquet sapien, eu
 8 fermentum magna pellentesque vitae. Integer semper viverra mauris
 9 vel pulvinar. Suspendisse sagittis malesuada urna. Praesent mauris
 10 diam, fringilla id fringilla ac, posuere non lorem. Vestibulum mauris
 11 ante, fringilla quis tortor sit amet, accumsan fermentum quam. Nulla
 12 dictum consectetur leo. Ut vulputate ipsum purus, a interdum nibh
 13 viverra et. Praesent aliquam sapien vel massa sodales bibendum.
 14 Nulla interdum accumsan lectus, sed auctor elit accumsan a.
 15 Suspendisse quis rhoncus nibh. The verum est de illic.

16 **NOTE: Before submitting, review the full submission guidelines**
 17 **for the journal to which you are submitting:** [PLOS ONE](#), [PLOS](#)
[Biology](#), [PLOS Medicine](#), [PLOS Neglected Tropical Diseases](#), [PLOS](#)
[Computational Biology](#), [PLOS Genetics](#), [PLOS Pathogens](#)

18 **Introduction** ←

19 Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit.
 20 Vestibulum adipiscing urna ut lectus gravida, vitae blandit tortor
 21 interdum. Donec tincidunt porta sem nec hendrerit. Vestibulum nec
 22 pharetra quam, vitae convallis nunc.

23 **Level 1 heading**

24 Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit.
 25 Vestibulum adipiscing urna ut lectus gravida, vitae (Fig 1) ←
 26 interdum. Donec tincidunt porta sem nec hendrerit. Vestibulum nec
 27 pharetra quam, vitae convallis nunc. Mauris in mattis sapien. Fusce
 28 sodales vulputate auctor. Nam sit amet nulla lacus a, (Figs 1 and 2) ←
 29 ultrices tellus. Integer rutrum aliquet sapien, eu fermentum magna
 30 pellentesque vitae.

31
 32 **Fig 1. This is the Fig 1 Title.** This is the Fig 1 legend.

33 **Fig 2. This is the Fig 2 Title.** This is the Fig 2 legend.

34 **File Naming for Figures**

- Figure files should be saved as "Fig1.tif", "Fig2.eps", etc.
- Acceptable file formats for figures are ".tif", ".tiff", and ".eps"
- Figures should be uploaded separately as individual files.

Level 1 Heading

- Use Level 1 heading for all major sections (Abstract, Introduction, Materials and methods, Results, Discussion, etc.).
- Bold type, 18pt font.
- Only use italics and text formatting where needed (e.g. genus and species names, genes, etc.).
- Headings should be written in sentence case (capitalize only the first word of the heading, the first word of the subheading, and any proper nouns and genus names).

NOTE: Do not cite figures, tables, supporting information, or references in the Abstract.

Figure Citations

- Cite figures as "Fig 1", "Fig 2", etc.
- Cite figures and tables in order.
- Do not cite "Fig 2" before "Fig 1".
- Cite multiple figures as "Figs 1 and 2", "Figs 1-3", etc.

Figure Captions

- Each figure caption should appear directly after the paragraph in which they are first cited.
- Do not include tables within captions.
- Use bold type for the figure titles.

NORMAS DA REVISTA *Journal of Food Composition and Analysis*



JOURNAL OF FOOD COMPOSITION AND ANALYSIS

AUTHOR INFORMATION PACK

TABLE OF CONTENTS

●	Description	p.1
●	Impact Factor	p.1
●	Abstracting and Indexing	p.2
●	Editorial Board	p.2
●	Guide for Authors	p.4



ISSN: 0889-1575

DESCRIPTION

The Journal of Food Composition and Analysis publishes manuscripts on the chemical composition of human foods, analytical methods, food composition data and studies on the statistics, use and distribution of such data.

