

Capítulo 9. Calidad del grano de arroz

Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Gabriel Donoso Ñ., Katherine Loaiza.

La calidad de un producto es definida por el conjunto de propiedades y características del mismo que satisfacen las necesidades particulares de los usuarios finales. En este contexto, la calidad del grano de arroz constituye el conjunto de todas las propiedades y características del arroz que satisfagan las necesidades de los consumidores (Bao, 2014).

Actualmente, existe una gran cantidad de información genética sobre las diferentes características que definen la calidad del arroz y que pueden ayudar a mejorar el producto producido y consumido por la población.

Grano de arroz

El grano de arroz es una estructura compleja formada por una capa protectora exterior que lo cubre, llamada cáscara (lemma y palea), y la cariopsis de arroz o fruto. El arroz integral está compuesto de una capa exterior (pericarpio) que cubre la semilla, y el nucellus que cubre el embrión y el endospermo. El endospermo, a su vez, está constituido por una capa ubicada bajo la aleurona (subaleurona) y el almidón o endosperma interno. El embrión está formado por el escutelo, la plúmula, la radícula y el epiblasto (Figura 1).

Además de estas estructuras, existen otras que están asociadas al grano como son las lemmas estériles, ubicadas en la base del grano y la raquilla situada en el extremo opuesto de la arista que constituye una prolongación de la lemma (Figura 1).

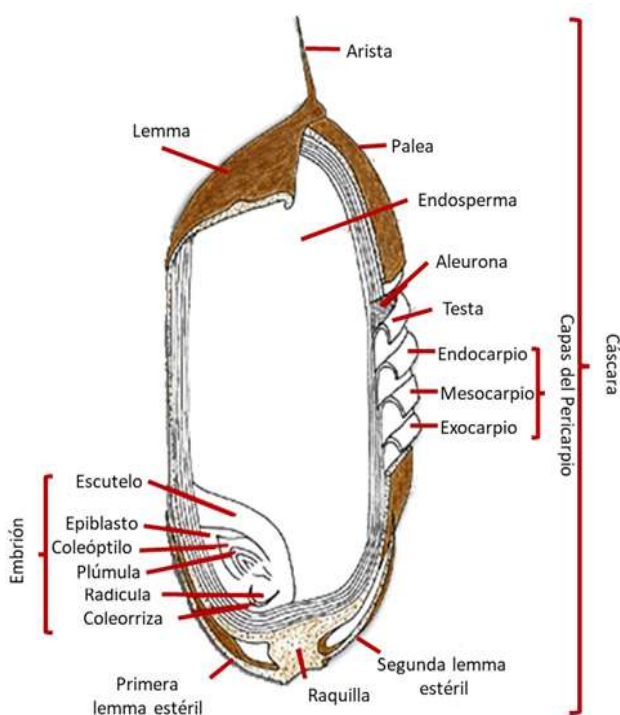


Figura 1. Corte longitudinal de un grano de arroz (Adaptado de Juliano, 1993).

La cáscara constituye, aproximadamente, 20 % del peso del grano, pero puede variar entre 16 % y 28 %. Los pesos de los componentes del arroz integral (sin cáscara) son el pericarpio que representa entre 1 % y 2 % del peso, la aleurona, nucellus y cubierta de la semilla que constituye entre el 4 y 6 %, el embrión 1 %, escudeteo 2 % y el endospermo que concentra entre el 90 % y 91 % (Juliano, 1992).

La aleurona puede estar formada por una a cinco capas, siendo más gruesa en la parte dorsal del grano que en su parte ventral, y también en los granos cortos más que en los largos. La aleurona y las células del embrión son ricas en proteínas y contienen fitatos y lípidos. Las células del endosperma están cubiertas por una membrana delgada que contiene los amiloplastos, estructuras donde se alojan los gránulos de almidón. La capa de células ubicada bajo la aleurona (subaleurona) es rica en proteínas y lípidos, y contiene amiloplastos y gránulos de almidón más pequeños que las células del interior del endosperma. Finalmente, los gránulos de almidón tienen una forma de poliedro de un tamaño de entre 3 y 9 μm , mientras que las proteínas, principalmente redondas, alcanzan dimensiones que varían entre 0,5 y 4,0 μm , siendo las proteínas de la subaleurona las de menor tamaño (Juliano, 1992).

Tipos de arroz

El Codex Alimentarius (2007) entrega tres opciones para clasificar el tamaño del grano y establece que los comerciantes deben indicar la opción de clasificación que deseen utilizar.

Opción 1. Relación longitud/anchura del grano

Arroz de grano largo. Corresponde al arroz descascarado o arroz descascarado sancochado, cuya relación longitud/anchura es $\geq 3,1$, o de $\geq 3,0$ o más.

Arroz grano medio. Es el arroz descascarado o arroz descascarado sancochado, cuya relación longitud/anchura es de 2,1 a 3,0 o de 2,0 a 2,9.

Arroz grano corto. Es el arroz descascarado o arroz descascarado sancochado, cuya relación longitud/anchura es $\leq 2,0$, o $\leq 1,9$.

Opción 2. Longitud del grano

Arroz de grano largo. Corresponde al arroz cuya longitud de grano es $\geq 6,6$ mm.

Arroz de grano medio. Es el arroz cuya longitud de grano es $\geq 6,2$ mm, pero $\leq 6,6$ mm.

Arroz de grano corto. Es el arroz cuya longitud de grano es $\leq 6,2$ mm.

Opción 3. Combinación de la longitud y la relación longitud/anchura

Arroz de grano largo. Tiene una longitud $\geq 6,0$ mm y una relación de longitud/anchura ≥ 2 , pero $\leq 3,0$ o una longitud del grano $\geq 6,0$ mm y una relación de longitud/anchura $\geq 3,0$.

Arroz de grano medio. Tiene una longitud de grano $\geq 5,2$ mm, pero $\leq 6,0$ mm o una relación largo/ancho $\leq 3,0$.

Arroz de grano corto. Tiene una longitud del grano $\leq 5,2$ mm y una relación largo/ancho $\leq 2,0$.

En este aspecto existen varias formas de clasificar el grano, de acuerdo a la normativa de cada país. A continuación, se describen algunos sistemas utilizados por el IRRI, U.S.A. y la Unión Europea.

Instituto Internacional para la Investigación en Arroz (IRRI)

La FAO y el IRRI (Juliano, 1993) clasifican a los granos de arroz en las siguientes categorías:

Clasificación por tamaño

Extra largo: largo de grano > 7,5 mm

Largo: largo de grano varía de 6,61 a 7,50 mm

Grano medio: largo de grano varía de 5,51 a 6,60 mm

Corto: largo de grano < 5,5 mm

Relación largo/ancho

Delgado: relación largo/ancho > 3,0

Medio: relación largo/ancho entre 2,1 y 3,0

´Bold´: relación largo/ancho entre 1,1 y 2,0

Redondo: relación largo/ancho < 1,0

Estados Unidos

De acuerdo a la Comisión Internacional de Comercio de U.S.A. (United States International Trade Commission, 2015), el arroz se clasifica en tres categorías dependiendo de su tamaño:

Largo. El largo del grano es cuatro a cinco veces su ancho. Estos arroces se caracterizan por separarse fácilmente después de su cocción. Representan un 75 % del mercado mundial.

Medio. Tienen un largo de grano dos a tres veces su ancho. Generalmente, estos arroces son más húmedos con tendencia a pegarse unos a otros. Representan un 10 % del mercado global, con preferencia en Japón, Turquía y el Medio Oriente.

Corto. La forma del grano es casi redonda. Estos arroces son más suaves que los granos largos y se tienden a pegar después de cocidos.

U.S.A. distingue cuatro grandes tipos de ´variedades` según la especie y ciertas características sensoriales de las variedades.

Indica. Arroz largo delgado no glutinoso. Generalmente crece en climas cálidos, especialmente en el Sudeste de China, India, Tailandia y Vietnam.

Japonica. Sus granos son más redondeados y tienden a pegarse después de cocidos. Crece preferentemente en climas templados. Este tipo de arroces representa, aproximadamente, un 10 % del mercado mundial.

Aromáticos. Presentan en forma natural un aroma similar al ´popcorn`. Los principales tipos aromáticos son Jasmine y Basmati que representan un 12 % del mercado mundial.

Glutinoso. Es dulce, usado para postres y otras preparaciones. Crece principalmente en el Sudeste de Asia y representa menos de un 2 % del mercado mundial del arroz.

Unión Europea

De acuerdo al Título 1006, la Comisión Europea clasifica el arroz en las siguientes categorías:

Arroz con cáscara (1006 10 - Rice in the husk, paddy or rough). Arroz que está adherido firmemente a la cáscara.

Arroz integral (1006 20 - Husked ´brown rice`; ´cargo rice`, ´loonzain` y ´riso sabamato`). Arroz al que se le ha removido la cáscara, pero mantiene el pericarpio o capas externas del grano (bran) y

el embrión, lo que le da un sabor agradable, pero tiene una textura fibrosa. El arroz de grano largo integral tiende a ser menos esponjoso y tierno, y el grano redondo menos pegajoso. En general, el grano integral aumenta su tamaño dos veces después de cocido y es más perecible.

Arroz semi o completamente molinado, pulido o glaseado (1006 30 - Semi milled or wholly milled rice, whether or not polished or glazed). El arroz semi molinado es aquel que contiene aún las capas más internas del pericarpio, a diferencia del completamente molinado donde todas las capas del pericarpio han sido removidas. El glaseado consiste en un tratamiento que permite cubrir el grano con glucosa y talco.

Grano sancochado, parbolizado (‘parboiled rice’). Después del proceso de lavado y previo a cualquier tratamiento de molinado, el arroz es remojado en agua caliente o al vapor y luego secado. Este tipo de arroz puede ser utilizado para producir arroz integral o arroz pulido.

Arroz quebrado (1006 40 - Broken rice). Arroz de un tamaño menor a $\frac{3}{4}$ partes del grano que mantiene su forma. Este tipo de arroz es de menor calidad y se usa, generalmente, en fórmulas para bebés, cereales de arroz, alimento para mascotas, vino, harina y alimentos enlatados.

Clasificación por tamaño

Grano corto (referido también como redondo). El largo del grano es no mayor a 5,2 mm y su relación largo/ancho menor a 2. Los granos húmedos se pegan después de cocidos y se usan preferentemente para confeccionar dulces.

Grano medio. El largo del grano varía entre 5,2 y 6,0 mm y su relación largo/ancho es menor a 3. Se usa preferentemente para paellas y risottos.

Grano largo. Es un grano largo y delgado, con un largo de grano mayor a 6 mm. Es un grano que se separa después de cocido.

Clasificación del arroz cocido (Unión Europea)

De acuerdo al Título 1904 se clasifican en platos preparados y para microonda, que incluyen diferentes porciones de ingredientes.

Grado de molienda

En relación al grado de molienda, el Codex Alimentarius (2007) señala que el arroz elaborado (arroz blanco) se puede clasificar en tres categorías.

Arroz semielaborado: se obtiene por elaboración del arroz descascarado, pero en un grado menor para satisfacer los requisitos del arroz elaborado.

Arroz bien elaborado: se obtiene por elaboración del arroz descascarado, de forma que se elimina parte del germen y todas las capas externas y la mayoría de las capas internas del salvado.

Arroz muy elaborado: se obtiene por elaboración del arroz descascarado, de forma que se elimina casi por completo el germen, todas las capas externas y la mayor parte de las capas internas del salvado, así como parte del endosperma.

Tolerancia de granos defectuosos

El Codex Alimentarius (2007) establece diferentes grados de tolerancia de granos defectuosos y la presencia de otros tipos de arroz en los diversos tipos de arroz elaborados (Cuadro 1).

Cuadro 1. Niveles de tolerancia de granos defectuosos y de otros tipos de arroces en cuatro categorías de arroz.

Granos defectuosos	Arroz/límite máximo			
	Descascarado (% m/m)	Elaborado (% m/m)	Descascarado sancochado (% m/m)	Elaborado sancochado (% m/m)
Granos dañados por calor	4,0	3,0	8,0	6,0
Granos dañados	4,0	3,0	4,0	3,0
Granos inmaduros	12,0	2,0	12,0	2,0
Granos yesosos	11,0	11,0	s/i	s/i
Granos rojos	12,0	4,0	12,0	4,0
Granos rojizos veteados	s/i	8,0	s/i	8,0
Granos manchados	s/i	s/i	4,0	2,0
Niveles máximos recomendados de otros tipos de arroz				
Arroz con cáscara	2,5	0,3	2,5	0,3
Arroz descascarado	s/i	1,0	s/i	1,0
Arroz elaborado	s/i	s/i	2,0	2,0
Arroz glutinoso	1,0	1,0	1,0	1,0

Fuente: Codex Alimentarius, 2007. s/i: sin información.

Calidad del grano

La calidad del grano es una característica compleja que incluye aspectos relacionados con el procesamiento industrial, la apariencia del grano (tamaño, forma, panza blanca), aspectos culinarios, de consumo (propiedades del almidón, cantidad aparente de amilosa, temperatura de gelatinización, consistencia y viscosidad) y nutricionales (Fitzgerald et al., 2009; Chen et al., 2012; Bao, 2014; Zhao et al., 2015).

