

Pré-Melhoramento de Milho – Resistência à Mancha Branca

Flavia França Teixeira¹, Dagma Dionísia da Silva², Arley Figueiredo Portugal³ e
Marciele Silva Oliveira⁴

¹ Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, flavia@cnpmc.embrapa.br, ²dagma@cnpmc.embrapa.br, ³arley@cnpmc.embrapa.br, ⁴marcieleol@yahoo.com.br

RESUMO – A integração das atividades desenvolvidas nas áreas de recursos genéticos e melhoramento de plantas deve ser intensificada, especialmente porque o uso de banco de germoplasma de milho tem se tornado baixo a medida que as cultivares disponibilizadas para o mercado atingem maiores níveis de produtividade e uniformidade genética. O objetivo desse trabalho foi testar, em cruzamento, famílias endogâmicas obtidas de cruzamentos entre o composto fonte de tolerância à mancha branca e linhagens elite quanto à reação à mancha branca, produtividade de grãos e caracteres agronômicos. Foram obtidas famílias endogâmicas derivadas do retrocruzamento do composto fonte de tolerância à mancha branca e linhagens elite representantes de grupos heteróticos duro e dentado. Essas famílias foram cruzadas com linhagens testadoras de grupos heteróticos opostos para avaliação das mesmas em quatro condições ambientais. De acordo com os resultados das análises, foi possível indicar as famílias endogâmicas MB130, MB164, MB181, MB216 e MB231 para cruzamentos com linhagens do grupo heterótico duro e as famílias endogâmicas MB24, MB37, MB83 e MB93 para cruzamentos com linhagens do grupo heterótico dentado.

Palavras-chave: *Zea mays* L., recursos genéticos, mancha branca.

Introdução

O Banco Ativo de Germoplasma de Milho (BAGMilho) é preservado na Embrapa Milho e Sorgo e mantém quase 4.000 acessos que são, em sua maioria (82,1%), variedades crioulas. A manutenção do BAGMilho engloba uma série de atividades, entre elas: introdução, intercâmbio, conservação, regeneração/multiplicação, caracterização, avaliação e informatização dos dados (Teixeira et al., 2011). Dentre essas atividades, a caracterização e a avaliação geram informações passíveis de uso no melhoramento, uma vez que ambas têm como objetivo ampliar o conhecimento a respeito da coleção. A tolerância aos estresses bióticos e abióticos, estabilidade e adaptabilidade e capacidade combinatória são alguns caracteres frequentemente considerados na avaliação de acessos do BAGMilho.

Na Embrapa Milho e Sorgo, é conduzido um atuante programa de melhoramento de milho que, desde a década de 1970 vem disponibilizando variedades e híbridos para o mercado brasileiro, já contabilizando mais de 70 cultivares de milho lançadas.

As atividades desenvolvidas em recursos genéticos e no melhoramento de plantas têm muitos pontos em comum, porém é necessário que se intensifique o estreitamento entre as duas linhas de pesquisa, especialmente porque o uso de

BAGMilho no melhoramento tem se tornado baixo a medida que as cultivares disponibilizadas para o mercado atingem maiores níveis de produtividade e uniformidade genética. Algumas das razões para o baixo uso do BAG Milho foram listadas por Nass et al. (2007) e dentre elas, destacam-se a falta de documentação e descrição adequada das coleções de germoplasma; falta de informações consideradas de interesse sob o ponto de vista do melhoramento; satisfação dos melhoristas com a variabilidade genética encontrada nos materiais elite; dificuldade de identificar genes potencialmente úteis e ausência de programas de pré-melhoramento.

Mais de 1000 acessos do BAGMilho foram avaliados quanto a tolerância a cinco patógenos no escopo do projeto de núcleo de apoio a pesquisa do milho. Esse estudo é bastante completo, pois envolveu tanto a etapa de avaliação de germoplasma, quanto o desenvolvimento de novas populações. Assim, foram formados 5 compostos fontes de resistência à patógenos, dentre eles o composto fonte de tolerância à mancha branca (Miranda Filho et al., 2000). Com base no uso destes compostos e de outros genótipos vem sendo desenvolvido na Embrapa um programa de pré-melhoramento no qual foram avaliados acessos do BAGMilho, como também foram introgridos caracteres de interesse em linhagens elite do programa de melhoramento (Teixeira et al., 2010).

