

CORRELAÇÃO ENTRE DISTÂNCIA GENÉTICA E HETEROSE PARA COMPRIMENTO DE PANÍCULA POR CRUZAMENTO DIALÉLICO ENTRE ACESSOS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.) DE BASE GENÉTICA AMPLA

João Antônio Mendonça¹; Daniel Pettersen Custódio²; Leandro Barbosa Pimenta³; Cláudio Brondani⁴;

Palavras-chave: *Oryza sativa* L, dialelo, heterose, distância genética.

INTRODUÇÃO

Rangel et al. (1996) analisaram a genealogia de 42 cultivares de arroz irrigado recomendadas para cultivo em todo o Brasil entre os anos de 1980 e 1992, e verificaram que apenas 10 ancestrais contribuíram com 68% do conjunto gênico destas cultivares. Estes números contrastam com o número de acessos armazenados em bancos de germoplasma de arroz no Brasil (em torno de 14.000 acessos) ou do IRRRI (em torno de 110.000 acessos), e que podem ser utilizados por programas de melhoramento para ampliar a base genética do arroz cultivado, tornando-o menos suscetível a estresses bióticos e abióticos.

Diante do grande número de acessos armazenados e pensando em uma forma objetiva de caracterizar estes recursos genéticos, Frankel (1984) idealizou a formação de coleções nucleares (core collections), que é uma amostra representativa da variabilidade genética das coleções completas dos Bancos de Germoplasma.

Após um estudo detalhado baseado em descritores morfo-agronômicos, em 2002 foi lançada a Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE), que é composta por 550 acessos (Abadie et al., 2005). Entre 2004 e 2007 foi realizada uma caracterização fenotípica dessa coleção. Os genótipos foram avaliados em diferentes regiões geográficas sob os sistemas de cultivo de terras altas e irrigado nas regiões tropical e subtropical. A CNAE também foi caracterizada por 86 marcadores SSR (Borba et al., 2009). A partir desses dados moleculares, foram selecionados os 24 genótipos mais divergentes geneticamente, 12 acessos pertencentes à subespécie *indica* e 12 pertencentes à subespécie *japônica*, os quais compõem a Mini-CNAE.

A produtividade é, em parte, reflexo das outras variáveis analisadas. Em arroz, são considerados os caracteres peso de 1000 grãos, comprimento de panícula, e número de panículas por metro como os componentes da produção (PENG et al., 1999)

Os cruzamentos dialélicos entre 12 acessos da Mini-CNAE subespécie *indica* e 4 outros acessos da CNAE (tabela 1) permitiram obter populações de ampla base genética para uso do melhoramento. O objetivo desse trabalho foi correlacionar os dados de distância genética de Rogers modificada por Wright e a heterose observada no caractere comprimento de panícula, um dos componentes de produtividade do arroz, dos 120 híbridos obtidos nesses cruzamentos.

MATERIAL E MÉTODOS

O material em estudo foi composto por 16 genitores (Tabela 1), 120 F1's e 8 testemunhas, totalizando 144 tratamentos com 3 repetições por tratamento. O delineamento experimental foi o látice 12x12 com três repetições. Cada parcela foi composta por quatro linhas de quatro metros, 0,30 centímetros entre linhas e 0,20

centímetros entre plantas, com 0,5 m entre parcelas. De todas as parcelas foram retiradas cinco panículas de cinco plantas das linhas centrais, das quais foram medidos os respectivos comprimentos das panículas e obtidas as médias das parcelas. A análise dialélica utilizou o modelo 4 de Gardner e Eberhart (1966). Realizou-se a análise de variância para o delineamento dialélico a partir das médias obtidas nos genitores e 120 F1's. Em seguida foram construídas duas matrizes de dupla entrada, uma com os valores de heterose e outra com a distância genética de Rogers modificada por Wright (RW), obtida pelo programa NTSys a partir dos dados de caracterização por 86 marcadores SSR fluorescentes. Os dados foram analisados pelo programa Genes versão 2009.7.0. (Cruz, C.D). A correlação matricial foi determinada através do teste de Mantel utilizando-se as medidas de heterose e da distância genética, sendo utilizadas 10.000 permutações.

Tabela 1. Genótipos da composição dos cruzamentos do ensaio dialelo subespécie *Indica*.