Research areas include:

- New methods for the chemical analysis of food
- Nutrient, bioactive non-nutrient and anti-nutrient components in food
- Flavour and taste components in food.
- Food composition database development, management, and utilization
- Processes of development and selection of single-value entries for food composition tables

The Journal does **not** consider papers that feature as the **major** area of study:

- Non-specific assays, such as in-vitro antioxidant capacity and total phenolic content
- Clinical and pharmacological studies
- Natural medicines
- Physical properties of foods
- Food waste materials
- Foods formulated in the laboratory
- Microbiological and anti-microbial assays
- Sensory quality and organoleptic characteristics of foods

IMPACT FACTOR

2021: 4.520 © Clarivate Analytics Journal Citation Reports 2022

ABSTRACTING AND INDEXING

Scopus
 AGRICOLA
 Biological Abstracts
 CAB International
 CAB Health
 Current Contents
 Dairy Science Abstracts
 FSTA (Food Science and Technology Abstracts)
 Nutrition Abstracts
 ScienceDirect
 AGORA
 Foodline: Food Science and Technology
 Vitis Viticulture and Enology Abstracts
 EMBiology

EDITORIAL BOARD

Editor-in-Chief

J. Stephen Elmore, University of Reading, Reading, United Kingdom

Senior Editor

Dalene de Beer, Agricultural Research Council, Plant Bioactives Group, Post-Harvest & Agro-Processing Technologies, Stellenbosch, South Africa
 Herbal teas, Fruits, Phenolic compounds, Food processing

Assistant Editor

Charlène Girardot

Consulting and Founding Editor

Kent Stewart, The University of Texas System, Austin, Texas, United States of America

Editors

Francisco J. Barba, University of Valencia Faculty of Pharmacy, Burjassot, Spain
Luke Bell, University of Reading, Reading, United Kingdom
Renan Chisté, Federal University of Para, Belém, Brazil
Fook Yee Chye, Universiti Malaysia Sabah Faculty of Food Science and Nutrition, Kota Kinabalu, Malaysia
Ayodele Rotimi Ipeaiyeda, University of Ibadan, Ibadan, Nigeria
Percy Onianwa, University of Ibadan, Ibadan, Nigeria
Donatella Restuccia, University of Calabria, Rende, Italy

Editorial Board Members

Marimar Campo, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain
Emma Cantos-Villar, Andalusian Institute of Agrarian Fishing Food Investigation and Ecological Production Rancho de la Merced Center, Jerez de la Frontera, Spain
Carlos Cardoso, Portuguese Institute for the Sea and Atmosphere, Lisboa, Portugal
Isabel Castanheira, National Institute of Health Doctor Ricardo Jorge, Lisboa, Portugal
Catherine Champagne, Louisiana State University System, Baton Rouge, Louisiana, United States of America
Dawei Chen, China National Center for Food Safety Risk Assessment, Beijing, China
Stephen Chung, Hong Kong, China
Daniel Cozzolino, CQUniversity Australia, North Rockhampton, Queensland, Australia
Montserrat Dueñas Patón, University of Salamanca, Salamanca, Spain
Kwaku Gyebi Duodu, University of Pretoria, Pretoria, South Africa
Tullia Gallina Toschi, University of Bologna, Bologna, Italy
Seyed Mohammad Taghi Gharibzadeh, TU Berlin Institute of Chemistry, Berlin, Germany
Vural Gökmen, Hacettepe University, Ankara, Turkey
José Luis Guil-Guerrero, University of Almería, Almería, Spain
David Haytowitz, USDA-ARS Beltsville Human Nutrition Research Center, Beltsville, Maryland, United States of America
Dámaso Hornero-Méndez, Fat Institute Department of Food Phytochemistry, Seville, Spain
Leqian Hu, Henan University of Technology School of Chemistry and Chemical Engineering, Zhengzhou, China
Paul Hulshof, Wageningen University, Wageningen, Netherlands
Lenka Husáková, University of Pardubice, Pardubice, Czechia