Calidad industrial

La calidad industrial es una característica muy importante para la industria y los agricultores, pues determina el rendimiento final y el valor del producto elaborado (Zheng et al., 2007; Bao, 2014).

El primer paso en el procesamiento industrial del arroz es la remoción de la cáscara del grano, lo que da origen a un grano con tegumento ('bran') que se conoce como grano integral ('brown'). Este tegumento adherido al grano está formado por la aleurona, el pericarpio y el embrión. Posteriormente, este tegumento es removido del grano para obtener el arroz pulido (Qui et al., 2015). La calidad industrial ('milling quality') se mide principalmente como porcentaje de grano integral ('brown'), grano industrial ('milled'), o grano entero ('head') (Qui et al., 2015; Wang et al., 2017).

La calidad industrial es una característica compleja que incluye varios productos, cada uno de ellos influenciado por factores genéticos y ambientales (Zheng et al., 2007; Qui et al., 2015). La información disponible señala que se han descrito pocos genes/loci ('QTLs, quantitative trait loci') asociados a la calidad industrial (Tan et al., 2001; Zheng et al., 2007; Lou et al., 2009; Nelson et al.,

2011; Wang et al., 2017) y no hay genes clonados (Wang et al., 2017).

Porcentaje de arroz integral

En el arroz se ha informado de algunas diferencias en el rendimiento de grano industrial. Es así como las variedades de arroz tipo *japonica* tienen un mayor porcentaje de arroz integral que las variedades tipo *indica*, y las variedades modernas poseen mayor porcentaje de grano integral que las variedades antiguas (Ren et al., 2016).

La herencia del rendimiento de grano integral es principalmente del tipo nuclear, con dominancia completa o parcial sobre el bajo rendimiento de grano industrial y con un bajo efecto maternal (Tan et al., 2000; Luo et al., 2014). Al respecto, la información disponible es escasa (Aluko et al., 2004); sin embargo, se han detectado dos QTLs (*qBRR3*, *qBRR5*) que tienen una alta asociación con la recuperación de arroz integral (Tan et al., 2001; Lou et al., 2009). Estos QTL's estarían involucrados, también, en la regulación del tamaño (ancho y largo) del grano (Lou et al., 2009) y se encontrarían ligados a un par de genes candidatos que estarían controlando esta característica del grano (Ren et al., 2016).

Grano entero

El criterio de calidad industrial más ampliamente utilizado es el rendimiento porcentual de grano entero, obtenido después del procesamiento del grano e influye directamente en el precio final del producto (Bao, 2014). Este porcentaje de grano entero está influenciado por factores genéticos (variedad), agronómicos, condiciones de cosecha, secado del grano y por el proceso industrial (Zhou et al., 2015). En este sentido se ha detectado un QTL (*qHRR3*) que estaría asociado al porcentaje de grano entero y al largo del grano (Tan et al., 2001; Jiang et al., 2013). Esta información sugiere que existe una relación entre el tamaño o forma del grano y el porcentaje de grano entero obtenido en el proceso industrial.

Apariencia del grano

La apariencia del grano se refiere al aspecto externo del grano después de su proceso industrial y está asociada al tamaño (largo y ancho), la relación largo/ancho (forma), el peso y la transparencia (panza blanca) del endospermo (Bao, 2014; Zhou et al., 2015; Chen et al., 2016; Wang et al., 2017).

La apariencia del grano es una característica muy importante, pues afecta la aceptación en el mercado. En general, el consumidor prefiere un grano uniforme y translúcido (Zhao et al., 2015). Las preferencias por el tamaño y forma del grano son muy variables y dependen de cada país, región y cultura (Fitzgerald et al., 2009; Calingacion et al., 2014; Concepcion et al., 2015). Es así como en Japón, Corea, norte de China y Sri Lanka prefieren consumir un grano corto. En cambio, en el sur de China, India, Pakistán, Tailandia, y muchos países de África y América prefieren consumir un grano largo y delgado (Calingacion et al., 2014). En este aspecto se puede mencionar que la población chilena prefiere consumir, principalmente, un grano de tipo largo-ancho.

Tamaño y forma del grano

El largo, ancho y grosor del grano son usados para describir las dimensiones físicas del grano, mientras que la forma del grano se expresa mediante la relación largo/ancho (Bao, 2014).

En diversos estudios se ha identificado un amplio número de QTLs que controlan estas características a través del proceso de mapeo de poblaciones biparentales, estudios de asociación del genoma completo ('GWAS, genome-wide association studies') y/o poblaciones naturales (Fan et al., 2006; Luo et al., 2013; Si et al., 2016).

Varios de los genes identificados en los principales QTLs han sido clonados y caracterizados funcionalmente a través de un mapeo fino. Wan et al. (2006) identificaron que el largo del grano era controlado por el gen recesivo *gl-3*. El mapeo genético de este gen sugirió que podía ser el mismo gen que controla el peso del grano, *GS3* (Li et al., 2004). Posteriormente, el gen *GS3* fue clonado (Fan et al., 2006) y se confirmó que controlaba el largo y peso del grano y que, adicionalmente, tenía un efecto menor en la determinación del ancho y espesor del grano (Wan et al., 2006; Takano-Kai et al., 2009). Finalmente, la función de este gen fue confirmada mediante transformación genética (Takano-Kai et al., 2009).

Otros genes identificados son: *GL3* (Hu et al., 2012; Zhang et al., 2012; Qi et al., 2012), *GW2* (Song et al., 2007), *GS2* (Che et al., 2015; Duan et al., 2015; Hu et al., 2015), *GS3* (Fan et al., 2006; Takano-Kai et al., 2013), *GW5* (Weng et al., 2008), *qSW5* (Shomura et al., 2008; Weng et al., 2008), *GS5* (Li et al., 2011), *GS6* (Guo et al., 2009), *GW8* (Xie et al., 2006), *DEP1* (Huang et al., 2009), *SRS1/DEP2* (Abe et al., 2010), *qGL7/qSS7* (Bai et al., 2010; Qi et al., 2012; Shao et al., 2012), *SRS3* (Kitagawa et al., 2010), *SRS5* (Segami et al., 2012), *D2* (Hong et al., 2003), *tgw11* (Oh et al., 2011), *GIF1* (Wang et al., 2008), *GL3* (Hu et al., 2012; Zhang et al., 2012; Qi et al., 2012), *OsSPL16* (Wang et al., 2012). Todos estos genes pueden proveer las bases para la selección asistida y la piramidación de genes en el desarrollo de nuevas variedades.

Recientemente, utilizando la tecnología de edición de genes, se han editado los genes *GS3*, responsables del largo del grano, y el gen *Gn1a* que controla el número de granos en cuatro variedades, lográndose granos más largos y un aumento en el peso de los granos (Fiaz et al., 2019). En forma similar, la edición de los genes *GW2*, *GW5* y *TGW6*, que regulan el peso del grano en forma negativa, produjeron un aumento en el tamaño y el peso de 1.000 granos (Li et al., 2018).

Panza blanca y translucidez del grano

La panza blanca es una característica que afecta negativamente la calidad del grano, la aceptación del arroz por los consumidores (Fitzgerald et al., 2009), el rendimiento industrial, el porcentaje de grano entero (Zhou et al., 2015) y la palatabilidad del grano cocido (Cheng et al., 2005).

El endospermo blanco opaco o con gránulos de almidón blancos, conocido como panza blanca (centro blanco), se debe principalmente a la presencia de un tipo diferente de gránulos de almidón (más largos, anchos, gruesos y pesados) empaquetados en forma diferentes, más suelta y con la presencia de espacios de aire entre ellos, al contrario del endosperma translúcido, donde los gránulos de almidón son más pequeños, tienen forma de poliedro, están fuertemente empaquetados y no presentan espacios de aire entre ellos (Gao et al., 2016; Kaneko et al., 2016; Xi et al., 2016).

Los gránulos opacos de almidón poseen una composición química diferente a las zonas translúcidas. Los granos opacos poseen menor contenido de almidón, proteínas y algunos aminoácidos comparados con los gránulos translúcidos (Xi et al., 2016). Por otro lado, la presencia de endospermo opaco presenta también un comportamiento muy diferente desde el punto de vista físico-químico, morfológico, térmico, de cocción y textura en comparación al endospermo translúcido. En relación a la calidad, las regiones con panza blanca en el grano presentan una menor calidad que se expresa en una baja consistencia de gelatinización, menor aumento de volumen y mayor dureza que las partes transparentes, y con pequeñas diferencias en las propiedades de gelatinización medidas por el 'Rapid Visco Analyzer' (RVA) (Cheng et al., 2005). Esta menor calidad del grano con panza blanca se asociaría, principalmente, a la mayor temperatura de transición y entalpía de gelatinización (ΔH) que la parte translúcida, lo que se traduciría en mayor requerimiento de energía para la gelatinización (Cheng et al., 2005).

La formación del endosperma opaco está determinado por factores genéticos que afectan la formación de almidón y la estructura de los gránulos de almidón, y por condiciones ambientales

particulares especialmente de alta temperatura durante la etapa del llenado del grano (Tabata et al., 2007; Li et al., 2014; Murata et al., 2014; Nevame et al., 2018) y viento seco (Wada et al., 2014).

Altas temperaturas durante la madurez del grano reducen el porcentaje de grano entero, deterioran la apariencia del grano y reducen la palatabilidad debido al aumento de la panza blanca en el grano (Kobayashi et al., 2007; Tabata et al., 2007; Chun et al., 2009). Por ejemplo, temperaturas mayores a 26 °C aumentan la panza blanca y reducen el peso del grano (Tashiro y Wardlaw, 1991). Altas temperaturas durante el día o la noche aceleran el llenado de grano (Cheng et al., 2005), produciendo una mayor activación de los genes que catalizan (utilizan) el almidón, en comparación de aquellos que lo sintetizan (Yamakawa et al., 2007; Ishimaru et al., 2009; Murata et al., 2014; Kaneko et al., 2016; Nakata et al., 2017), reduciendo la calidad culinaria del arroz. Otros estudios han demostrado que las altas temperaturas promueven una reducción del contenido de amilosa y cambios en la estructura de la amilopectina (Cheng et al., 2005), proteínas, aminoácidos y algunos minerales como manganeso, potasio y magnesio (Xi et al., 2016), y una activación de la enzima α -amilasa (Iwasawa et al., 2009; Ishimaru et al., 2009; Nakata et al., 2017), lo que produciría pequeños espacios opacos que se podrían distribuir en diferentes partes del grano, reduciendo su calidad (Tashiro y Wardlaw, 1991).

En general, los arroces que crecen y tienen un llenado de grano en zonas donde predominan las altas temperaturas, presentan una mayor proporción de panza blanca en los granos, en comparación con aquellos que crecen y se desarrollan en zonas templadas (Lyman et al., 2013; Bao, 2014). Otro factor que también incide en esta característica es la presencia de vientos secos durante el proceso del llenado del grano, lo que produce un déficit de agua temporal en la planta e induce la producción de mayor porcentaje de panza blanca (Wada et al., 2014).

La panza blanca se puede presentar en diferentes sectores del grano, reduciendo su transparencia, centro (centro blanco), parte ventral y/o dorsal del grano. La transparencia del grano se evalúa con un instrumento que mide el paso de la luz a través del grano (Bao, 2014). Esta evaluación se puede utilizar para medir el área afectada por panza blanca en el endosperma, el grado de panza blanca en el endosperma, y/o el porcentaje de granos con panza blanca (Gao et al., 2016).

Diversos estudios genéticos han identificado QTLs asociados a panza blanca (Li et al., 2003a; 2003b; Wan et al., 2005; Kobayashi et al., 2007; Tabata et al., 2007; Zhou et al., 2009b; Liu et al., 2012; Mei et al., 2013; Peng et al., 2014; Wada et al., 2014; Sun et al., 2015; Chen et al., 2016; Gao et al., 2016; Zhao et al., 2016). Asimismo, varios genes candidatos han sido mapeados finamente (Zhou et al., 2009a; Guo et al., 2011; Gao et al., 2016; Zhu et al., 2018; Misra et al., 2019) y un gen mayor *chalk5* fue clonado (Li et al., 2014).

Calidad culinaria y de consumo

Se refieren a la facilidad de cocción del arroz, como también a características sensoriales tales como textura, elasticidad, pegajosidad y la sensación a la masticación del arroz cocido. Estas características están controladas por las propiedades físico-químicas del almidón, relacionadas con su contenido aparente de amilosa, la presencia de panza blanca, la temperatura de gelatinización, la consistencia del gel, y también por las propiedades de viscosidad de la pasta, absorción del agua, expansión y elongación del grano cocido.

Los parámetros de consumo, de textura, sabor y aroma son más difíciles de definir y estandarizar, ya que dependen de las preferencias de los consumidores (Cheng et al., 2005; Tian et al., 2005; Bao, 2014; Hsu et al., 2014; Wang et al., 2017). Las características de calidad y consumo del arroz son influenciadas también por factores genéticos y ambientales (Hsu et al., 2014; Misra et al., 2017; Wang et al., 2017).