Trat	Código – BAG	Nome Cultivar	Origem	Efeito genitor	Heterose dos Genitores (CGC)
1	* CNA0002293	KU 94-2	Tailândia	0,22	0,72
2	* CNA0002416	LAC 12	Libéria	3,41	0,13
3	* CNA0002258	KU 56-3	Tailândia	4,63	0,22
4	* CNA0008229	BASMATI 370	Índia	4,70	0,84
5	* CNA0002672	NAHNG PAYA 132	Tailândia	2,56	0,21
6	***	IRGA 417	Brasil	3,01	0,35
7	***	BRS FORMOSO	Brasil	2,33	0,71
8	* CNA0005014	WU 10 B	China	-6,35	-2,39
9	* CNA0002480	M 40	Camarões	-1,95	0,19
10	* CNA0002442	LEBONNET	USA	3,22	0,28
11	* CNA0003195	GZ 944-5-2-2	Egito	-3,94	-1,58
12	* CNA0010433	MOGAMI CHIKANARI	Japão	-2,72	0,68
13	* CNA0006961	VITRO	Itália	-3,15	-0,50
14	* CNA0005853	WIR 5621	Rússia	-2,12	0,40
15	** CNA0010438	TOMOE MOCHI	Japão	-1,88	-0,46
16	** CNA0002871	RIZZOTO 159	Portugal	-2,03	0,20

* = pertencentes à Mini-CNAE, ** = genótipos acrescidos *** = Cultivares brasileiras.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância foi significativa, o coeficiente de variação foi 4,28 e a média de comprimento de panícula foi de 25,4 centímetros (cm). O maior comprimento de panícula foi de 33,6 cm com o cruzamento KU 56-3/Basmati 370, e o menor foi de 15,8 cm com o cruzamento WU 10B/Tomoe Mochi. Entre os genitores o WU 10B apresentou a menor panícula (17,3 cm) e o maior valor foi observado para KU 56-3 e Basmati 370 (28,3 cm).

A análise dialélica mostrou-se significativa a 1% pelo teste F, para todos os itens do modelo. Quanto ao efeito do genitor, ou seja, o valor do genitor menos a média obtida, os destaques foram Basmati 370, KU 56-3 e LAC 12 (4,70; 4,63 e 3,41, respectivamente). Quanto a capacidade geral de combinação (CGC) o destaque ficou com o Basmati 370, KU 94-2 e BRS Formoso (0,84; 0,72 e 0,71, respectivamente).

A correlação entre divergência genética e comprimento de panícula foi positiva. Populações com maiores valores de CEC (Tabela 3), podem contribuir para a obtenção de

¹ Biólogo, Assistente de Pesquisa, Embrapa Arroz e Feijão, joaoam@cnpaf.embrapa.br.

² Engenheiro Agrônomo, Analista, Embrapa Arroz e Feijão, pettersen@cnpaf.embrapa.br.

³ Engenheiro Agrônomo, Assistente de Pesquisa, Embrapa Arroz e Feijão, leandrobp@cnpaf.embrapa.br.

⁴ Engenheiro Agrônomo, Pesquisador A, Embrapa Arroz e Feijão, brondani@cnpaf.embrapa.br.

linhagens com maior comprimento de panícula, bom pela alta correlação entre esta característica e produtividade, podem gerar linhagens com maior potencial produtivo. Os maiores valores de heterose para comprimento de panícula foram obtidos nos cruzamentos: (2x12) igual (21,2); (10x12) idem (21,2) e (2x14) com (18,1). O menor valor de heterose foi obtido no cruzamento (11/15) com (-12,3).

Com base nos dados da Tabela 2, obteve-se uma correlação 0,24, a qual foi altamente significativa ($p < 0,01$) tanto pelo teste t quanto pelo teste de Mantel.