Uma das principais doenças foliares do milho no Brasil é a mancha branca (*Pantoea ananatis*), cujos sintomas na fase inicial de desenvolvimento da doença são caracterizados por lesões circulares, aquosas e verde-claras em folhas inferiores. Posteriormente, as lesões progridem para a parte superior das folhas e as lesões se tornam necróticas, de coloração palha e formato circular e elíptico (Costa et al., 2010). Os plantios tardios de milho favorecem condições ambientais para o rápido desenvolvimento da doença. O uso de cultivares resistentes e a aplicação de defensivos químicos são indicados para o controle da mancha branca em milho. Os híbridos BRS1030 e BRS1035 são exemplos de genótipos resistentes à mancha branca (Costa et al., 2011).

O objetivo desse trabalho foi testar, em cruzamento, famílias endogâmicas obtidas de cruzamentos entre o composto fonte de tolerância à mancha branca e linhagens elite quanto à reação à mancha branca, produtividade de grãos e caracteres agronômicos.

Material e Métodos

Neste trabalho foram avaliadas 53 famílias endogâmicas derivadas de retrocruzamentos (RC) entre o composto fonte de tolerância à mancha branca (genitor doador) e 2 linhagens elite do programa de melhoramento de milho da Embrapa Milho e Sorgo, sendo uma do grupo heterótico duro e, outra do, dentado (genitores recorrentes). Após o RC, as populações foram conduzidas em campo, onde foi feita seleção com base na avaliação fenotípica e autofecundação das plantas selecionadas para a obtenção das famílias endogâmicas. Essas famílias foram identificadas pelas letras “MB” seguidas da numeração sequencial. Para a avaliação, as famílias endogâmicas MB foram cruzadas com linhagens testadoras de grupos heteróticos opostos aos dos pais recorrentes denominadas L-dente e L-duro de acordo com o grupo heterótico do testador.

Os genótipos considerados nos ensaios de avaliação foram os 53 híbridos entre as famílias endogâmicas MB e as linhagens testadoras, e três testemunhas: o acesso do BAGMilho composto fonte de tolerância à mancha branca (CMB) e os híbridos BRS1030 e BRS1035. Os ensaios foram conduzidos em dois locais (Sete Lagoas e Nova Porteirinha, ambos em MG) e duas em épocas de plantio (janeiro e março de 2011), totalizando quatro condições ambientais. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados com três repetições. As parcelas experimentais foram compostas de uma linha de 5 m lineares, com espaçamento entre linhas de 70 cm e densidade de semeadura de 5 plantas por m linear. Os tratos culturais foram os usuais da cultura do milho, exceto pela supressão do controle químico de patógenos. Foram avaliados os seguintes caracteres:

- Florescimento feminino (FF): tomado pela diferença em dias entre a emergência das plântulas e a emissão do estilo-estigma em, pelo menos, 50 % das plantas da parcela.
- Altura de espiga (AE): medida, em cm, desde o solo até a inserção da primeira espiga.
- Índice de plantas acamadas ou quebradas (ACQ): calculado pela divisão do número de plantas acamadas ou quebradas pelo número total de plantas da parcela.
- Produtividade de grãos (PG): tomada pelo peso total de grãos produzidos na parcela, com a padronização da umidade dos grãos para 13 %, e transformada para t/ha.
- Incidência de sintomas de mancha branca (NMB): avaliada por meio de escala de notas variando de 1 a 5, de acordo com o percentual de área foliar tomada por lesões causadas pela mancha branca, sendo a nota “1” atribuída para parcelas nas quais o percentual da área foliar tomada por lesões é inferior a 1 %, até a nota “5”, para parcelas com mais de 80 % da área foliar afetada pelas lesões.

Após a tomada de dados foi realizada a análise de variância conjunta e de acordo com os resultados dessa análise, foram feitos os testes de agrupamento de médias seguindo de Scott-Knott. O programa GENES (www.ufv.br/dbg/genes/htm, versão 2008.6.0) foi empregado para as análises de variância e testes de médias.

Resultados e Discussão

Os resultados das análises de variância são apresentados na Tabela 1. Não foram observados sintomas de mancha branca nas avaliações conduzidas em Nova Porteirinha, portanto, para esse caracter foram considerados apenas as avaliações em Sete Lagoas.