Características químicas y tecnológicas del grano de arroz

Almidón

El almidón es el componente más importante del grano de arroz, ya que comprende alrededor de un 95 % del peso seco del grano (Fitzgerald et al., 2009) y es un factor determinante en la calidad culinaria y de consumo del grano. El almidón es un carbohidrato compuesto por dos polímeros de glucosa diferentes, amilosa y amilopectina (Li et al., 2015), los cuales influyen en varias propiedades de calidad como viscosidad de la pasta, temperatura de gelatinización, consistencia del gel y textura del grano cocido (Bao, 2012).

Amilosa. Es una molécula moderadamente ramificada que posee entre tres y 11 ramas y una longitud promedio de cadena de unas 200 unidades de glucosa. La síntesis de la amilosa en el grano de arroz está catalizada, principalmente, por la enzima llamada almidón sintasa, unida a gránulos I ('granule-bound-starch-synthase I', GBSSI) y esencial para la elongación de las cadenas largas; las enzimas ramificantes del almidón ('starch branching enzymes', SBEs), importantes en la síntesis de las cadenas cortas de amilosa (Li et al., 2015); y aquellas encargadas de romper las ramificaciones ('debranching enzymes', DBEs) (Fasahat et al., 2014). Otras enzimas que participan en la síntesis de la amilosa son las almidón sintasa, generadas por los genes SS (SSI, SSII, SSIII y SSIV) importantes en la síntesis de amilopectina, aunque su función en la síntesis de amilosa aún no está clara. Además de la enzima GBSSI que controla la producción de amilosa en el grano, existe la enzima GBSSII que está asociada a la síntesis de amilosa en hojas y en otros órganos de la planta que no tienen una función de reserva, como es el caso de la amilosa del grano (Sano, 1984). Estos genes afectan la calidad culinaria del grano de arroz, actuando en diferentes estados del llenado del grano (Sun et al., 2011).

El contenido de amilosa del grano de arroz tiene un profundo impacto en su aceptabilidad y propiedades sensoriales, como la textura del grano cocido. El contenido de amilosa está directamente relacionado con la absorción de agua, el volumen de expansión, la suavidad y la separación de los granos cocidos, e inversamente relacionado con la cohesividad, la blandura, y el brillo del grano (Lapitan et al., 2009; Biselli et al., 2014; Li et al., 2015).

El mayor contenido de amilosa está asociado también a una mayor resistencia a la fermentación del almidón, cuyo proceso se realiza en el intestino grueso del hombre, lo cual tiene varios efectos positivos en la salud, como la reducción del índice de glucosa (Fitzgerald et al., 2011). En este aspecto, se ha detectado una amplia variabilidad genética asociada al índice glicémico y varios alelos tienen una influencia diferencial en el nivel del índice glicémico. Esta situación podría permitir seleccionar genotipos y desarrollar variedades que contribuyan a mantener un bajo índice glicémico, basado en el contenido de amilosa y otras características químicas del grano (Atkinson et al., 2008; Fitzgerald et al., 2011), como el contenido de fibra dietética soluble, y tamaño y forma de las partículas de almidón. Es así como, el consumo de arroz con mayor contenido de amilosa, fibra soluble en el grano, y el uso de un tipo de cocción que no facilite la liberación del almidón, podría favorecer la mantención de un menor índice glicémico (Boers et al., 2015).

La cuantificación del contenido de amilosa es compleja, debido a que la amilosa y la amilopectina no presentan una estructura molecular única, sino varias clases de moléculas, por lo tanto, el contenido de amilosa se mide como el contenido aparente de amilosa (Fasahat et al., 2014). Variedades con el mismo contenido aparente de amilosa pueden tener propiedades culinarias y de consumo muy diferentes. Esta situación se acentúa, pues la calidad culinaria es una característica compleja determinada por múltiples factores genéticos y ambientales (Fasahat et al., 2014).

Basado en el contenido de amilosa, los granos de arroz se pueden clasificar en: granos cerosos con un contenido de amilosa entre 0 y 2 %; variedades con muy bajo contenido de amilosa (2-

a 10 %); variedades con contenido bajo (10 a 20 %), medio (20 a 25 %) y alto (> 25 %) (Juliano, 1992). Las variedades de arroz tipo *indica* se caracterizan por tener alto porcentaje de amilosa (> 25 %) siendo arroces secos, duros y con granos que se separan y endurecen fácilmente después de cocidos. Granos de variedades con porcentajes intermedios de amilosa (20 a 25 %) son blandos, pero no pegajosos (Juliano, 1971). Las variedades de tipo *japonica* se caracterizan por presentar bajo contenido de amilosa, granos más blandos, de mayor cohesión, más pegajosos y cremosos. Las variedades con bajo y muy bajo contenido de amilosa son pegajosas (Fasahat et al., 2014; Biselli et al., 2014).

La cantidad y calidad del almidón determina también usos bien específicos. Por ejemplo, las variedades *indica* con alto contenido de amilosa se utilizan, generalmente, para la fabricación de fideos, mientras que las variedades *japonica* no se pueden usar en este proceso por sí solas y se deben usar en mezcla para ajustarse a la textura de los fideos, debido a que el almidón de las variedades *japonica* presenta una lenta tasa de retrogradación, aunque posea un contenido de amilosa similar a las variedades *indica* (Lu et al., 2009).

El menor y mayor contenido de amilosa en el grano se puede explicar por la presencia de diferentes secuencias en el ADN; por ejemplo, las variedades con bajo contenido de amilosa poseen la secuencia AGTTATA y las variedades intermedias y altas la secuencia AGGTATA (Ayres et al., 1997). Sin embargo, esta diferencia en las secuencias de ADN no permite distinguir las variedades con un contenido intermedio de aquellas que poseen alto contenido de amilosa (Dobo et al., 2010).

El contenido de amilosa es una característica compleja que está controlada, principalmente, por el gen ceroso (*waxy*, *Wx*) que codifica al almidón sintasa unido al gránulo (GBSS) (Wang et al., 1995; Smith et al., 1997; He et al., 1999). El gen *Wx* está formado por 14 exones y 13 intrones (Wang et al., 1990). En este contexto, se han identificado también otros genes/QTLs (regiones del genoma) menores que estarían influyendo en el contenido de amilosa (Tan et al., 1999; He et al., 1999; Aluko et al., 2004; Zheng et al., 2008; Misra et al., 2017; Wang et al., 2017). Estudios recientes han demostrado que es posible manipular (editar) el gen responsable de la síntesis de la amilosa (*Wx*) en arroz, con el objetivo de alterar el contenido de amilosa en el grano, ya sea reduciendo su contenido (Terada et al., 2000; Zhang et al., 2011; Ma et al., 2015; Zhang et al., 2017; 2018) o aumentándolo (Sun et al., 2017).

El gen ceroso (*Wx*) posee varios alelos, Wx^a , Wx^b , que están asociados a diferentes tipos de arroz. Es así como el tipo *indica* que tiene 25 % de amilosa, posee el alelo Wx^a , en cambio el tipo *japonica*, que tiene 15 %, posee el alelo Wx^b (Sano, 1984). Las diferencias entre ambos tipos de arroz se ven reflejadas también en el contenido de almidón, tamaño del grano, entre otras características (Biselli et al., 2014). Plantas con el alelo Wx^a pueden acumular más proteínas en el endosperma durante el llenado del grano que las plantas con el alelo Wx^b (Mikami et al., 2000; Cai et al., 2000). Por otro lado, varios estudios han determinado la presencia de otros alelos en el gen *Wx*, como alelo el Wx^{op} en variedades *indica* de India, Nepal, Indonesia y China, que presentan un grano opaco, con panza blanca y contenido bajo en amilosa. También el alelo wx presente sólo en las variedades cerosas (Mikami et al., 2008), el alelo Wx^{in} presente en las variedades *aromatica* y *japonica* tropical con un contenido intermedio de amilosa (Dobo et al., 2010), y otros como Wx^{mq} (Sato et al., 2002) y Wx^{hp} (Liu et al., 2009a). Por otro lado, Teng et al (2012) reportaron la presencia de cinco alelos Wx , Wx^1 , Wx^{q1} , Wx^{q2} , y Wx^{q3} , que estarían asociados a arroces glutinosos y con bajo, intermedio y alto (I y II) contenido de amilosa aparente, respectivamente.

Un estudio reciente determinó que, durante el proceso de domesticación del arroz asiático, el alelo Wx^{lv} se habría originado directamente del haplotipo (Wx^{lv-w}) del arroz silvestre, debido al proceso de selección artificial o un nuevo proceso de domesticación, el que luego se dividió en diferentes haplotipos. Es así como los primeros alelos que aparecieron en el arroz tipo *japonica* fueron Wx^b y Wx^{in} , los que se originaron temprano en el proceso de domesticación del haplotipo Wx^{lv} -I. Por el contrario, los alelos Wx^a y Wx^{op} fueron seleccionados más tarde y se derivaron de los

haplotipos Wx^{lv-II} y Wx^{lv-IV} , respectivamente. Luego, una mutación nula en el alelo Wx^b del arroz *japonica* produjo el arroz glutinoso; sin embargo, esta misma mutación está presente en el arroz tipo *indica*, lo que confirma la presencia de introgresión desde *japonica* a *indica*. Finalmente, se plantea que el alelo Wx^{mp} se habría originado del alelo Wx^b (Zhang et al., 2019).

La distribución geográfica de estos alelos del gen de la amilosa señala que Wx^{lv} y Wx^{in} estarían asociados a las regiones tropicales, mientras que los alelos Wx^a y Wx^b estarían distribuidos en las zonas templadas. Además, el alelo Wx^b se distribuiría en las zonas de altura tales como el norte de China y Japón, mientras que el alelo Wx^a está asociado a áreas de mediana altura como el centro y el sur de China. Por ello, Wx^b habría sido seleccionado en las poblaciones de arroz *japonica* en regiones templadas, mientras el grupo *japonica* tropical mantuvo el alelo Wx^{in} , el arroz tipo *indica* el Wx^a y el arroz tipo *aus* mantuvo el alelo ancestral Wx^{lv} . El alelo Wx^{lv} afecta en forma importante las propiedades sensoriales del arroz, modulando el tamaño de las moléculas de amilosa (Zhang et al., 2019).

Amilopectina. Es un polímero de glucosa altamente ramificado, con un alto número de ramas cortas y de alto peso molecular (Juliano, 1971). La amilopectina juega un rol fundamental en la calidad del arroz, puesto que está asociada al proceso de gelatinización, temperatura de gelatinización de la pasta, pegajosidad y facilidad de retrogradación (Lii et al., 2004).

La amilopectina es sintetizada al menos por cuatro tipos de enzimas: la enzima almidón sintasa (SS): la enzima ramificante del almidón (BEs), la enzima desramificante del almidón (DBEs) y la enzima almidón fosforilasa (Pho), todas las cuales poseen múltiples isoformas (Tian et al., 2009), y algunas de ellas forman complejos activos con proteínas (Crofts et al., 2015).

Temperatura de gelatinización

La temperatura de gelatinización es una propiedad fisicoquímica que refleja directamente la calidad culinaria del arroz en términos del tiempo y la energía requerida para la cocción del arroz (Tian et al., 2005; Bao, 2014). La temperatura de gelatinización es el rango de temperatura donde al menos 90 % de los gránulos de almidón se hinchan irreversiblemente en agua caliente, con pérdida de su cristalinidad y birrefringencia (Martínez y Cuevas, 1989). La temperatura de gelatinización está altamente correlacionada con el valor de dispersión en álcali que refleja la facilidad de desintegración del arroz pulido en hidróxido de potasio diluido, donde el mayor grado de dispersión está asociado a una menor temperatura de gelatinización (Tian et al., 2005).

La temperatura de gelatinización varía entre 55 y 85 °C. Es un indicador del tiempo de cocción del arroz y se relaciona con la absorción de agua, el volumen de expansión y la elongación del grano cocido (Tian et al., 2005). La temperatura de gelatinización del arroz se puede clasificar como baja (63 a 68 °C), intermedia (69 a 73 °C) y alta (74 a 80 °C) (Martínez y Cuevas, 1989). Los arroces con alta temperatura de gelatinización se elongan menos, requieren más agua y tiempo de cocción que aquellos que poseen una temperatura de gelatinización baja o intermedia.

En general, el arroz *japonica* tiene un menor valor de gelatinización que las variedades de arroz tipo *indica*, debido a la constitución de su amilopectina (Sun et al., 2011). El alto contenido de amilosa y temperatura de gelatinización pueden conferir beneficios nutricionales y para la salud, los que estarían asociados a la baja digestión de la amilosa en el intestino (Wang et al., 2015).

El gen ceroso (*Wx*) afecta la temperatura de gelatinización (Tan et al., 1999; Waters et al., 2006) aunque ésta está controlada, principalmente, por el gen *alk* (*alkali degeneration locus*) que codifica a la enzima almidón sintasa soluble IIa ('soluble starch synthase IIa', SSIIa) (Umamoto et al., 2002; He et al., 2006; Wang et al., 2007), con presencia de polimorfismos, genes modificadores (Aluko et al., 2004; Fan et al., 2006), otros genes relacionados con la síntesis de almidón (Bao et al., 2002; Tian et al., 2009) y otros factores, como la presencia de panza blanca que aumenta la energía requerida para la gelatinización (Cheng et al., 2005). El gen *alk* fue clonado (Gao et al., 2003) y su expresión

fue confirmada por medio de transformación genética (Gao et al., 2011). Aunque la temperatura de gelatinización es controlada por el gen *alk*, este gen menor también afecta en el contenido de amilosa y la consistencia del gel. Paralelo a esta situación se han identificado también varios QTLs asociados a la temperatura de gelatinización (Tian et al., 2005; Wang et al., 2017).