Tabela 2. Resultados do ensaio, da análise estatística e da análise molecular. Diagonal superior, valores da heterose; diagonal: valores do comprimento de panícula; diagonal inferior: valores da distância genética (RW).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	23,9	6,0	9,0	16,3	7,7	17,4	10,5	-0,3	13,0	13,3	8,7	16,7	12,5	15,6	14,3	11,8
2	0,84	27,0	8,5	12,5	7,1	9,5	3,9	-0,8	6,8	7,7	2,4	21,2	10,0	18,1	11,5	5,9
3	0,79	0,81	28,3	12,2	4,8	13,6	10,9	-4,1	11,9	7,5	4,9	12,9	12,8	11,3	8,3	6,9
4	0,85	0,85	0,87	28,3	15,6	7,2	11,7	0,9	16,5	7,4	10,9	13,7	6,6	14,7	7,0	12,3
5	0,66	0,76	0,72	0,85	26,2	9,8	6,6	6,8	7,5	7,3	11,1	17,9	3,9	11,9	11,6	8,7
6	0,90	0,95	0,90	0,91	0,91	26,6	10,4	2,8	9,6	10,4	3,7	11,1	4,1	11,0	10,1	11,9
7	0,87	0,91	0,90	0,89	0,87	0,72	26,0	2,8	8,9	10,9	10,9	18,0	16,8	16,9	12,7	15,0
8	0,85	0,85	0,79	0,89	0,83	0,93	0,94	17,3	3,3	5,0	-4,3	-10,0	-7,0	-1,0	-10,7	2,7
9	0,88	0,83	0,88	0,89	0,84	0,92	0,91	0,89	21,7	5,2	3,2	16,8	10,4	14,7	9,4	10,7
10	0,83	0,79	0,79	0,84	0,75	0,94	0,90	0,88	0,81	26,9	4,0	21,2	6,3	11,6	10,0	11,9
11	0,84	0,86	0,79	0,92	0,81	0,95	0,95	0,72	0,87	0,91	19,7	-6,4	0,6	-3,1	-12,3	2,2
12	0,83	0,81	0,81	0,87	0,82	0,94	0,95	0,85	0,85	0,82	0,82	20,9	11,1	10,2	7,3	13,3
13	0,85	0,81	0,84	0,88	0,89	0,91	0,91	0,76	0,85	0,89	0,74	0,81	20,5	3,9	6,0	7,9
14	0,84	0,78	0,78	0,87	0,78	0,92	0,93	0,77	0,89	0,85	0,69	0,78	0,72	21,5	6,5	15,6
15	0,82	0,79	0,83	0,89	0,85	0,91	0,92	0,78	0,81	0,82	0,80	0,55	0,73	0,75	21,8	11,6
16	0,83	0,78	0,85	0,90	0,86	0,89	0,88	0,77	0,82	0,85	0,81	0,85	0,66	0,78	0,79	21,6

Tabela 3. Comprimento de panículas dos genitores na diagonal. Abaixo Diagonal heterose específica (CEC) e acima comprimento de panícula dos 120 híbridos.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	23,9	27	28,4	30,4	27	29,7	28	21	26	28,7	24	26,1	25	26	26	25
2	-1,41	27	30	31,2	28,5	29,4	28	22	26	29	24	29,1	26	29	27	26
3	-0,68	-0,1	28,3	31,8	28,5	31,2	30	22	28	29,6	25	27,8	28	28	27	27
4	0,62	0,41	0,32	28,3	31,5	29,5	30	23	29	29,6	27	28	26	29	27	28
5	-1,08	-0,5	-1,22	1,1	26,2	29	28	23	26	28,5	26	27,8	24	27	27	26
6	1,25	0	1,08	-1,3	-0,05	26,6	29	23	27	29,5	24	26,4	25	27	27	27
7	-0,88	-1,9	-0,06	-0,47	-1,29	-0,4	26	22	26	29,3	25	27,7	27	28	27	27
8	-0,46	0	-0,85	-0,33	1,58	0,58	0,2	17	20	23,2	18	17,2	18	19	17	20
9	-0,02	-0,7	0,49	1	-0,69	-0,3	-0,9	0,8	22	25,5	21	24,9	23	25	24	24
10	0,3	-0,4	-0,51	-1,17	-0,64	0,07	-0,2	1,1	-1,3	26,9	24	28,9	25	27	27	27
11	0,68	-0,1	0,45	1,27	1,83	0,01	1,3	1,1	0	0,16	20	19	20	20	18	21
12	0,26	2,2	0,18	-0,23	1,23	-0,47	0,8	-2,3	0,6	2,02	-2,5	20,9	23	23	23	24
13	0,47	0,66	1,33	-0,82	-0,89	-0,97	1,6	-0,5	0,4	-0,37	0,1	0,04	21	22	22	23
14	0,34	1,79	0,1	0,35	0,14	-0,19	0,8	-0,3	0,5	0,04	-1,5	-1	-1,2	22	23	25
15	0,92	1,06	0,24	-0,7	0,94	0,47	0,7	-1,3	0,2	0,53	-2,6	-0,74	0,2	-0,6	22	24
16	-0,31	-1	-0,79	-0,05	-0,42	0,23	0,6	0,6	-0,2	0,32	-0,2	-0,12	-0,1	0,7	0,7	22