A precisão experimental foi considerada alta, tendo em vista a estimativa de 15,36% para coeficiente de variação para produtividade de grãos. Os genótipos avaliados diferiram para todos os caracteres, exceto ACQ, e houve o efeito significativo dos locais e épocas para todos os caracteres, exceto para produtividade de grãos. As interações genótipos por ambientes estiveram ausentes para a maioria dos caracteres, estando presente, com alta significância, apenas entre genótipos e épocas para o caráter incidência de sintoma de mancha branca. Na Tabela 1, são apresentadas também as médias gerais e de cada condição ambiental, sendo possível notar que da primeira para a segunda época de plantio, que houve atraso no numero de dias para florescimento feminino, redução na altura de espigas, diminuição no índice de plantas quebradas e acamadas e aumento na incidência dos sintomas da mancha branca. Deve ser destacado também que, em média, a incidência de sintomas do patógeno foi baixa (nota média, 1,81), o que possivelmente tenha sido conferido pelo genitor CMB, entretanto deve ser ressaltado que mesmo havendo baixa incidência dos sintomas da mancha branca foi possível identificar diferenças entre genótipos.

Com base nos resultados dos testes de agrupamento de médias foram identificados genótipos superiores, considerando-se a classificação em grupos de maior produtividade de grão e de menor incidência dos sintomas da mancha branca, nas duas condições ambientais, sendo identificados apenas nove híbridos experimentais promissores (17% do total de genótipos testados). Na Tabela 2, são apresentadas as médias desses tratamentos selecionados e das testemunhas, bem como os resultados dos testes de agrupamento de médias para esses genótipos. Nessa tabela, foram grifadas em cinza as médias incluídas nos agrupamentos mais favoráveis. Assim, é possível considerar que as famílias endogâmicas MB130, MB164, MB181, MB216 e MB231

apresentam potencial de uso no melhoramento em cruzamentos com linhagens do grupo heterótico duro e que as famílias endogâmicas MB24, MB37, MB83 e MB93 apresentam potencial de uso no melhoramento em cruzamentos com linhagens do grupo heterótico dentado. As famílias MB130, MB216 e MB231 também se destacaram pelo menor número de dias para florescimento feminino e enquanto que MB164, MB181, MB216, MB231, MB24 e MB83 pela menor altura de espiga. Outra observação que merece destaque é a maior PG dos materiais selecionados em relação às testemunhas e as notas de incidência da mancha branca obtidos na primeira época de plantio que chegaram a ser mais favoráveis que as testemunhas CMB e BRS 1035, consideradas como resistentes. O baixo desempenho das testemunhas em relação a PG pode ter sido causado por pequenas desuniformidades no estande.

Conclusão

As famílias endogâmicas MB130, MB164, MB181, MB216 e MB231 apresentam potencial de uso no melhoramento em cruzamentos com linhagens do grupo heterótico duro e que as famílias endogâmicas MB24, MB37, MB83 e MB93, em cruzamentos com linhagens do grupo heterótico dentado.

Agradecimentos

À FAPEMIG - Fundação de Apoio à Pesquisa de MG, pelo suporte financeiro.

Literatura Citada

COSTA, R.V.; CASELA, C.R.; COTA, L.V.; Doenças. In: CRUZ, J. C (Ed.). Cultivo do milho. 6 ed. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2010.

COSTA, R.V.; COTA, L.V.; SILVA, D.D; LANZA, F.E. Recomendações para o controle químico da mancha branca do milho. Sete Lagoas, Embrapa Milho e Sorgo, 2011. 6 p. (Embrapa Milho e Sorgo, Circular técnica, 167).

MIRANDA FILHO, J.B.; NASS, L.L.; SANTOS, M.X; REGITANO NETO, A. Avaliação de acessos de milho para resistência a doenças foliares. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2000, 147 p.

NASS, L.L.; NISHIKAWA, M.A.N.; FÁVERO, A.P.; LOPES, M.A. Pré-melhoramento de germoplasma vegetal. In: NASS, L. L. (Ed.) Recursos Genéticos Vegetais. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, p. 683-716. 2007.

TEIXEIRA, F.F.; GOMIDE, R.L.; ALBUQUERQUE, P.E.P.; ANDRADE, C.T.L.; LEITE, C.E.P.; PARENTONI, S.N.; GUIMARÃES, P.E.O.; GUIMARÃES, L.J.M.; SILVA, A.R.; BASTOS, E.A.; CARDOSO, M.J. (2010). Evaluation of maize core collection for drought tolerance. *Crop Breeding and Applied Biothnology* 10, 312-320.

TEIXEIRA, F.F.; GUIMARÃES, L.J.M.; GUIMARÃES, P.E.O.; PACHECO, C.A.P.; PARENTONI, S.N.; SILVA, A.R. Pré-melhoramento do Milho. In: LOPES, M.A.; FÁVERO, A.P.; FERREIRA, M.A.J.F.; FALEIRO, F.G.; FOLLE, S.M.; GUIMARÃES, E.P. (Eds.) Pré-Melhoramento de plantas. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, p.571-614. 2011.