Textura

La textura del grano cocido es afectada por varios factores; entre ellos, el contenido aparente de amilosa (Juliano, 2003) y algunos procesos de poscosecha (Champagne et al., 2004), como la tasa de molinado (Park et al., 2001) y los métodos de cocción (Leelayuthsoontorn y Thipayarat, 2006).

Una manera indirecta de evaluar la textura del grano es a través del contenido aparente de amilosa, dada la importancia del gen *Waxy* (Tian et al., 2009; Su et al., 2011), aunque existen también genes menores/QTLs asociados a esta característica (Tian et al., 2009; Sun et al., 2011; Wang et al., 2017). Sin embargo, la consistencia del gel puede ser una medida más adecuada para evaluar la textura del grano, debido a que el mayor determinante de la consistencia del gel es la amilopectina (Tian et al., 2009). La consistencia del gel expresa la tendencia del arroz cocido a endurecerse cuando se enfría. Se puede clasificar en consistencia dura (27-35 mm), media (36-49 mm), suave o blanda (> 50 mm) (Bao, 2014). El flujo del gel es inversamente proporcional a la consistencia del gel. El mayor largo del gel corresponde a la categoría suave, en tanto que el corto a la consistencia dura (Martínez y Cuevas, 1989). La consistencia del gel es afectada también por el contenido de proteínas, lípidos, período de almacenaje del grano antes del procesamiento, y también por el tamaño de las partículas de la harina.

La investigación reciente ha demostrado que la estructura molecular del almidón (distribución y largo de las ramas) está asociada a la textura (dureza y glutinosidad) del grano cocido, independientemente del contenido de amilosa. Es así como las variedades de arroz que poseen menores pesos moleculares y mayores proporciones de cadenas largas de amilosa, tienen una textura más dura después de la cocción, en comparación a aquellas que poseen pesos moleculares mayores de amilosa y una mayor proporción de cadenas más cortas (Li et al., 2017). Adicionalmente se ha determinado que el contenido de amilopectina y las cadenas cortas de amilopectina están positivamente correlacionadas con la glutinosidad del arroz cocido, en un amplio rango de contenidos de amilosa (Li et al., 2017).

La glutinosidad aumenta con la reducción del contenido de amilosa en el grano y con un incremento de la cantidad de amilopectina en la solución, proporción de cadenas cortas de amilopectina y de menor peso molecular (Li et al., 2016). Es así como una variedad glutinosa, después de la cocción, liberará al agua más amilopectina con cadenas cortas y de mayor peso molecular que una variedad menos glutinosa que liberará más amilosa y poseerá una textura más dura (Li et al., 2016).

Viscosidad de la pasta

El gen *Wx* está fuertemente involucrado en la viscosidad de la pasta (Bao et al., 2000; Wang et al., 2007; Zheng et al., 2012). La viscosidad de la pasta se mide generalmente con el viscosímetro 'Rapid Visco-Analyser' (RVA) y puede ser usado para diferenciar la calidad de los arroces que poseen similar contenido de amilosa. El RVA simula el proceso de cocción del arroz y mide la facilidad de ruptura de los gránulos hinchados de almidón. De esta manera, indica el grado de estabilidad de los gránulos durante el proceso de cocción (Bao, 2014).

El RVA mide las siguientes propiedades: ruptura de la viscosidad (BDV), la viscosidad máxima alcanzada (PV) y la viscosidad de la masa (TV). La ruptura de la viscosidad tiene una correlación directa con la consistencia del gel. La retrogradación (SBV) se calcula como la diferencia entre la

viscosidad final (FV) y la viscosidad máxima, y exhibe el grado de retrogradación o dureza de la pasta de almidón después de enfriarse. Un SBV bajo está relacionado con la blandura y buena calidad sensorial del arroz cocido. Es así que un arroz de buena calidad, debe tener un BDV alto y SBV y FV bajos (Yan et al., 2005).

El RVA revela información funcional que resulta complementaria a aquella proporcionada por la evaluación del contenido de amilosa, ya que el proceso de calentamiento del almidón en presencia de agua, está directamente relacionada con la calidad de la cocción y, con ello, con la percepción de la calidad sensorial del arroz. El uso de esta tecnología permite evaluar los genotipos durante su proceso de selección y asegurar que la calidad de las nuevas variedades sean las que demanda el mercado.

Aroma

Se han identificado varios compuestos químicos responsables del aroma del grano en arroz, siendo el más importante el 2-acetil-1-pirrolina (2AP) (Buttery et al., 1983; 1988; Gaur et al., 2016; Wakte et al., 2017). Los altos niveles de 2AP se deben a una deficiencia en el exón 7 (Bradbury et al., 2005) o exón 2 (Shi et al., 2008) del gen que codifica la enzima betaína-aldehído deshidrogenasa (BADH2), lo que produce una acumulación de 2AP, que es el responsable del aroma (Bradbury et al., 2005; 2008).

El gen responsable del aroma en arroz Basmati y Jasmine es *BADH2* (Bradbury et al., 2005), sin embargo, se han identificado otros alelos (He y Park, 2015; Bindusree et al., 2017) y otros genes en diferentes variedades (Amarawathi et al., 2008; Fitzgerald et al., 2008). La edición del gen *Badh2* resultó en un aumento en la cantidad de 2AP y en la fragancia en el arroz (Shan et al., 2015).

Otras características

Otros parámetros, como la absorción de agua, volumen y elongación de expansión del grano cocido, también son utilizados como criterios de calidad del grano de arroz cocido. En este sentido, también se han identificado algunos QTLs relacionados con la elongación del grano (Rani et al., 2011) y con la absorción de agua y expansión del grano (Tian et al., 2005).

Composición química

El arroz es el alimento básico predominante para muchos países de Asia y el Pacífico, de América del Norte y del Sur y de África. Este cereal proporciona 20 % del suministro de energía alimentaria del mundo (FAO, 2004).

En el mundo se produce y consume una amplia variedad de tipo de arroces, entre los cuales se pueden mencionar: blanco pulido, integral, rojo, púrpura-negro (Cuadro 2).

El mayor contenido de proteínas lo presentan los granos de colores negro-púrpura, seguido del arroz rojo, integral y blanco pulido, respectivamente (Cuadro 2). El arroz rojo tiene un mayor contenido de minerales, seguido de los arroces negro-púrpura. El contenido de zinc es mayor también en el arroz rojo, a diferencia del contenido de fibra que es mayor en el arroz negro (Cuadro 2).

Cuadro 2. Composición química (g) en varios tipos de arroz, basado en 100 gramos.

Tipo	Proteína (g)	Hierro (g)	Zinc (g)	Fibra (g)
Blanco pulido	6,8	1,2	0,5	0,6
Integral	7,9	2,2	0,5	2,8
Rojo	7,0	5,5	3,3	2,0
Púrpura	8,3	3,4	2,2	1,4
Negro	8,5	3,5	-	4,9

Fuente: FAO, 2004.

Principales fracciones del grano

La elaboración del arroz con cáscara entrega diferentes fracciones como el arroz integral, arroz pulido, salvado, harinilla y cáscara. Este procedimiento rinde aproximadamente 20 % de cascarilla, 10 a 12 % de pulido (salvado y harinilla), y 65 a 70 % de endosperma. El arroz elaborado puede tener un rendimiento de 50 a 65 % de grano entero; el pulido puede alcanzar entre 10 y 12 % (afrecho 3 %, harinilla 5 a 8 %, y germen 2 %); los granos quebrados entre 15 y 20 %; y las puntillas 2 %, dependiendo de las condiciones climáticas, genéticas, agronómicas e industriales.

El proceso de elaboración involucra dos procesos (blanqueadora 1 y blanqueadora 2 o pulido). En el primer proceso se eliminan las capas correspondientes al pericarpio, tegumento y alguna parte del germen, dando origen al subproducto conocido como salvado o afrechillo. En el segundo proceso se eliminan las capas que quedan adheridas al grano y la aleurona, dando origen al subproducto conocido como pulido. El salvado o afrechillo y el pulido pueden mantenerse separados o juntos en un solo producto, dependiendo de la empresa.

El análisis químico de cada producto y subproducto señala que los principales componentes de la cáscara son la fibra cruda (41,1 %) y el extracto no nitrogenado (29,2 %). El salvado presenta un buen porcentaje de proteínas (12,5 %), grasa (13,1 %), fibra cruda (12,5 %) y un 42,0 % de extracto no nitrogenado. El pulido posee también un alto contenido de proteínas (12,5 %), grasa (11,2 %) y extracto no nitrogenado (56,1 %). Finalmente, en el arroz sin cáscara se encuentra un contenido de proteína de 8,4 % y un contenido no nitrogenado de 76,3 % (Cuadro 3).

Cuadro 3. Composición química del arroz y sus subproductos.

Composición química	Arroz y subproductos			
	Cáscara	Salvado con germen	Pulido	Arroz sin cáscara
Materia seca (%)	92,4	90,8	90,4	88,2
Proteína, N×6,25 (%)	2,8	12,5	12,5	8,4
Grasa (%)	0,8	13,1	11,8	1,7
Fibra cruda (%)	41,1	12,5	3,2	0,9
Extracto no nitrogenado (%)	29,2	42,0	56,1	76,3
Cenizas (%)	18,4	10,8	6,9	1,0

Fuente: Gómez, 1978.

La proteína de almacenaje del grano de arroz está constituida por cuatro fracciones: albúminas (9 a 11 %), globulina (7 a 15 %), prolamina (2 a 4 %) y glutelina (80 %) de acuerdo a su diferente solubilidad (Chen et al., 2018). La glutelina es el mayor componente de la proteína y está concentrada, principalmente, en el salvado. Es de más fácil digestión y posee mayor contenido de lisina, en comparación con la prolamina que representa un 5 % y está distribuida ampliamente en los diferentes componentes del grano (Yamagata et al., 1982).

El contenido de la proteína es una característica que se hereda en forma cuantitativa y está afectada por el medio ambiente (Shewry, 2007). No obstante, es importante mencionar que se han detectado QTLs para contenido de proteínas, (*qPC1*) que han sido funcionalmente caracterizados (Peng et al., 2014), y un QTL (*qCFC5*) para el contenido de grasa cruda (Liu et al., 2009b; Qin et al., 2010) y su expresión (Wang et al., 2008).

Productos y subproductos

Por otro lado, el análisis comparativo de la composición química del arroz paddy, integral, elaborado, salvado y cáscara, señala que el salvado posee el máximo contenido energético y proteico, seguido del arroz integral, arroz pulido y cáscara. Considerando la composición química, el arroz integral posee un mayor contenido energético, proteico, fibra y grasa, pero un menor contenido de carbohidratos, comparado con el arroz pulido. La comparación entre el arroz elaborado (pulido) e integral señala que el arroz integral posee mayor porcentaje de proteína, grasa, fibra y energía (Cuadro 4).

Cuadro 4. Composición química de diferentes fracciones del grano de arroz (14% humedad).

Composición	Fracciones				
	Arroz paddy	Arroz integral	Arroz elaborado	Salvado	Cáscara
Proteína cruda N×5,95 (g)	5,8-7,7	7,1-8,3	6,3-7,1	11,3-14,9	2,0-2,8
Grasa cruda (g)	1,5-2,3	1,6-2,8	0,3-0,5	15,0-29,7	0,3-0,8
Fibra cruda (g)	7,2-10,4	0,6-1,0	0,2-0,5	7,0-11,4	34,5-45,9
Ceniza cruda (g)	2,9-5,2	1,0-1,5	0,3-0,8	6,6-9,9	13,2-21,0
Carbohidratos (g)	64,0-73,0	73,0-87,0	77,0-89,0	34,0-62,0	22,0-34,0
Energía (kcal)	378	363-385	349-373	399-373	265-332
Densidad (g mL ⁻¹)	1,17-1,23	1,31	1,44-1,46	1,16-1,29	0,67-0,74

Fuente: Juliano, 1993.

La comparación del arroz blanco e integral crudo y cocido permite indicar que el arroz no posee colesterol. Existen sólo pequeñas diferencias en el contenido de proteínas e hidratos de carbono y sí se observa una mayor diferencia en el contenido de lípidos totales al comparar el arroz blanco e integral cocido (Cuadro 5).

Cuadro 5. Composición química del arroz blanco e integral crudo y cocido.

