

Avaliação de genótipos elite de milho-doce ¹

Amanda Cristiane Queiroz Pereira², Flavia França Teixeira³

¹Trabalho financiado pela Fapemig

²Estudante do Curso Técnico em Meio Ambiente da Escola Técnica Municipal de Sete Lagoas, Bolsista Fapemig- BIC JR - Embrapa

³Pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo

Introdução

O milho-doce é um produto de características especiais, como sabor adocicado, e é utilizado principalmente para o consumo humano. As características exigidas pelo mercado consumidor de milho-doce diferenciam-se das do milho comum. No Brasil, a produção de milho-doce é destinada ao enlatamento (PEREIRA FILHO et al., 2013). Em 2009, a área plantada com milho-doce no Brasil superou 41 mil hectares e o faturamento da indústria sementeira superou os 11 milhões de reais. Entretanto, ao se considerar a cadeia agroindustrial na qual esse milho está inserido, o volume monetário movimentado ultrapassa meio bilhão de reais (TEIXEIRA et al., 2013).

O milho-doce difere-se do milho comum por conter mutações em um ou mais genes que levam a alterações na concentração de açúcares no grão. Para cultivares de milho comum, o grão desenvolvido e maduro apresenta apenas 3% de açúcares em sua composição, enquanto o milho-doce tem de 9 a 14% de açúcares no grão, e as cultivares conhecidas como super-doces apresentam de 15 a 25% de açúcares no grão (TRACY, 2001).

Apesar dos diversos mutantes que conferem o fenótipo doce, a base genética do milho-doce é estreita. Tracy (2001) acredita que existam apenas 300 variedades de milho-doce com polinização aberta no mundo. No Brasil, a base genética do milho-doce cultivado é ainda mais estreita, sendo que a cultivar Tropical Plus, desenvolvida pela Syngenta Seeds, domina o mercado. O programa de melhoramento de milho-doce da Embrapa Milho e Sorgo vem desenvolvendo novas cultivares para o mercado de sementes (TEIXEIRA et al., 2013). Esse programa visa disponibilizar cultivares de milho super-doce portadoras do alelo *shrunkn-2* e ampliar a diversidade genética no milho-doce. O objetivo desse trabalho foi avaliar famílias endogâmicas do milho-doce em cruzamentos quanto a caracteres de importância agrônômica e qualidade de espiga.

Material e Métodos

Foram testadas famílias obtidas a partir dos compostos *shrunk* (Csh) e *shrunk* elite (Csh-el). Esses compostos foram obtidos pela recombinação de linhagens e híbridos comerciais portadoras do alelo *shrunk-2*, sendo que o composto *shrunk* é de base mais ampla; já o composto *shrunk* elite foi formado apenas com os genótipos de alta performance do tipo *shrunk*. As famílias foram obtidas por autofecundação de plantas selecionadas, sendo seis plantas do composto *shrunk* e 11 plantas do composto *shrunk* elite. Essas plantas foram numeradas e cruzadas com os testadores L54056 e L540404, que são os genitores do BRS Vivi. Desta forma, foram obtidos 32 híbridos que foram avaliados em um ensaio com testemunhas comerciais.

Esse ensaio foi implantado em Sete Lagoas, em abril de 2013, em um delineamento de blocos casualizados com 3 repetições. A parcela experimental foi composta por uma linha de 5 m com 5 sementes por m e espaçamento de 0,80 m entre as linhas. O ensaio foi conduzido em isolamento de outros plantios e foram empregados os tratos culturais usuais da cultura.