CONCLUSÃO

Foi detectada uma correlação positiva entre a distância genética entre os genitores medida por marcadores SSR e a heterose apresentada pelos F1's em relação ao comprimento de panícula. Combinações com CEC elevada podem gerar linhagens com maior comprimento de panícula, e em consequência, com maior potencial produtivo. Por se tratar de um conjunto de genótipos geneticamente divergentes em relação ao conjunto de genitores utilizado nos programas nacionais de melhoramento genético de arroz, as novas combinações obtidas e estudadas por meio deste trabalho podem resultar em futuras cultivares de arroz com base genética ampla ou novos genitores para atender especificidades do programa de melhoramento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABADIE, T.; CORDEIRO, C. M. T.; FONSECA, J. R.; ALVES, R. B. N.; BURLE, M. L.; BRONDANI, C.; RANGEL, P. H. N.; CASTRO, E. M.; SILVA, H. T.; FREIRE, M. S.; ZIMMERMANN, F. J. P.; MAGALHÃES, J. R. Construção de uma coleção nuclear de arroz para o Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 2, p. 129-136, 2005.

BORBA, T. C. O.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N.; BRONDANI, C. Microsatellite marker-mediated analysis of the Embrapa rice core collection genetic diversity. **Genetica**, New York, v. 137, p. 293-304, 2009.

FRANKEL, O.H. Genetics perspectives of germoplasm conservation. In: ARBER, W.; LLIMENSEE, K.; PEACOCK, W.J.; STARLINGER, P. (Ed). **Genetics Manipulations: Impact on Man and Society**. Cambridge: Cambridge University Press, 1984. p. 161-170.

RANGEL, P.H.N.; GUIMARÃES, E.P.; NEVES, P.C.F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. Brasília: **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 31, n. 5, p349-357, 1996.

PENG, S.; CASSMAN, K.G.; VIRMANI, S.S.; SHEEHY, J.; KHUSH G.S.; Yield Potential Trends of Tropical Rice since the release of IR8 and the Challenge of Increasing Rice Yield Potential. Published in **Crop sci.** 39:1552-1559 (1999).

COMPORTAMENTO DA QUALIDADE DE GRÃOS EM UM PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE

Oneides Antonio Avozani¹; Renata P. da Cruz²; Anderson da C. Chaves³; Sintia da C. Trojan⁴; Paulo R. Freitas⁵; Isabel Cristina Panni⁵; Ana Claudia P. Velho⁵; Gilmar Alves⁵

Palavras-chave: *Oryza sativa*, amylose, temperatura de gelatinização, centro branco.

INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético de arroz irrigado têm adotado nas últimas décadas ações objetivando o aumento da produtividade pelas cultivares disponibilizadas para cultivo de arroz irrigado nas lavouras do Estado do RS. O Programa de Melhoramento Genético (PMG) do Instituto Rio Grandense do Arroz, vem utilizando diferentes estratégias para obtenção de materiais com estabilidade produtiva, adaptabilidade às diferentes regiões orizícolas e com boa qualidade. Entre as estratégias, está a utilização do método de seleção recorrente para o desenvolvimento de populações com ampla base genética e extração de linhagens superiores. De acordo com Rangel et. al. (1997), o método de seleção recorrente possibilita gerar linhas com potencial de rendimento superior ao das cultivares tradicionalmente cultivadas.