Composición	Arroz blanco	Arroz blanco cocido	Arroz integral	Arroz integral cocido
Energía (kcal)	370	130	367	112
Humedad (g)	10,5	68,4	11,8	73,0
Cenizas (g)	0,5	0,4	1,2	0,4
Proteínas (g)	6,8	2,7	7,5	2,3
H. de C disponibles (g)	78,9	27,8	72,7	21,7
Azúcares totales (g)	s/i	0,1	0,7	s/i
Lípidos totales (g)	0,6	0,3	3,2	0,8
Ácidos grasos saturados (g)	0,11	0,08	0,59	0,17
Ácidos grasos mono-insaturados (g)	0,20	0,09	1,05	0,30
Ácidos grasos poli-insaturados (g)	0,20	0,08	1,00	0,30
Ácidos grasos trans (g)	s/i	s/i	s/i	s/i
Colesterol (mg)	0,0	0,0	0,0	0,0

Fuente: Departamento de Agricultura de U.S.A. (USDA), Servicio de Investigación Agrícola. Base de datos composición de los alimentos. s/i: sin información.

Vitaminas y minerales

El mayor contenido de vitaminas del grupo B se concentra en el salvado al igual que el tocoferol (vitamina E). Situación similar ocurre cuando se compara el arroz integral con el arroz elaborado. La mayor concentración de calcio, hierro, zinc y fósforo se encuentra en el salvado, seguido del arroz integral (Cuadro 6).

Cuadro 6. Contenido de vitaminas y minerales de diferentes fracciones del grano de arroz. (14 % Humedad).

Vitaminas/minerales	Fracciones				
	Arroz paddy	Arroz integral	Arroz elaborado	Salvado	Cáscara
Tiamina, Vit B ₁ (mg)	0,26-0,33	0,29-0,61	0,02-0,11	1,20-2,40	0,09-0,21
Riboflavina Vit B ₂ (mg)	0,06-0,11	0,04-0,14	0,02-0,06	0,18-0,43	0,05-0,07
Niacina (mg)	2,9-5,6	3,5-5,3	1,3-2,4	26,7-49,9	1,6-4,2
α-Tocoferol (mg)	0,90-2,00	0,90-2,50	0,0-0,3	2,60-13,3	0
Calcio (mg)	10,0-80,0	10,0-50,0	10,0-30,0	30,0-120,0	60,0-130
Hierro (mg)	1,4-6,0	0,2-5,2	0,2-2,8	8,6-43,0	3,9-9,5
Zinc (mg)	1,7-3,1	0,6-2,8	0,6-2,3	4,3-25,8	0,9-4,0
Fósforo (mg)	0,17-0,39	0,17-0,43	0,08-0,15	1,1-2,5	0,03-0,07

Fuente: Juliano, 1993.

El contenido de vitaminas en el arroz blanco e integral crudo y cocido indica que el arroz no posee vitaminas A, C, D y B₁₂ (Cuadro 7). La comparación entre el arroz blanco e integral cocido señala que

el arroz integral posee una mayor cantidad de diferentes tipos de vitaminas. El arroz integral posee vitaminas E, K, B₁ y B₂, las que están ausentes en el arroz blanco. El contenido de niacina, vitamina B₆, ácido pantoténico y folatos es mayor en el arroz integral en comparación al arroz blanco (Cuadro 7).

Cuadro 7. Contenido de vitaminas del arroz blanco e integral crudo y cocido.

Composición	Arroz blanco	Arroz blanco cocido	Arroz integral	Arroz integral cocido
Humedad (g)	10,5	68,4	11,8	73,0
Vitamina A (µg EAR)	0,0	0,0	0,0	0,0
Vitamina C (mg)	0,0	0,0	0,0	0,0
Vitamina D (µg)	0,0	0,0	0,0	0,0
Vitamina E (mg ET)	s/i	0,0	0,6	s/i
Vitamina K (µg)	s/i	0,0	0,6	s/i
Vitamina B ₁ (mg)	s/i	0,0	0,5	0,1
Vitamina B ₂ (mg)	0,1	0,0	0,1	0,0
Niacina (mg EN)	2,1	0,4	6,5	1,3
Vitamina B ₆ (mg)	0,1	0,1	0,5	0,1
Ácido pantoténico (mg)	0,8	0,4	1,1	0,4
Vitamina B ₁₂ (µg)	0,0	0,0	0,0	0,0
Folatos (µg EFA)	7,0	3,0	23,0	4,0

Fuente: Departamento de Agricultura de U.S.A. (USDA), Servicio de Investigación Agrícola. Base de datos composición de los alimentos. s/i: Sin información.

La comparación del contenido de minerales en el arroz blanco e integral crudo y cocido permite señalar que el producto crudo posee un mayor nivel de minerales que el producto cocido. La comparación del arroz integral cocido posee un mayor contenido de minerales que el arroz blanco cocido, con excepción del calcio (Cuadro 8).

Cuadro 8. Contenido de minerales del arroz blanco e integral crudo y cocido.

Composición	Arroz blanco	Arroz blanco cocido	Arroz integral	Arroz integral cocido
Humedad (g)	10,5	68,4	11,8	73,0
Sodio (mg)	7,0	1,0	5,0	1,0
Potasio (mg)	77,0	35,0	250,0	79,0
Calcio (mg)	11,0	10,0	9,0	10,0
Fósforo (mg)	71,0	43,0	311,0	77,0
Magnesio (mg)	23,0	12,0	116,0	44,0
Hierro (mg)	1,6	0,2	1,3	0,5
Zinc (mg)	1,2	0,5	2,1	0,6
Cobre (mg)	0,2	0,1	0,3	0,1
Selenio (µg)	15,1	7,5	17,1	s/i

Fuente: Departamento de Agricultura de U.S.A. (USDA), Servicio de Investigación Agrícola. Base de datos composición de los alimentos. s/i: sin información.

El arroz integral puede ser una fuente importante de vitaminas y minerales; sin embargo, al pulir el arroz varios componentes nutricionales tales como la fibra dietética, vitaminas y fenoles son eliminados, reduciendo el valor nutritivo del arroz.

La deficiencia de hierro y zinc en la alimentación de la población basada en arroz, ha llevado a algunos programas de mejoramiento de arroz a desarrollar variedades con alto contenido de hierro y zinc (biofortificación) para mejorar la salud de la población (Nakandalage et al., 2016).

La información disponible permite señalar que existen diferencias genéticas en el contenido de minerales en arroz (Anandan et al., 2011; Jagadeesh et al., 2013). Sin embargo, existen escasos trabajos que hayan determinado los genes responsables de estas características.

Aminoácidos

Entre los aminoácidos analizados, la leucina, fenilalanina+tirosina y valina presentan un contenido más homogéneo al comparar todas las fracciones. El contenido de aminoácidos del arroz integral y del arroz pulido es bastante similar (Cuadro 9). La deficiencia de vitamina A en arroz llevó a desarrollar el arroz dorado en algunos programas de mejoramiento genético (Ye et al., 2000; Paine et al., 2005; Bouis y Saltzman, 2017; Giuliano, 2017).

Cuadro 9. Contenido de aminoácidos en fracciones del grano de arroz, humedad (14 %).

Aminoácidos	Fracciones				
	Arroz paddy	Arroz integral	Arroz elaborado	Salvado	Cáscara
Histidina	1,5 - 2,8	2,3 - 2,5	2,2 - 2,6	2,7 - 3,3	1,6 - 2,0
Isoleucina	3,0 - 4,8	3,4 - 4,4	3,5 - 4,6	2,7 - 4,1	3,2 - 4,0
Leucina	6,9 - 8,8	7,9 - 8,5	8,0 - 8,2	6,9 - 7,6	8,0 - 8,2
Lisina	3,2 - 4,7	3,7 - 4,1	3,2 - 4,0	4,8 - 5,4	3,8 - 5,4
Metionina +Cisteína	4,5 - 6,2	4,4 - 4,6	4,3 - 5,0	4,2 - 4,8	3,5 - 3,7
Fenilalanina +Tirosina	9,3 -10,5	8,6 - 9,3	9,3 -10,4	7,7 - 8,0	6,6 - 7,3
Treonina	3,0 - 4,5	3,7 - 3,8	3,5 - 3,7	3,8 - 4,2	4,2 - 5,0
Triptófano	3,0 - 4,5	3,7 - 3,8	3,5 - 3,7	3,8 - 4,2	4,2 - 5,0
Valina	4,6 - 7,0	4,8 - 6,3	4,7 - 6,5	4,9 - 6,0	5,5 - 7,5

Fuente: Juliano, 1993.

Estudios genéticos tendientes a identificar genes asociados a estas características, han detectado algunos QTLs responsables de la variación en el contenido de aminoácidos (Mahender et al., 2016; Bruno et al., 2017) y algunos minerales como zinc y hierro (Lu et al., 2008; García-Oliveira et al., 2008; Norton et al., 2010; Anuradha et al., 2012), arsénico, cadmio, y selenio (Norton et al., 2010) y también el efecto genético y ambiental en la reducción de la acumulación de algunos minerales en el grano (Du et al., 2013; Tang et al., 2017).

Compuestos fenólicos

La información disponible permite indicar que los compuestos fenólicos poseen efectos beneficiosos para la salud, debido a la presencia de antioxidantes naturales (Meléndez-Martínez

et al., 2004; Zhang et al., 2006; Goufo y Trindade, 2014). Normalmente las células del cuerpo humano están expuestas a oxidantes provenientes de fuentes internas y externas, por lo que los antioxidantes participan para mantener el equilibrio entre estos compuestos. El desbalance de este equilibrio produce el estrés oxidativo que causa daño en las células y los tejidos, originando productos tóxicos que pueden afectar a procesos metabólicos y genéticos importantes. Entre ellos figuran la expresión de los genes, la actividad enzimática y la interrupción del mecanismo normal de la reparación de las células, lo que finalmente aumenta el riesgo de un envejecimiento prematuro y de contraer enfermedades cardiovasculares, diabetes y cáncer (Nam et al., 2005; Shao y Bao, 2015).

En este contexto, el grano de arroz puede contribuir positivamente a la salud humana, debido a la presencia de polifenoles, minerales, fibra, vitaminas y otros fitoquímicos (Min et al., 2011; Goufo y Trindade, 2014). En el arroz se han detectado varios compuestos con actividad antioxidante tales como tocoferol, tocotrienol y oryzanol (Iqbal et al., 2005). El contenido de fenoles está controlado por factores genéticos y de manejo del grano. Entre los factores genéticos, el color del pericarpio (Hu et al., 2003; Zhou et al., 2004; Min et al., 2011) como el del grano influyen en el tipo y contenido de fenoles (Goffman y Bergman, 2004; Shao et al., 2014). Es así como el grano con un color de pericarpio claro presenta principalmente fenoles de bajo peso molecular, como el ácido ferúlico y cumárico (Goffman y Bergman, 2004; Zhou et al., 2004), a diferencia de aquellos granos que poseen pericarpio rojo o negro, donde prevalecen los fenoles con mayor peso molecular, como la cianidina y peonidina (Oki et al., 2002; Hu et al., 2003; Goffman y Bergman, 2004; Zhang et al., 2006). En granos con pericarpio rojo existe una alta correlación entre actividad antioxidante y contenido de proantocianidinas, pero en el caso de granos con pericarpio negro la correlación depende del contenido de antocianos (Oki et al., 2002; Shao et al., 2018). Generalmente, los granos con pericarpio rojo o negro presentan una mayor actividad antioxidante que aquellos granos con un pericarpio café claro (Nam et al., 2005). Por otro lado, las variedades de arroces tipo *japonica* poseen mayor contenido de fenoles que las variedades *indica* (Heuberger et al., 2010; Zhang et al., 2010; Huang y Ng, 2011).

Además de las características genéticas, el contenido de fenoles en la planta es afectado negativamente por el pulido del grano (Zhou et al., 2004), germinación del grano (Goffman y Bergman, 2004) y alta temperatura de almacenaje del grano (Tananuwong y Tangsrianugul, 2013). El pulido del grano reduce significativamente la concentración de fenoles en el grano, ya que los tegumentos contienen entre 70 y 90 % de los ácidos fenólicos totales del grano (Zhou et al., 2004), y aproximadamente 85 % de antocianos en los arroces negros (Hu et al., 2003).

Existen dos genes (*Rc* y *Rd*) responsables del color del pericarpio del grano en arroz (Sweeney et al., 2006; Furukawa et al., 2007). El gen *Rc* es responsable por el color crema del pericarpio y la cáscara del grano y, en conjunto con *Rd*, producen el color rojo del pericarpio y de la cáscara del grano. El gen *Rd* por sí sólo no tiene un fenotipo definido. El gen *Rc* codifica una proteína que permite la acumulación de proantocianidinas (Sweeney et al., 2006), mientras que el gen *Rd* produce una proteína que está involucrada en la ruta de la producción de antocianinas y proantocianidinas (Furukawa et al., 2007). En este aspecto, Yoshimura et al. (1997) identificaron dos loci *Pb* (*Prp-b*) y *Pp* (*Prp-a*) que producen el color negro del pericarpio, donde se sugiere que el gen *Pb* puede ser un mutante del gen *Ra* (Wang y Shu, 2007).

En resumen, el arroz es una fuente rica de carbohidratos y de algunas vitaminas como tiamina, riboflavina y niacina. Sin embargo, el grano pulido posee un bajo contenido de minerales como hierro, zinc y calcio, comparado con otros cereales y legumbres. El tegumento del grano de arroz es una fuente importante de proteínas, vitaminas, minerales, compuestos antioxidantes y fitoesteroles, por lo cual tiene un alto potencial para la industria de alimentos. El arroz integral provee más minerales, vitaminas, fibra y fenoles que el arroz pulido (Bao, 2014; Mahender et al., 2016).