Tabela 1: Resumo dos quadros das análises de variância conjuntas para os caracteres florescimento feminino, altura de espigas, índice de plantas acamadas ou quebradas, produtividade de grãos e incidência de sintomas de mancha branca.

Florescimento feminino				Altura espiga (cm)				ACQ		
FV	GL	QM	F	QM	F	QM	F			
G ¹	55	13.75	4.53	**2	859.58	3.39	**	0.0165	1.06	NS
L	1	8295.12	147.39	**	58147.32	3.93	**	1.1896	5.41	**
E	1	7796.91	139.85	**	46650.00	3.16	**	1.6054	7.29	**
GxL	55	2.00	0.98	NS	161.83	0.91	NS	0.0138	1.10	NS
GxE	55	1.48	0.72	NS	144.05	0.81	NS	0.0136	1.08	NS
LxE	1	54.29	3.44	NS	14662.68	5.66	*	0.2082	2.28	NS
GxLxE	55	2.05	1.42	*	177.47	1.31	NS	0.0125	1.50	*
Res.	440	1.44			134.89			0.0083		
CV(%)		2.11			9.24			8.1369		
Médias		SLE1 ³	56.77		SLE1	129.37		SLE1	0.20	
		NPE1	50.31		NPE1	138.63		NPE1	0.15	
		SLE2	64.15		SLE2	103.36		SLE2	0.14	
		NPE2	56.55		NPE2	131.31		NPE2	0.02	
Geral			56.94			125.67			0.13	

Produtividade de grãos (t/ha)				Incidência de sintomas de mancha branca					
FV	GL	QM	F	FV	GL	QM	F		
G	55	7.42	3.71	**	G	55	0.48	2.33	**
L	1	1.64	0.04	NS	E	1	4.25	3.99	**
E	1	31.55	0.51	NS	GxE	55	0.20	1.42	**
GxL	55	1.34	0.86	NS	Res.	220	0.15		
GxE	55	1.08	0.70	NS					
LxE	1	63.17	5.77	*					
GxLxS	55	1.55	1.16	NS					
Res.	440	1.32							
CV(%)		15.36				21.06			
Medias		SLE1	7.98		SLE1		1.69		
		NPE1	7.47		SLE2		1.92		
		SLE2	6.94						
		NPE2	7.65						
Geral			7.51		Geral		1.81		

¹ G, L e E indicam os fatores de variação genótipos, locais e safras, respectivamente.

² ** e * indicam significativos aos níveis de 1 e 5%, respectivamente

³ SL e NP indicam Sete Lagoas e Nova Porteirinha e E1 e E2 indicam as épocas de plantio de janeiro e março de 2011, respectivamente.

Tabela 2. Médias e teste de médias para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de espigas (AE), produtividade de grãos (PG) e incidência de sintomas de mancha branca (NMBE1 e NMBE2 para as épocas de plantio de janeiro e março de 2011, respectivamente) das testemunhas e genótipos que apresentaram maiores produtividade de grãos associadas a menores sintomas do patógeno.

Genótipos	FF	AE	PG (t/ha)	NMBE1	NMBE2
MB130 x Ldura	55.17 E ¹	132.67 B	8.64 A	1.33 C	1.83
MB164 x Ldura	56.58 D	123.42 C	7.94 A	1.50 C	1.33 B
MB181 x Ldura	57.08 D	119.63 C	8.19 A	1.33 C	1.17 B
MB216 x Ldura	55.92 E	121.50 C	8.09 A	1.50 C	1.67 B
MB231 x Ldura	56.25 E	124.33 C	7.89 A	1.50 C	1.67 B
MB24 x Ldent	56.83 D	123.46 C	8.39 A	1.67 C	1.67 B
MB37 x Ldent	57.33 D	128.17 B	7.79 A	1.50 C	1.50 B
MB83 x Ldent	56.50 D	123.46 C	7.82 A	1.67 C	1.67 B
MB93 x Ldent	57.00 D	127.71 B	7.87 A	1.33 C	1.83 B
CMB	61.17 A	177.04 A	6.16 C	2.00 B	1.83 B
BRS 1030	55.33 E	117.58 C	6.68 C	1.50 C	1.50 B
BRS 1035	59.58 B	117.46 C	3.65 D	1.83 B	1.67 B

¹ As estimativas de médias seguidas pelas mesmas letras não diferiram pelo teste Scott-knott, ao nível de 5% probabilidade.