Foram avaliados os seguintes caracteres: número de dias para o florescimento masculino (NDFM) e feminino (NDFF), que correspondem, respectivamente, aos intervalos em dias entre a emergência de plântulas até a emissão de pólen e emissão do estilo-estigma; altura das plantas (AP) e de espigas (AE) em cm, sendo consideradas, respectivamente, a distância entre o solo e o pendão e entre o solo e a primeira espiga em 10 plantas representativas da parcela; estande (STD) pelo número de plantas de parcela; percentual de plantas acamadas ou quebradas (%ACQ), por meio do número de plantas acamadas ou quebradas dividido pelo STD; prolificidade (PROL), por meio do número de espigas da parcela dividido pelo STD; peso de espiga (PESP), sem palha em toneladas por hectare; peso de grãos (PG) da parcela corrigido para 13% de umidade em toneladas por hectare; percentual de umidade dos grãos (UMID) no momento da obtenção de PG; comprimento (CESP) e diâmetro (DESP) de espigas sem palha em cm e em mm, respectivamente, sendo considerada a média de 10 espigas representativas da parcela; qualidade de espiga (QUESP), nota de qualidade de espigas variando de 1 a 5 sendo a nota “1” atribuída às parcelas com espigas de aparência ótima e nota “5” às parcelas com espigas de aparência péssima; e cor de grãos (CORG), tomada pela nota de cor de grão variando de 1 a 4, sendo a nota “1” atribuída às parcelas com predominância de grãos amarelo claro; “2”, aos grãos amarelos médios; “3”, aos grãos amarelos escuros; e “4”, aos alaranjados.

As análises estatísticas e os testes de Scott-Knot para comparação de médias foram realizados por meio do programa GENES. O PG foi corrigido pelo STD pelo método do estande ideal.

Resultados e Discussão

Os resultados na análise de variância são apresentados na Tabela 1. O coeficiente de variação percentual para PG foi 19,42%, o que indica boa precisão experimental. Foram observadas diferenças significativas entre os tratamentos para os seguintes caracteres: NDFM, STD, UMID, PESP, PG, CESP, QUESP e CORG. Com base nesses resultados, foram realizados os testes de médias com o objetivo de identificar tratamentos com potencial para prosseguirem no programa de melhoramento.

As médias dos tratamentos de maior PG e o agrupamento pelo teste de médias são apresentados na Tabela 2. Nessa tabela, estão apenas as médias das testemunhas e dos genótipos que foram classificados como maiores PG, pois essa é uma condição indispensável para a seleção. As médias favoráveis e os tratamentos que apresentaram desempenho superior para vários caracteres foram grifados em cinza. De acordo com esse critério, foram selecionados os genótipos: Csh-p4xL54056, Csh-p1xL540404 e Csh-p2xL54056.

Dentre as testemunhas, apenas o SWB 551 apresentou média de PG classificada como superior. As demais testemunhas, apesar de terem sido classificadas em um patamar inferior em relação a PG, apresentaram desempenho favorável para outros caracteres. É importante observar que todos os genótipos selecionados foram derivados do composto *shrunken*, e não do composto *shrunken* elite, como era esperado. Foi possível selecionar genótipos superiores em combinação com ambas as linhagens genitoras do BRS Vivi. Esses resultados permitiram a seleção de famílias promissoras para o melhoramento de milho-doce.

Conclusão

As famílias Csh-p4, Csh-p1 e Csh-p2 apresentaram melhor desempenho quanto a caracteres de importância agrônômica e qualidade de espigas em cruzamento com linhagens genitoras do BRS Vivi, e, assim, têm potencial para prosseguir no programa de melhoramento de milho-doce.

Tabela 1. Resumo do quadro de análise de variância entre híbridos experimentais de milho-doce para os diversos caracteres avaliados em Sete Lagoas - 2013.