Na safra 2002/03 iniciou-se o processo de sintetização de duas populações, a Pirga 1/0/Pr/0 para potencial produtivo e a Pirga 2/0/Fr/0 para tolerância a baixas temperaturas, pelo método de seleção recorrente, utilizando-se a população PQUI 1/0/0/0 como fonte doadora do gene de macho esterilidade genética. As duas populações completaram três ciclos de seleção e recombinação.

O objetivo desse trabalho foi avaliar o comportamento de plantas S₁ das populações Pirga 1/0/Pr/0 e Pirga 2/0/Fr/0, para as características de centro branco, temperatura de gelatinização e teor de amilose dos grãos.

MATERIAL E MÉTODOS

Após completarem o terceiro ciclo de seleção e recombinação, as populações Pirga 1/0/Pr/3 e Pirga 2/0/Fr/3 foram conduzidas na safra 2010/2011 nas Estações Regionais de Pesquisa do IRGA em Uruguaiana e Santa Vitória do Palmar, respectivamente. Uma mistura com igual proporção de sementes de plantas macho estéreis S₀ selecionadas na safra 2009/10 de cada população, foram pré-germinadas e semeadas na primeira quinzena de novembro em bandejas plásticas, e crescidas em casa de vegetação. Com aproximadamente 30 dias de idade, as mudas foram transplantadas em linhas com espaçamento de 30 cm, nos dois locais acima citados. Cada população foi constituída por aproximadamente 7 mil plantas e as práticas de manejo e adubação adotadas seguiram as Recomendações Técnicas de Cultivo de Arroz Irrigado (SOSBAI, 2010).

Na fase de maturação fisiológica, plantas férteis S₁ de cada população foram selecionadas e marcadas para serem colhidas individualmente. Da população Pirga 1/0/Pr/3 conduzida em Uruguaiana, foram selecionadas e colhidas 263 plantas e da população Pirga 2/0/Fr/3 conduzida em Santa Vitória do Palmar foram selecionadas e colhidas 284 plantas. Uma amostra de sementes de cada planta, foi descascada e polida para a realização das análises. A temperatura de gelatinização foi realizada pelo teste de dispersão alcalina, com KOH a 1,7% sob temperatura de 30 °C por 23

horas. O índice de centro branco foi determinado utilizando uma escala de notas de 0 a 5, sendo 0 para grãos translúcidos e 5 para grãos que apresentam em torno de 80% da área do grão afetada. A determinação da amilose, foi realizada pelo teste colorimétrico.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados para a variável centro branco dos grãos podem ser observados nas figuras 1 e 2. Pela distribuição de freqüências de classes de centro branco das plantas S₁ selecionadas da população Pirga 1/0/Pr/3 conduzida em Uruguaiana pode ser observado variabilidade nos resultados, com concentração de 35% das plantas nas classes de 0 a 0,1 e de 85% até a classe 0,5 (Figura 1).

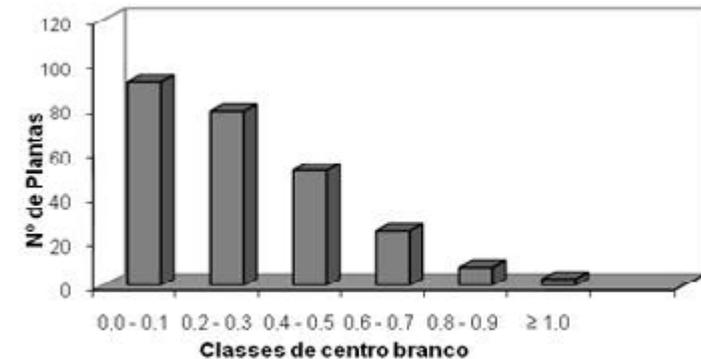


FIGURA 1. Distribuição de freqüências de plantas S₁ da população Pirga 1/0/Pr/3 para centro branco. EEA/IRGA, safra 2010/2011.

Pela distribuição de freqüências de classes de centro branco das plantas S₁ selecionadas da população Pirga 2/0/Fr/3 conduzida em Santa Vitória do Palmar pode ser observado variabilidade nos resultados, com concentração de 21% das plantas nas classes de 0 a 0,1 e 75% nas classes entre 0 e 0,5 (Figura 2). As duas populações apresentaram baixa freqüência de ocorrência de centro branco nas classes maior ou igual a 1.