Como el arroz no proporciona todos los nutrientes necesarios para una alimentación adecuada, es recomendable combinarlos con otros alimentos de origen animal y vegetal, como hortalizas y leguminosas de grano, para complementar los nutrientes y obtener una buena alimentación.

Referencias

- Abe, Y., Mieda, K., Ando, T., et al. 2010. The *SMALL AND ROUND SEED 1 (SRS1/DEP2)* gene is involved in the regulation of seed size in rice. *Genes Genet. Syst.* 85:327-339.
- Aluko, G., Martínez, C., Tohme, J., et al. 2004. QTL mapping of grain quality traits from the interspecific cross *Oryza sativa* x *O. glaberrima*. *Theor. Appl. Genet.* 109:630-639.
- Amarawathi, Y., Singh, R., Singh, A., et al. 2008. Mapping of quantitative trait loci for basmati quality traits in rice (*Oryza sativa* L.) *Mol. Breed.* 21:49-65.
- Anandan, A., Rajiv., G., Eswaran, R., et al. 2011. Genotypic variation and relationship between quality traits and trace elements in traditional and improved rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. *J. Food Sci.* 76:122-130.
- Anuradha, K., Agarwal, S., Rao, Y., et al. 2012. Mapping QTLs and candidate genes for iron and zinc concentration in unpolished rice of Madhukar x Swama RILs. *Gene* 508:233-240.
- Atkinson, F., Foster-Powell, K., Brand-Miller, J. 2008. International tables of glycemic index and glycemic load values. *Diabetes Care* 31:2281-2283.
- Ayres, N., McClung, A., Larkin, P., et al. 1997. Microsatellites and a single-nucleotide polymorphism differentiate apparent amylose classes in an extended pedigree of US rice grain germ plasm. *Theor. Appl. Genet.* 94:773-781.
- Bai, X., Luo, L., Yan, W., et al. 2010. Genetic dissection of rice grain shape using a recombinant inbred line population derived from two contrasting parents and fine mapping a pleiotropic quantitative trait locus *qGL7*. *BMC Genet.* 11:16.
- Bao, J. 2012. Towards understanding of the genetic and molecular basis of eating and cooking quality of rice. *Cer. Foods World* 57:148-156.
- Bao, J. 2014. Genes and QTLs for rice grain quality improvement. p. 239-278. In Ya, W., Bao, J. (eds.) *Rice-germplasm, genetic and improvement*. InTech. doi:10.5772/56621.
- Bao, J., Wu, Y., Hu, B., et al. 2002. QTL for rice grain quality based on a DH population derived from parents with similar apparent amylose content. *Euphytica* 128:317-324.
- Bao, J., Zheng, X., Xia, Y., et al. 2000. QTL mapping for the paste viscosity characteristics in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor. Appl. Genet.* 100:280-284.
- Bindusree, G., Natarajan, P., Kalva, S., et al. 2017. Whole genome sequencing of *Oryza sativa* L. cv. Seeragasamba identifies a new fragrance allele in rice. *PLoS ONE* 12:e0188920.
- Biselli, C., Cavalluzzo, D., Perrini, R., et al. 2014. Improvement of marker-based predictability of apparent amylose content in *japonica* rice through *GBSSI* allele mining. *Rice* 7:1.
- Boers, H., Ten Hoon, J., Mela, D. 2015. A systematic review of the influence of rice characteristics and processing methods on postprandial glycaemic and insulinaemic responses. *Br. J. Nutr.* 114:1035-1045.
- Bouis, H., Saltzman, A. 2017. Improving nutrition through biofortification: a review of evidence from HarvestPlus, 2003 through 2016. *Global Food Sec.* 12:49-58.
- Bradbury, L., Fitzgerald, T., Henry, R., et al. 2005. The gene for fragrance in rice. *Plant Biotechnol. J.* 3:363-370.
- Bradbury, L., Gillies, S., Brushett, D., et al. 2008. Inactivation of an aminoaldehyde dehydrogenase is responsible for fragrance in rice. *Plant Mol. Biol.* 68:439-449.
- Bruno, E., Choi, Y-S., Chung, I., et al. 2017. QTLs and analysis of the candidate gene for amylose, protein, and moisture content in rice (*Oryza sativa* L.) *3 Biotech.* 7:40.

- Buttery, R., Ling, L., Juliano, B., et al. 1983. Cooked rice aroma and 2-acetyl-1-pyrroline. *J. Agric. Prod. Chem.* 31:823-826.
- Buttery, R., Turnbaugh, J., Ling, L. 1988. Contribution of volatiles to rice aroma. *J. Agric. Food Chem.* 36:1006-1009.
- Cai, X., Wang, Z., Xing, Y. 2000. Alteration of RNA secondary structure of rice *waxy* intron 1 caused by naturally occurred mutations. *Acta Phytophysiol. Sin.* 26:59-63.
- Calingacion, M., Laborte, A., Nelson, A., et al. 2014. Diversity of global markets and the science required for consumer-targeted rice breeding. *PLoS ONE* 9:e85106.
- Champagne, E.T., Thompson, J.F., Bett-Garber, K.L., et al. 2004. Impact storage of freshly harvested paddy rice on milled white rice favor. *Cereal Chem.* 81:444-449.
- Che, R., Tong, H., Shi, B., et al. 2015. Control of grain size and rice yield by *GL2*-mediated brassinosteroid responses. *Nat. Plants* 2:15195.
- Chen, L., Gao, W., Chen, S., et al. 2016. High-resolution QTL mapping for grain appearance traits and co-localization of chalkiness-associated differentially expressed candidate gene in rice. *Rice* 9:48.
- Chen, P., Shen, Z., Ming, L., et al. 2018. Basis of variation in rice seed storage protein (albumin, globulin, prolamin, and glutelin) content revealed by genome-wide association analysis. *Front. Plant Sci.* 9:612.
- Chen, Y., Wang, M., Ouwerkerk, P. 2012. Molecular and environmental factors determining grain quality in rice. *Food Energy Secur.* 1:111-132.
- Cheng, F., Zhong, L., Zhao, N., et al. 2005. Temperature induced changes in the starch components and biosynthetic enzymes of the two varieties. *Plant Growth Regul.* 46:87-95.
- Chun, A., Song, J., Kim., K., et al. 2009. Quality of head and chalky rice and deterioration of eating quality by chalky rice. *J. Crop Sci. Biotechnol.* 12:239-244.
- Codex Alimentarius. 2007. Norma del Codex para el arroz. Codex Stan 198-1995. p.1-11. In *Cereales, legumbres, leguminosas y productos proteicos vegetales*. Organización Mundial de la Salud. FAO, Roma, Italia.
- Concepcion, J., Ouk, M., Zhao, D., et al. 2015. The need for new tools and investment to improve the accuracy of selecting for grain quality in rice. *Field Crop Res.* 182:60-67.
- Crofts, N., Abe, N., Oitome, N., et al. 2015. Amylopectin biosynthetic enzymes from developing rice seed form enzymatically active protein complexes. *J. Exp. Bot.* 66:4469-4482.
- Dobo, M., Ayures, N., Walker, G., et al. 2010. Polymorphism in the GBSS gene affects amylose content in US and European rice germplasm. *J. Cereal Sci.* 52:450-456.
- Du, J., Zeng, D., Wang, B., et al. 2013. Environmental effects on mineral accumulation in rice grains and identification of ecological specific QTLs. *Environ. Geochem. Health* 35:161-170.
- Duan, P., Ni, S., Wang, J., et al. 2015. Regulation of *OsGRF4* by *OsmiR396* controls grain size and yield in rice. *Nat. Plants* 2:15203.
- Fan, C., Xing, Y., Mao, H., et al. 2006. *Gs3*, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein. *Theor. Appl. Genet.* 112:1164-1171.
- FAO. 2004. Organización para la alimentación y la agricultura. El arroz y la nutrición humana. Año Internacional del Arroz 2004. El arroz es vida. FAO, Roma, Italia.

- Fasahat, P., Rahman, S., Ratnam, W. 2014. Genetic controls on starch amylose in wheat and rice grains. *J. Genet.* 93:279-292.
- Fiaz, S., Ahmad, S., Ali Noor, M., et al. 2019. Applications of the CRISPR/Cas9 system for rice grain quality improvement: perspectives and opportunities. *Int. J. Mol. Sci.* 20:888.
- Fitzgerald, M., Hamilton, R., Calingacion, M., et al. 2008. Is there a second fragrance gene in rice? *Plant Biotechnol. J.* 6:416-423.
- Fitzgerald, M., McCouch, S., Hall, R. 2009. Not just a grain of rice: the quest for quality. *Trends Plant Sci.* 14:133-139.
- Fitzgerald, M., Rahman, S., Resurreccion, A., et al. 2011. Identification of a major genetic determinant of glycaemic index in rice. *Rice* 4:66-74.
- Furukawa, T., Maekawa, M., Oki, T., et al. 2007. The *Rc* and *Rd* genes are involved in proanthocyanidin synthesis in rice pericarp. *Plant J.* 49:91-102.
- Gao, Y., Liu, C., Li, Y., et al. 2016. QTL analysis for chalkiness of rice and fine mapping of a candidate gene for *qACE9*. *Rice* 9:41.
- Gao, Z., Zeng, D., Cheng, F., et al. 2011. *ALK*, the key gene for gelatinization temperature, is a modifier gene for gel consistency in rice. *J. Integr. Plant Biol.* 53:756-765.
- Gao, Z., Zheng, D., Cui, X., et al. 2003. Map-based cloning of the *alk* gene, which controls the gelatinization temperature of rice. *Sci. China* 46:661-668.
- García-Oliveira, A., Tan, L., Fu, Y., et al. 2008. Genetic identification of quantitative trait loci for contents of mineral nutrients in rice grains. *J. Integr. Plant Biol.* 51:84-92.
- Gaur, A., Wani, S., Pandita, D., et al. 2016. Understanding the fragrance in rice. *J. Rice Res.* 4:1000e125.
- Giuliano, G. 2017. Provitamin A biofortification of crop plants: a golden rush with many miners. *Curr. Opin. Biotechnol.* 44:169-180.
- Goffman, F., Bergman, C. 2004. Rice kernel phenolic content and its relationship with antiradical efficiency. *J. Sci. Food Agr.* 84:1235-1240.
- Gómez, G. 1978. Utilización de las pulidoras (polvillo) de arroz en raciones de cerdos en crecimiento y acabado. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia.
- Goufo, P., Trindade, H. 2014. Rice antioxidants: phenolic acids, flavonoids, anthocyanins, proanthocyanidins, tocopherols, tocotrienols, γ -pryranol, and phytic acid. *Food Sci. Nutr.* 2:74-104.
- Guo, T., Liu, X., Wan, X., et al. 2011. Identification of a stable quantitative trait locus for percentage grain with white chalkiness in rice (*Oryza sativa*). *J. Integr. Plant Biol.* 53:598-607.
- Guo, L., Ma, L., Jiang, H., et al. 2009. Genetic analysis and fine mapping of two genes for grain shape and weight in rice. *J. Integr. Plant Biol.* 51:45-51.
- He, Y., Han, Y., Jiang, L., et al. 2006. Functional analysis of starch-synthesis genes in determining rice eating and cooking qualities. *Mol. Breed.* 18:277-290.
- He, P., Li, S., Qian, Q., et al. 1999. Genetics analysis of rice grain quality. *Theor. Appl. Genet.* 98:502-508.
- He, Q., Park, Y.J. 2015. Discovery of a novel fragrant allele and development of functional markers for fragrance in rice. *Mol. Breed.* 35:217.