FV	GL	NDFM		NDFP		AP		AE	
		QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Bl.	2	0,95		1,23		1114,5		265,95	
Trat	34	2,71	2,14**	2,42	1,54	343,60	1,32	102,14	0,90
Erro	68	1,27		1,57		260,11		113,27	
Med		83,52		85,66		287,76		137,48	
CV%		1,35		1,46		5,60		7,74	
FV	GL	STD		%ACQ		PROL		UMID	
		QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Bl.	2	7,97		0,05406		0,0444		1,17	
Trat	34	8,731,70	*	0,03880	1,23	0,0188	1,24	1,86	3,40**
Erro	68	5,13		0,03143		0,0152		0,55	
Med		22,91		1,19		0,83		12,70	
CV%		9,89		14,93		14,87		5,83	
FV	GL	PESP		PG		CESP		DESP	
		QM	F	QM	F	QM	F	QM	F
Bl.	2	0,77		0,85		0,79		0,78	
Trat	34	4,27	7,16**	0,83	3,55**	4,07	8,96**	6,36	1,36
Erro	68	0,59		0,23		0,45		4,70	
Med		3,97		2,46		13,74		44,21	
CV%		19,42		19,63		4,91		4,91	
FV	GL	QUESP		CORG					
		QM	F	QM	F				
Bl.	2	0,02		0,40					
Trat	34	1,35	2,90**	0,96	2,82**				
Erro	68	0,47		0,34					
Med		2,46		2,48					
CV%		27,75		23,59					

^{NS} não significativo, * e ** significativos aos níveis de 5 e 1% de prob. pelo teste de F, respectivamente.

Tabela 2. Médias e testes de médias para os híbridos experimentais de milho-doce avaliados em Sete Lagoas - 2013.

Tratamento	PG	NDFM	UMID	PESP	CESP	QUESP	CORG
Csh-p4xL54056	3,75A ¹	73A	12,5B	7,38A	16,1A	1,3B	2,0B
Csh-p4xL540404	3,54A	73A	12,4B	6,11A	14,6B	3,0A	2,0B
Swb 551	3,34A	69B	13,5A	5,60A	14,5B	2,3B	2,7A
Csh-el-p4xL54056	3,22A	73A	12,9A	6,15A	17,0A	2,5B	3,0A
Csh-el-p7xL54056	3,21A	73A	13,9A	4,70B	13,8B	3,0A	2,7A
Csh-p1xL540404	2,85A	73A	11,6B	4,26B	13,4A	1,6B	1,7B
Csh-el-p22xL540404	2,83A	73A	12,9A	4,90B	14,0B	2,0B	2,7A
Csh-p1xL54056	2,81A	73A	12,0B	4,90B	14,7B	1,1B	2,0B
Csh-el-p23xL54056	2,76A	73A	13,0A	4,63B	13,7B	2,0B	3,1A
Csh-p3xL54056	2,70A	70B	12,6B	4,90B	13,0C	2,3B	3,0A
Csh-el-p11xL54056	2,67A	71B	13,9A	4,38B	14,6B	1,8B	2,7A
Csh-p2xL54056	2,65A	71B	14,2A	5,50A	14,8B	1,8B	1,8B
Csh-el-p14xL54056	2,63A	73A	14,2A	4,00C	14,1B	1,0B	3,5A
Csh-el-p25xL54056	2,62A	73A	12,0B	4,80B	14,7B	2,6A	1,8B
Csh-el-p23xL540404	2,58A	71B	12,3B	3,60C	13,7B	3,0A	2,3B
Csh-el-p27xL54056	2,52A	72A	12,5B	4,21B	14,3B	2,0B	3,7A
Tropical plus	2,27B	72A	11,0B	3,71C	14,1B	2,3B	3,3A
BRS vivi	2,18B	71B	13,4A	3,64C	13,2C	2,3B	1,7B

¹ Médias seguidas pela mesma letra não se diferenciam de acordo com o teste de Scott-Knott ao nível de 1% de probabilidade.

Referências

PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C.; COSTA, R. V. da. Milho doce. In: CRUZ, J. C. (Ed.). **Milho**. Brasília, DF: Embrapa, 2013. Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONT000fy779fnk02wx5ok0pvo4k3wpdjd8h.html>>. Acesso em: 04 fev. 2014.

TEIXEIRA, F. F.; MIRANDA, R.; PAES, M. C. D.; SOUSA, S. M. de ; GAMA, E. E. **G. Melhoramento do milho-doce**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2013. 32 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 154). Disponível em: <<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/967082/1/doc154.pdf>>. Acesso em: 13 fev. 2014.

TRACY, W. F. Sweet corn. In: HALLAUER, A. R. (Ed.). **Specialty corns**. Boca Raton: CRC Press, 2001. p. 155-197.