Esses resultados possibilitam verificar que, após três ciclos de seleção e recombinação, ocorreu uma melhora das populações para essa característica, possibilitando a seleção de materiais com bom comportamento para essa característica.

Os resultados da avaliação para a temperatura de gelatinização dos grãos, observados na tabela 1, apresentaram pequena variação, com 90 e 95% das plantas analisadas nas respectivas populações, situando-se na classe baixa. Foram poucas as plantas que apresentaram classe alta de temperatura de gelatinização, o que é indesejável para o processo de melhoramento e seleção de novas linhagens.

Para o teor de amilose ocorreu predominância de valores que caracterizam amilose alta (Tabela 1), o que é desejável para o processo de seleção, pois materiais com teores de amilose baixos são indesejáveis por estarem associados com características de grãos pegajosos após o processo de cocção.

¹ Eng. Agr. MSc. Instituto Rio Grandense do Arroz, Av. Bonifácio C. Bernardes, 1494, CEP 94930-030. E-mail: oneides-avozani@irga.rs.gov.br.

² Eng. Agr. Dr. Instituto Rio Grandense do Arroz, . . E-mail: renata-cruz@irga.rs.gov.br.

³ Eng. Agr. Dr. Instituto Rio Grandense do Arroz.

⁴ Eng. Agr. Instituto Rio Grandense do Arroz.

⁵ Técnico Agrícola – Instituto Rio Grandense do Arroz.

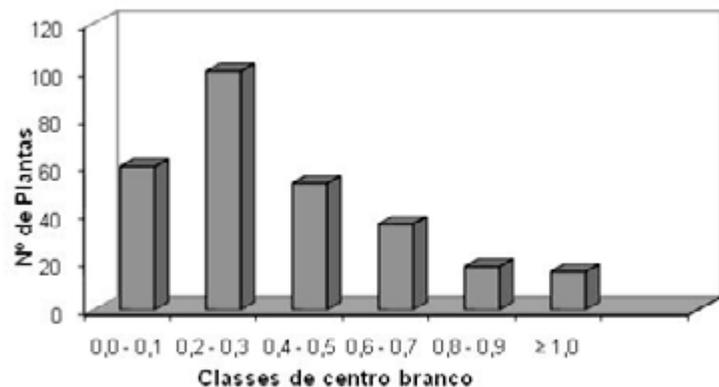


FIGURA 2. Distribuição de freqüências de plantas S₁ da população Pirga 2/0/Fr/3 para centro branco. EEA/IRGA, safra 2010/2011.

Os resultados observados estão de acordo com Jennings et al.(1981), que cita a correlação entre valores baixos de temperatura de gelatinização com altos teores de amilose.

Tabela 1. Dados das avaliações de plantas S₁ de duas populações de seleção recorrente, para as variáveis temperatura de gelatinização e teor de amilose dos grãos. IRGA/EEA, Cachoeirinha, RS, 2011.

Temperatura de Gelatinização			Teor de Amilose		
	Pirga 1/0/Pr/3	Pirga 2/0/Fr/3		Pirga 1/0/Pr/3	Pirga 2/0/Fr/3
Classes	Nº de Plantas	Nº de Plantas	Classes	Nº de Plantas	Nº de Plantas
Baixa	234	268	Baixa	5	0
Média	18	0	Intermediária	62	14
Baixa/Média	9	16	Alta	196	270
Alta	2	0			

*Amilose alta ≥ 28; Amilose intermediária: 23 a 27; Amilose baixa: ≤ 22.

CONCLUSÃO

Os resultados obtidos para as características de qualidade de grãos das plantas S₁ selecionadas nas populações Pirga 1/0/Pr/3 e Pirga 2/0/Fr/3 de seleção recorrente, indicam que estas apresentam excelente qualidade de grãos, o que é uma condição favorável para a seleção de linhagens e para a formação de famílias S_{0,2} oriundas dessas plantas S₁.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

RANGEL, P. H. N. et. al. Selección recurrente aplicada al arroz de riego en Brasil. In: GUIMARÃES, E.P. (Ed.) Selección recurrente en arroz. Cali: Centro Nacional de Agricultura Tropical, 1997. P. 3-11. (Publicación CIAT, nº 267).