- Heuberger, A., Lewis, M., Chen, M., et al. 2010. Metabolomic and functional genomic analyses reveal varietal differences in bioactive compounds of cooked rice. *PLoS ONE* 5:e12915.
- Hong, Z., Ueguchi-Tanaka, M., Umemura, K., et al. 2003. A rice brassinosteroid-deficient mutant, *ebisu dwarf2 (d2)*, is caused by a loss of function of a new member of cytochrome P450. *Plant Cell* 15:2900-2920.
- Hsu, Y., Tseng, M., Wu, Y., et al. 2014. Genetic factors responsible for eating and cooking qualities of rice grains in a recombinant inbred population of an inter-specific cross. *Mol. Breed.* 34:655-673.
- Hu, Z., He, H., Zhang, S., et al. 2012. A Kelch motif-containing serine/threonine protein phosphatase determines the large grain QTL trait in rice. *J. Integr. Plant Biol.* 54:979-990.
- Hu, J., Wang, Y., Fang, Y., et al. 2015. A rare allele of *GS2* enhances grain size and grain yield in rice. *Mol. Plant* 8:1455-1465.
- Hu, C., Zawistowski, J., Ling, W., et al. 2003. Black rice (*Oryza sativa* L. *indica*) pigmented fraction suppresses both reactive oxygen species and nitric oxide in chemical and biological model systems. *J. Agric. Food Chem.* 51:5271-5277.
- Huang, S., Ng, L. 2011. Quantification of tocopherols, tocotrienols, and gamma-oryzanol contents and their distribution in some commercial rice varieties in Taiwan. *J. Agric. Food Chem.* 59:11150-11159.
- Huang, X., Qian, Q., Liu, Z. et al. 2009. Natural variation at the *DEP1* locus enhances grain yield in rice. *Nat. Genet.* 41:494-497.
- Iqbal, S., Bhangar, M., Anwar, F. 2005. Antioxidant properties and components of some commercially available varieties of rice bran in Pakistan. *Food Chem.* 93:265-272.
- Ishimaru, T., Horigane, A., Ida, M., et al. 2009. Formation of grain chalkiness and changes in water distribution in development rice caryopsis grown under high-temperature stress. *J. Cereal Sci.* 50:1166-1174.
- Iwasawa, N., Umemoto, T., Hiratsuka, M., et al. 2009. Structural characters of milky-white rice grains caused by high temperature and shading during grain-filling. *Jpn. Crop Sci.* 78:322-323.
- Jagadeesh, B., Krishnamurthy, R., Surekha, K., et al. 2013. Studies on high accumulation of iron and zinc contents in some selected rice genotypes. *Glob. J. Biol. Biotechnol.* 2:539-541.
- Jiang, W., Bikard, D., Cox, D., et al. 2013. RNA-guided editing of bacterial genomes using CRISPR-Cas systems. *Nat. Biotechnol.* 31:233.
- Juliano, B. 1971. A simplified assay for milled-rice amylose. *Cereal Sci. Today* 16:334-338.
- Juliano, B. 1992. Structure and function of the rice grain and its fractions. *Cereal Foods World* 37:772-774.
- Juliano, B. 1993. Rice in human nutrition. International Rice Research Institute (IRRI)-FAO, Rome, Italy.
- Juliano, B. 2003. Rice biochemistry and quality. International Rice Research Institute, Manila, Philippines.
- Kaneko, K., Sasaki, M., Kuribayashi, N., et al. 2016. Proteomic and glycomic characterization of rice chalky grains produced under moderate and high-temperature conditions in the field system. *Rice* 9:26.
- Kitagawa, K., Kurinami, S., Oki, K., et al. 2010. A novel kinesin 13 protein regulating rice seed length. *Plant Cell Physiol.* 51:1315-1329.

- Kobayashi, A., Genliang, B., Shenghai, Y., et al. 2007. Detection of quantitative trait loci for white-back and basal-white kernels under high temperature stress in *japonica* rice varieties. *Breed. Sci.* 107:107-116.
- Lapitan, V., Redoña, E., Abe, T., et al. 2009. Mapping of quantitative trait loci using a double-haploid population from the cross of *indica* and *japonica* cultivars of rice. *Crop Sci.* 49:1620-1528.
- Leelayuthsontorn, P., Thipayarat, A. 2006. Textural and morphological changes of Jasmine rice under various elevated cooking conditions. *Food Chem.* 96:606-613.
- Li, Y., Fan, C., Xing, Y., et al. 2011. Natural variation in *GS5* plays an important role in regulating grain size and yield in rice. *Nat. Genet.* 43:1266-1269.
- Li, Y., Fan, C., Xing, Y., et al. 2014. *Chalk5* encodes a vacuolar H⁺-translocating pyrophosphatase influencing grain chalkiness in rice. *Nat. Genet.* 46:398-404.
- Li, H., Fitzgerald, M., Prakash, S., et al. 2017. The molecular structural features controlling stickiness in cooked rice, a major palatability determinant. *Sci. Rep.* 7:43713.
- Li, H., Prakash, S., Nicholson, T., et al. 2016. The importance of amylose and amylopectin fine structure for textural properties of cooked rice grains. *Food Chem.* 196:702-711.
- Li, J., Thompson, M., McCouch, S.R. 2004. Fine mapping of a grain-weight quantitative trait locus in the pericentromeric region of rice chromosome 3. *Genetics* 168:2187-2195.
- Li, Z., Wan, J., Xia, M., et al. 2003a. Mapping of quantitative trait loci controlling physic-chemical properties of rice grains (*Oryza sativa* L.) *Breed. Sci.* 53:209-215.
- Li, Z., Wan, J., Xia, J. 2003b. Mapping quantitative trait loci underlying appearance quality of rice grains (*Oryza sativa* L.) *Acta Genet. Sin.* 30:251-259.
- Li, E., Wu, A., Li, J., et al. 2015. Improved understanding of rice amylose biosynthesis from advanced starch structural characterization. *Rice* 8:20.
- Li, N., Xu, R., Duan, P., et al. 2018. Control of grain in rice. *Plant Reprod.* 31:237-251.
- Lii, C., Lai, V., Shen, M., et al. 2004. Changes in retrogradation properties of rice starches with amylose content and molecular properties. *Cereal Chem.* 81:392-398.
- Liu, L., Ma, X., Liu, S., et al. 2009a. Identification and characterization of a novel *Waxy* allele from a Yunnan rice landrace. *Plant Mol. Biol.* 71:609-626.
- Liu, X., Wang, Y., Wang, S. 2012. QTL analysis of percentage of grain chalkiness in *japonica* rice (*Oryza sativa*). *Genet. Mol. Res.* 11:717-724.
- Liu, W., Zeng, J., Jiang, G., et al., 2009b. QTL identification of crude fat content in brown rice and its genetic basis analysis using DH and two backcross populations. *Euphytica* 169:197-205.
- Lou, J., Chen, L., Yue, G., et al. 2009. QTL mapping of grain quality traits in rice. *J. Cereal Sci.* 50:145-151.
- Lu, K., Li, L., Zheng, X., et al. 2008. Quantitative trait loci controlling Cu, Ca, Zn, Mn, and Fe content in rice grains. *J. Genet.* 87:305-310.
- Lu, Z., Sasaki, T., Li, Y., et al. 2009. Effect of amylose content and rice type on dynamic viscoelasticity of a composite rice starch gel. *Food Hydrocolloids* 23:1712-1719.
- Luo, J., Liu, H., Zhou, T., et al. 2013. *An-1* encodes a basic helix-loop helix protein that regulates awn development, grain size, and grain number in rice. *Plant Cell* 25:3360-3376.

- Luo, L., Zhang, Y., Chen, D., et al. 2014. Mapping QTL of rice hull thickness and related traits in hybrid rice Xieyou 9308. *Rice Sci.* 21:29-38.
- Lyman, N., Jagadish, K., Nalley, et al. 2013. Neglected rice milling yield and quality underestimates economic losses from high-temperature stress. *PLoS ONE* 8(8):e71157.
- Ma, X., Zhang, Q., Zhu, Q., et al. 2015. A robust CRISPR/Cas9 system for convenient, high-efficiency multiplex genome editing in monocot and dicot plants. *Mol. Plant* 8:1274-1284.
- Mahender, A., Anandan, A., Pradhan, S., et al. 2016. Rice grain nutritional traits and their enhancement using relevant genes and QTLs through advanced approaches. *Springer Plus* 5:2086.
- Martínez, C., Cuevas, F. 1989. Evaluación de la calidad culinaria y molinera del arroz. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia.
- Mei, D., Zu, Y., Yu, Y., et al. 2013. Quantitative trait loci for grain chalkiness and endosperm transparency detected in three recombinants inbred line populations of *indica* rice. *J. Integr. Agric.* 12:1-11.
- Meléndez-Martínez, A., Vicario, I., Heredia, F. 2004. Importancia nutricional de los pigmentos carotenoides. *Arch. Latinoam. Nutr.* 54:149-154.
- Mikami, L., Dung, L., Hirano, H., et al. 2000. Effects of the two most common *Wx* alleles on different genetic background in rice. *Plant Breed.* 119:505-508.
- Mikami, I., Uwatoko, N., Ikeda, Y., et al. 2008. Allelic diversification at the *wx* locus in landraces of Asian rice. *Theor. Appl. Genet.* 116:979-989.
- Min, B., McClung, A., Chen, M. 2011. Phytochemicals and antioxidant capacities in rice brans of different color. *J. Food Sci.* 76:C117-C126.
- Misra, G., Anacleto, R., Badoni, S., et al. 2019. Dissecting the genome-wide genetic variants of milling and appearance quality traits in rice. *J. Exp. Bot.* 70:5115-5130.
- Misra, G., Badoni, S., Anacleto, R., et al. 2017. Whole genome sequencing-based association study to unravel genetic architecture of cooked grain width and length traits in rice. *Sci. Rep.* 7:12478.
- Murata, K., Iyama, Y., Yamaguchi, I., et al. 2014. Identification of a novel gene (*Apq1*) from the *indica* cultivar 'Habataki' that improves the quality of grains produced under high temperature stress. *Breed. Sci.* 64:273-281.
- Nakandalage, N., Nicolas, M., Norton, R., et al. 2016. Improving rice zinc biofortification success rate through genetic and crop management approaches in a changing environment. *Front. Plant Sci.* 7:764.
- Nakata, M., Fukamatsu, Y., Miyashita, T., et al. 2017. High temperature-induced expression of rice α -amilases in developing endosperm produces chalky grains. *Front. Plant Sci.* 9:2089.
- Nam, S., Choi, S., Kang, M., et al. 2005. Antioxidative, antimutagenic, and anticarcinogenic activities of rice bran extracts in chemical and cell assays. *J. Agric. Food Chem.* 53:816-822.
- Nelson, J., McClung, A., Fjellstrom, R., et al. 2011. Mapping QTL main and interaction influences on milling quality in elite US rice germplasm. *Theor. Appl. Genet.* 122:291-309.
- Nevame, A., Emon, R., Malek, M., et al. 2018. Relationship between high temperature and formation of chalkiness and their effects on quality of rice. *BioMed Res. Int.* 2018:1653721.
- Norton, G., Deacon, C., Xiong, L., et al. 2010. Genetic mapping of the rice ionome in leaves and grain: identification of QTLs for 17 elements including arsenic, cadmium, iron, and selenium. *Plant Soil* 329:139-153.

- Oh, J., Balkunde, S., Yang, P., et al. 2011. Fine mapping of grain weight QTL, *twg11* using near isogenic lines from a cross between *Oryza sativa* and *Oryza grandiglumis*. *Genes Genom.* 33:259-265.
- Oki, T., Masuda, M., Kobayashi, M., et al. 2002. Polymeric procyanidins as radical-scavenging components in red-hulled rice. *J. Agric. Food Chem.* 50:7524-7529.
- Paine, J., Shipton, C., Chaggar, S., et al. 2005. A new version of golden rice with increased provitamin A content. *Nat. Biotechnol.* 23:482-487.
- Park, J., Kim, S., Kim, K. 2001. Effect of milling ratio on sensory properties of cooked rice and on physicochemical properties of milled and cooked rice. *Cereal Chem.* 76:151-156.
- Peng, B., Wang, L., Fan, C., et al. 2014. Comparative mapping of chalkiness components in rice using five populations across two environments. *BMC Genet.* 15:1-14.
- Qi, P., Lin, Y., Song, X., et al. 2012. The novel quantitative trait locus *GL3.1* control rice grain size and yield by regulating Cyclin-T1;3. *Cell Res.* 22:1666-1680.
- Qin, Y., Kim, S., Zhao, X. et al. 2010. QTL detection and MAS selection efficiency for lipid content in brown rice (*Oryza sativa* L.) *Genes Genom.* 32:506-512.
- Qui, X., Pang, Y., Yuan, Z., et al. 2015. Genome-wide association study of grain appearance and milling quality in a worldwide collection of *indica* rice germplasm. *PLoS ONE* 10(12)e0145577.
- Rani, N., Sivaranjani, A., Madhav, M. 2011. Identification of molecular markers for cooking quality traits of rice. *Indian J. Genet. Plant Breed.* 71:129-138.
- Ren, D., Rao, Y., Huang, L., et al. 2016. Fine mapping identifies a new QTL for brown rice rate in rice (*Oryza sativa* L.) *Rice* 9:1-10.
- Sano, Y. 1984. Differential regulation of waxy gene expression in rice endosperm. *Theor. Appl. Genet.* 68:467-473.
- Sato, H., Suzuki, Y., Sakai, M., et al. 2002. Molecular characterization of *Wx-mq* a novel mutant gene for low-amylose content in the endosperm of rice (*Oryza sativa* L.) *Breed. Sci.* 52:131-135.
- Segami, S., Kono, I., Ando, T., et al. 2012. *Small and round seed 5* gene encodes alpha-tubulin regulating seed elongation in rice. *Rice* 5:4.
- Shan, Q., Zhang, Y., Chen K., et al. 2015. Creation of fragrant rice by targeted knockout of the *OsBADH2* gene using TALEN technology. *Plant Biotechnol. J.* 13:791-800.
- Shao, Y., Bao, J. 2015. Polyphenol in whole rice grain: genetic diversity and health benefits. *Food Chem.* 180:86-87.
- Shao, Y., Hu, Z., Yu, Y., et al. 2018. Phenolic acids, anthocyanins, proanthocyanidins, antioxidant activity, minerals and their correlation in non-pigmented, red, and black rice. *Food Chem.* 239:733-741.
- Shao, G., Wei, X., Chen, M., et al. 2012. Allelic variation for a candidate gene for *GS7* responsible for grain shape in rice. *Theor. Appl. Genet.* 125:1303-1312.
- Shao, Y., Xu, F., Sun, X., et al. 2014. Identification and quantification of phenolic acids and anthocyanins as antioxidants in bran, embryo, and endosperm of white, red and black rice kernels (*Oryza sativa* L.) *J. Cereal Sci.* 59:211-218.
- Shewry, P. 2007. Improving the protein content and composition of cereal grain. *J. Cereal Sci.* 46:239-250.
- Shi, W., Yang, Y., Chen, S., et al. 2008. Discovery of a new fragrance allele and the development of functional markers for the breeding of fragrance rice varieties. *Mol. Breed.* 22:185-192.