Marco Iammarino, Zooprohylactic Institute of Puglia and Basilicata, Foggia, Italy
Paul van Jaarsveld, South African Medical Research Council, Tygerberg, South Africa
Jette Jakobsen, National Food Institute, Søborg, Denmark
Jungmin Lee, USDA-ARS Horticultural Crops Research Unit, Corvallis, Oregon, United States of America
Lilian Mariutti, State University of Campinas, Campinas, São Paulo, Brazil
Antonio J. Meléndez-Martínez, University of Seville, Sevilla, Spain
Byungrok Min, University of Maryland Eastern Shore, Princess Anne, Maryland, United States of America
Michael Netzel, University of Queensland, Brisbane, Queensland, Australia
Pamela Pehrsson, USDA-ARS Nutrient Data Laboratory, Beltsville, Maryland, United States of America
Rafaella Peixoto, Federal Fluminense University, Niterói, Rio de Janeiro, Brazil
Janka Porubska
Eliseu Rodrigues, Federal University of Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brazil
Ralf Martin Schweiggert, University of Hohenheim, Stuttgart, Germany
Judith Spungen, U.S. Food and Drug Administration, Center for Food Safety and Applied Nutrition, College Park, Maryland, United States of America
Weizheng Sun, South China University of Technology School of Food Science and Engineering, Guangzhou, China
Dil Thavarajah, Clemson University, Clemson, South Carolina, United States of America
Thea Zimmerman, Westat Insight, Rockville, Maryland, United States of America

GUIDE FOR AUTHORS

INTRODUCTION

The *Journal of Food Composition and Analysis* publishes manuscripts on scientific aspects of data on the chemical composition of human foods, with particular emphasis on actual data on composition of foods; analytical methods; studies on the manipulation, storage, distribution and use of food composition data; and studies on the statistics, use and distribution of such data and data systems. The Journal's basis is nutrient composition, with increasing emphasis on bioactive non-nutrient and anti-nutrient components. Papers must provide sufficient description of the food samples, analytical methods, quality control procedures and statistical treatments of the data to permit the end users of the food composition data to evaluate the appropriateness of such data in their projects.

The Journal does not publish papers on:

- Microbiological assays;
- Sensory quality and organoleptic characteristics of food;
- Physical properties;
- Clinical papers and pharmacology-related papers;
- Natural medicines;
- Food waste materials;
- Foods formulated in the laboratory;
- Data based on in-vitro antioxidant capacity measurements.

The Journal of Food Composition and Analysis is no longer considering papers that include data based on in-vitro antioxidant capacity measurements. Each method measures a different aspect of the sample chemistry; all are non-specific and subject to numerous inferences. More importantly, an antioxidant value cannot be related to a specific nutritional or health outcome. This policy also applies to total phenolic content and similar assays that are equally non-specific and subject to interferences. Papers where all or most of the identifications are tentative will not be considered. Identifications should be confirmed with reference compounds where commercially available.

Research may be published as Original Research Articles, Short Communications, Critical Reviews, Study Reviews, Reports or Commentaries, according to subject matter and presentation. Editor assignment will be made by the Managing Editor, but author guidance is appreciated. Only original papers will be considered. Manuscripts are submitted for review with the understanding that the same work has not been copyrighted, published, or submitted for publication elsewhere.

Types of paper

The following types of papers are published:

- **Original Research Articles** are complete reports of original, scientifically sound research. They must contribute new knowledge and be organized as described in this Guide. Please follow carefully the organization of the sections described in Article Structure (see below).
- **Short Communications** are brief reports of scientifically sound research, but of limited scope (for example, limited number of samples analysed), that contribute new knowledge. They may be preliminary reports of new findings, in which case the author is expected to publish complete findings later in an article.
- **Reviews** are papers which provide an analysis of a scientific or applied field, which include all important findings and bring together reports from a number of sources. There are two categories of reviews:

Critical reviews provide a comprehensive, extensive review of a topic and a thorough referencing of the relevant literature. *Study reviews* provide an analysis of a selected number of published or unpublished studies.

Review articles may be invited by the Editor or the Editorial Board. Alternatively, potential authors considering the preparation of a Review article should contact the Editor to suggest the topic and its scope, providing an outline in the form of major headings and a summary statement. In any case, such articles are subject to the normal processes of peer review and revision.

ANEXOS

Genótipos de arroz avaliados quanto a natureza molecular e constituição química.