SOCIEDADE SUL-BRASILEIRA DE ARROZ IRRIGADO (SOSBAI). **Arroz Irrigado:** Recomendações Técnicas da Pesquisa para o Sul do Brasil. 28 Reunião Técnica da Cultura do Arroz Irrigado, 11 a 13 de agosto de 2010. Bento Gonçalves, RS – Porto alegre: SOSBAI, 2010, 188 p.

JENNINGS, P. R.; COFFMAN, W. R.; KAUFFMAN, H. E. Mejoramiento de arroz. In: Calidad Del grano. Cali: Centro Nacional de Agricultura Tropical, CIAT, 1991. P. 127-151. 233 p.

COMPETIÇÃO REGIONAL DE LINHAGENS DE ARROZ IRRIGADO EM SANTA CATARINA, SAFRA 2010/11

Moacir Antonio Schiocchet¹; Rubens Marschalek²; Klaus Konrad Scheuermann²; Juliana Vieira Raimondi³

Palavras-chave: rendimento de grãos, melhoramento, *Oryza sativa*.

INTRODUÇÃO

As cultivares de arroz irrigado atualmente plantadas em Santa Catarina, ocupando uma área de aproximadamente 150.000 ha, são na sua grande maioria, oriundas da Epagri, Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina. Estas cultivares foram criadas e desenvolvidas na Epagri - Estação Experimental de Itajaí através de hibridações controladas e mutações induzidas, a partir da década de 1980 (VIEIRA et al., 2007; MARSCHALEK et al., 2008).

A aceitação das cultivares da Epagri pelos produtores de grãos deve-se especialmente à sua adequação ao sistema de cultivo pré-germinado, predominante em todas regiões orizícolas de Santa Catarina e ao elevado potencial de rendimento de grãos de alta qualidade. A competição regional de linhagens de arroz irrigado é a última etapa de avaliação de linhagens conduzida pelo projeto de melhoramento genético, antes da recomendação e lançamento para cultivo, cuja avaliação equivale a ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Neste processo de indicação das melhores linhagens, são conduzidos experimentos, por três anos consecutivos nas cinco principais regiões produtoras de arroz de Santa Catarina.

Para que sejam disponibilizadas aos agricultores como cultivares, as linhagens devem superar o desempenho agrônomo das cultivares testemunha, além de se adequarem aos processos industriais comumente empregados em Santa Catarina para arroz parboilizado especialmente, bem como também, serem aceitas pelos consumidores.

O objetivo deste trabalho é identificar linhagens de arroz que possam ser lançadas como cultivares, isto é, que possam ser recomendadas para cultivo junto aos produtores de grãos de Santa Catarina.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas 17 linhagens comparadas com as testemunhas Epagri 106, Epagri 108 e Epagri 109 em cinco locais do estado de Santa Catarina, na safra 2010/2011.

Os locais de avaliação foram: Itajaí (Baixo Vale do Itajaí), Massaranduba (Litoral Norte), Pouso Redondo (Alto Vale do Itajaí), Tubarão (Litoral Sul) e Turvo (Sul do Estado). A semeadura foi feita a lanço com sementes pré-germinadas, na densidade de 120 kg de semente por hectare, em parcelas de 4 m de largura por 15 m de comprimento, nas seguintes datas e locais: 13/10/10 em Itajaí, 09/09/10 em Massaranduba, 06/10/10 em Pouso Redondo, 14/10/10 em Tubarão e, 01/10/10 em Turvo. Estas datas representam a época preferencial para implantação da cultura de arroz irrigado em cada uma destas cinco regiões do Estado.

O cultivo foi executado obedecendo-se as recomendações do Sistema de Produção nº32 (EPAGRI, 2005). A adubação de base foi efetuada com 40 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 80 kg ha⁻¹ de K₂O; a adubação de cobertura foi realizada com 120 kg ha⁻¹ de N em três

¹ Engº. Agrº., Dr. Agronomia, Estação Experimental de Itajaí, Epagri, Rod. Antonio Heil km 6, CEP 88301-970, Itajaí, SC, E-mail: mschio@epagri.sc.gov.br.

² Eng. Agr. Dr. Epagri-Estação Experimental de Itajaí.

³ Bióloga, M.Sc., Doutoranda Recursos Genéticos Vegetais, UFSC