- Shomura, A., Izawa, T., Ebana, K., et al. 2008. Deletion in a gene associated with grain size increased yields during rice domestication. *Nat. Genet.* 40:1023-1028.
- Si, L., Chen, J., Huang, X., et al. 2016. *OsSPL13* controls grain size in cultivated rice. *Nat. Genet.* 48:447-456.
- Smith, A., Denyer, K., Martin, C. 1997. The synthesis of the starch granule. *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 48:67-87.
- Song, X., Huang, W., Shi, M., et al. 2007. A QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase. *Nat. Genet.* 39:623-630.
- Su, Y., Rao, Y., Hu, S., et al. 2011. Map-based cloning proves *qGC-6*, a major QTL for gel consistency of *japonica/indica* cross, responds by waxy in rice (*Oryza sativa* L.) *Theor. Appl. Genet.* 123:859-867.
- Sun, M., Abdula, S., Lee, H., et al. 2011. Molecular aspect of good eating quality formation in *japonica* rice. *PLoS ONE* 6:e18385.
- Sun, Y., Jiao, G., Liu, Z., et al. 2017. Generation of high-amylose rice through CRISPR/Cas9-mediated targeted mutagenesis of starch branching enzymes. *Front. Plant Sci.* 8:298.
- Sun, W., Zhou, Q., Yao, Y., et al. 2015. Identification of genome regions and the isoamylase gene for reduced grain chalkiness in rice. *PLoS ONE* 10:e01222013.
- Sweeney, M., Thomson, M., Pfiel, B., et al. 2006. Caught red-handed: *Rc* encodes a basic helix-loop-helix protein conditioning red pericarp in rice plant. *Plant Cell* 18:283-294.
- Tabata, M., Hirabayashi, H., Takeuchi, Y., et al. 2007. Mapping of quantitative trait loci for the occurrence of white-back kernels associated with high temperatures during the ripening period of rice (*Oryza sativa* L.) *Breed. Sci.* 57:47-52.
- Takano-Kai, N., Jiang, H., Kubo, T., et al. 2009. Evolutionary history of *GS3*, a gene conferring grain length in rice. *Genetics* 182:1323-1334.
- Takano-Kai, N., Jiang, H., Powell, A. et al. 2013. Multiple and independent origins of short seeded alleles of *GS3* in rice. *Breed. Sci.* 63:77-85.
- Tan, Y., Li, J., Yu, S., et al. 1999. The three important traits for cooking and eating quality of rice grains are controlled by a single locus in an elite rice hybrid, Shanyou 63. *Theor. Appl. Genet.* 99:642-648.
- Tan, Y., Sun, M., Xing, Y., et al. 2001. Mapping quantitative trait loci for milling quality, protein content and color characteristics of rice using a recombinant inbred line population derived from an elite rice hybrid. *Theor. Appl. Genet.* 103:1037-1045.
- Tan, Y., Xing, Y., Li, J., et al. 2000. Genetic bases of appearance quality of rice grains in Shanyou 63, an elite rice hybrid. *Theor. Appl. Genet.* 101:823-829.
- Tananuwong, K., Tangsrianugul, N. 2013. Effects of storage conditions and cooking on color and antioxidant activities of organic pigmented rice. *Int. J. Food Sci. Technol.* 48:67-73.
- Tang, X., Lowder, L., Zhang, T., et al. 2017. A CRISPR-Cpf1 system for efficient genome editing and transcriptional repression in plants. *Nat. Plants* 3:17018.
- Tashiro, T., Wardlaw, I. 1991. The effect of high temperature on kernel dimensions and the type and occurrence of kernel damage in rice. *Aust. J. Agric. Res.* 42:485-496.
- Teng, B., Zeng, R., Wang, Y., et al. 2012. Detection of allele variation at the *Wx* locus with single-segment substitution lines in rice (*Oryza sativa* L.) *Mol. Breed.* 30:583-595.

- Terada, R., Nakajima, M., Isshiki, M., et al. 2000. Antisense waxy genes with highly active promoters effectively suppress waxy gene expression in transgenic rice. *Plant Cell Physiol.* 41:881-888.
- Tian, R., Jian, G., Shen, L., et al. 2005. Mapping quantitative trait loci underlying the cooking and eating quality of rice using a DH population. *Mol. Breed.* 15:117-124.
- Tian, Z., Qian, Q., Liu, Q., et al. 2009. Allelic diversities in rice starch biosynthesis lead to a diverse array of rice eating and cooking qualities. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106:21760-21765.
- Umemoto, T., Yano, M., Satoh, H., et al. 2002. Mapping of a gene responsible for the difference in amylopectin structure between *japonica*-type and *indica*-type rice varieties. *Theor. Appl. Genet.* 104:1-8.
- United States International Trade Commission. 2015. Rice classification and quality attributes. p. 32-34. In *Rice: Global Competitiveness of the U.S. Industry*. Publication N° 4530 Investigation N° 332-549.
- Wada H., Masumoto-Kubo, C., Gholipour, Y., et al. 2014. Rice chalky ring formation caused by temporal reduction in starch biosynthesis during osmotic adjustment under Foehn-induced dry wind. *PLoS ONE* 9:e1110374.
- Wakte, K., Zanan, R., Hinge, V., et al. 2017. Thirty-three years of 2-acetyl-1-pyrrolin3, a principal basmati aroma compound in scented rice (*Oryza sativa* L.): a status review. *J. Sci. Food Agric.* 97:384-395.
- Wan, X., Wan, J., Jiang, L., et al. 2006. QTL analysis for rice grain length and fine mapping of an identified QTL with stable and major effects. *Theor. Appl. Genet.* 112:1258-1270.
- Wan, X., Wan, J., Weng, J., et al. 2005. Stability of QTLs for rice grain dimension and endosperm chalkiness characteristics across eight environments. *Theor. Appl. Genet.* 110:1334-1346.
- Wang, L., Liu, W., Xu, Y., et al. 2007. Genetic basis of 17 traits and viscosity parameters characterizing the eating and cooking quality of rice grain. *Theor. Appl. Genet.* 115:463-476.
- Wang, X., Pang, Y., Zhang, J., et al. 2017. Genome-wide and gene-based association mapping for rice eating and cooking characteristics and protein content. *Sci. Rep.* 7:17203.
- Wang, G., Shu, Q. 2007. Fine mapping and candidate gene analysis of purple pericarp gene Pb in rice (*Oryza sativa* L.) *Chinese Sci. Bull.* 52:3097-3104.
- Wang, K., Wambugu, P., Zhang, B., et al. 2015. The biosynthesis, structure and gelatinization properties of starches from wild and cultivated African rice species (*Oryza barthii* and *Oryza glaberrima*). *Carbohydr. Polym.* 129:92-100.
- Wang, E., Wang, J., Zhu, X., et al. 2008. Control of rice grain-filling and yield by a gene with a potential signature of domestication. *Nat. Genet.* 40:1370-1374.
- Wang, Z., Wu, Z., Xing, Y., et al. 1990. Nucleotide sequence of rice *waxy* gene. *Nucleic Acid Res.* 18:5898.
- Wang, S., Wu, K., Yuan, Q., et al. 2012. Control of grain size and quality by *OsSPL16* in rice. *Nat. Genet.* 44:950-954.
- Wang, Z., Zheng, F., Shen, G., et al. 1995. The amylose content in rice endosperm is related to the post-transcriptional regulation of the *waxy* gene. *Plant J.* 7:613-622.
- Waters, D., Henry, R., Reinke, R., et al. 2006. Gelatinization temperature of rice explained by polymorphism starch synthase. *Plant Biotechnol. J.* 4:115-122.
- Weng, J., Gu, S., Wan, X., et al. 2008. Isolation and initial characterization of *gw5*, a major QTL associated with rice grain width and weight. *Cell Res.* 18:1199-1209.

- Xi, M., Zhao, Y., Lin, Z., et al. 2016. Comparison of physiological characteristics between white-belly and white-core rice grains. *J. Cereal Sci.* 69:392-397.
- Xie, X., Song, M., Jin, F., et al. 2006. Fine mapping of a grain weight quantitative trait locus on rice chromosome 8 using near-isogenic lines derived from a cross between *Oryza sativa* and *Oryza rufipogon*. *Theor. Appl. Genet.* 113:885-894.
- Yamagata, H., Sugimoto, T., Tanaka, K., et al. 1982. Biosynthesis of storage proteins in developing rice seeds. *Plant Physiol.* 70:1094-1100.
- Yamakawa, H., Hirose, T., Kuroda, M., et al. 2007. Comprehensive expression profiling of rice grain filling-related genes under high temperature using DNA microarray. *Plant Physiol.* 144:258-277.
- Yan, C., Li, X., Zhang, R., et al. 2005. Performance and inheritance of rice starch RVA profile characteristics. *Rice Sci.* 12:39-47.
- Ye, X., Al-Babili, S., Klott, A., et al. 2000. Engineering the Provitamin A (β -carotene) biosynthetic pathway into (carotenoid-free) rice endosperm. *Science* 287:303-305.
- Yoshimura, A., Ideta, O., Iwata, N. 1997. Linkage map of phenotype RFLP markers in rice. *Plant Mol. Biol.* 35:49-60.
- Zhang, G., Cheng, Z., Zhang, X., et al. 2011. Double repression of soluble starch synthase genes *SSIIa* and *SSIIIa* in rice (*Oryza sativa* L.) uncovers interactive effects on the physicochemical properties of starch. *Genome* 54:448-459.
- Zhang, M., Guo, B., Zhang, R., et al. 2006. Separation, purification and identification of antioxidant compositions in black rice. *Agric. Sci. China* 5:431-440.
- Zhang, K., Raboanatahiry, N., Zhu, B., et al. 2017. Progress in genome editing technology and its application in plants. *Front Plant Sci.* 8:177.
- Zhang, X., Wang, J., Huang, J., et al. 2012. Rare allele of *OsPDK1* associated with grain length causes extra-large grain and a significant yield increase in rice. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 109:21534-21539.
- Zhang J., Zhang, H., Botella, J., et al. 2018. Generation of new glutinous rice by CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of the *Waxy* gene in elite rice varieties. *J. Integr. Plant Biol.* 60:369-375.
- Zhang, M., Zhang, R., Zhang, F., et al. 2010. Phenolic profiles and antioxidant activity of black rice bran of different commercially available varieties. *J. Agric. Food. Chem.* 58:75-87.
- Zhang, C., Zhu, J., Chen, S., et al. 2019. Wx^{lv} , the ancestral allele of rice *Waxy* gene. *Mol. Plant* 12:1157-1166.
- Zhao, X., Daygon, V., McNally, K., et al. 2016. Identification of stable QTLs causing chalk in rice grains in nine environments. *Theor. Appl. Genet.* 129:141-153.
- Zhao, X., Zhou, L., Ponce, K., et al. 2015. The usefulness of known genes/Qtls for grain quality traits in an *indica* population of diverse breeding lines tested using association analysis. *Rice* 8:29.
- Zheng, X., Wu, J., Lou, X., et al. 2008. The QTL analysis on maternal and endosperm genome and their environmental interactions for characters of cooking quality in rice (*Oryza sativa* L.) *Theor. Appl. Genet.* 116:335-342.
- Zheng, T., Xu, J., Li, Z., et al. 2007. Genomic regions associated with milling quality and grain shape identified in a set of random introgression lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Breed.* 126:158-163.
- Zheng, L., Zhang, W., Liu, S., et al. 2012. Genetics relationship between grain chalkiness, protein content, and paste viscosity properties in a backcross inbred population of rice. *J. Cereal Sci.* 56:153-160.

- Zhou, Y., Cai, H., Xiao, J., et al. 2009b. Over-expression of aspartate aminotransferase genes in rice resulted in altered nitrogen metabolism and increased amino acid content in seeds. *Theor. Appl. Genet.* 118:1381-1390.
- Zhou, L., Chen, L., Jiang L., et al. 2009a. Fine mapping of the grain chalkiness QTL *qPGWC-7* in rice (*Oryza sativa* L.) *Theor. Appl. Genet.* 118:581-590.
- Zhou, L., Liang, S., Ponce, K., et al. 2015. Factors affecting head rice yield and chalkiness in *indica* rice. *Field Crop Res.* 172:1-10.
- Zhou, Z., Robards, K., Helliwell, S., et al. 2004. The distribution of phenolic acids in rice. *Food Chem.* 87:401-406.
- Zhu, A., Zhang, Y., Zhang, Z., et al. 2018. Genetic dissection of *qPCG1* for a quantitative trait locus for percentage of chalky grain in rice (*Oryza sativa* L.) *Front. Plant Sci.* 9:1173.