

PRÉ-MELHORAMENTO EM MILHO (*Zea mays* L.)

Luciano Lourenço Nass¹

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Palavras-chave: recursos genéticos, utilização, pré-melhoramento, milho

O milho (*Zea mays* L.) é uma gramínea pertencente a tribo *Maydeae*, que por sua vez compreende sete gêneros, sendo dois nativos do Hemisfério Ocidental (*Zea* e *Tripsacum*) e cinco da Ásia (*Coix*, *Chionachne*, *Polytoca*, *Sclerachne* e *Trilobachne*). O gênero *Zea* compreende cinco espécies: *Z. mays*, *Z. mexicana*, *Z. luxurians*, *Z. diploperennis* e *Z. perennis*. As quatro últimas são comumente denominadas de teosinte. Todo o gênero apresenta $2n = 20$ cromossomos, com exceção de *Z. perennis*, que é tetraplóide. O cruzamento do milho com os vários teosintes são viáveis e produzem híbridos férteis, exceto com *Z. perennis*. Hoyt (1992) enfatizou que os parentes silvestres podem ser incluídos em qualquer das três categorias de conjunto gênico (*gene pool*). No caso do milho, o conjunto gênico primário inclui a espécie cultivada (*Zea mays*) e os parentes silvestres *Zea mexicana* e *Zea diploperennis*. No conjunto gênico secundário encontram-se *Zea perennis* e *Tripsacum* spp., enquanto o conjunto gênico terciário inclui parentes silvestres mais distantes e espécies silvestres afins.

No levantamento realizado por Hallauer & Miranda Filho (1988) foram encontradas aproximadamente 300 raças de milho nos vários estudos conduzidos no Hemisfério Ocidental. Brieger *et al.* (1958) e Paterniani & Goodman (1977) descreveram e avaliaram o potencial genético das raças de milho do Brasil e países vizinhos. Segundo Paterniani & Goodman (1977), cerca de 50% das raças descritas são adaptadas às baixas altitudes (0 a 1.000 m), 10% às altitudes intermediárias (1.000 a 2.000 m) e 40% desenvolvem-se melhor em altitudes superiores a 2.000m. Considerando-se o tipo de endosperma, as raças dividem-se em 40% amiláceas, 30% duras (*flint*), 20% dentadas, menos de 10% pipoca e quase 3% doce.

O milho, provavelmente, é tão antigo quanto os primórdios da agricultura. Sua domesticação ocorreu há cerca de 7.000 a 10.000 anos (Paterniani, 1993), tornando-se a espécie vegetal com maior grau de domesticação. O grau de domesticação é tão alto que, hoje, esta espécie não sobrevive sem os cuidados do homem. Além disso o milho é a espécie vegetal geneticamente mais estudada. A importância econômica, a estrutura genética, o número de cromossomos, o tipo de reprodução, a facilidade para realizar polinizações manuais e a possibilidade de gerar diferentes tipos de progênies, são fatores que muito contribuíram no sentido de tornar este cereal um modelo para as espécies alógamas.

Ao nível mundial, os bancos de germoplasma conservam aproximadamente 100.000 acessos de milho (Chang, 1992). Atualmente, o banco de germoplasma do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) mantém cerca de 18.000 acessos (Hoisington *et al.*, 1999), computando-se conjuntamente as coleções de base e ativa. De acordo com as projeções para as duas próximas décadas esse número poderá atingir 30.000 acessos. No Brasil, a coleção de base tem 2.884 acessos, enquanto a coleção ativa (BAG-Milho) conta com 2.396 acessos. Recentemente, foram repatriados 1.374 acessos que estavam sendo mantidos pelo banco de germoplasma do CIMMYT, os quais, oportunamente, serão incorporados ao sistema de conservação a médio e longo prazos (Nass *et al.*, 1999).

Os melhoristas de milho têm concentrado seus esforços em poucas raças, apesar da enorme variabilidade genética disponível (Brown, 1975). Nos Estados Unidos da América há uma intensa exploração do padrão heterótico formado pelas populações *Reid Yellow Dent* e *Lancaster Sure Crop*. Goodman (1990) ressaltou que apenas seis linhagens ou derivações destas estão presentes em aproximadamente 70% dos híbridos americanos. Essas linhagens são: C103, Mo17 e Oh43 (tipo Lancaster) e A632, B37 e B73 (tipo Reid).

O reconhecimento da importância dos recursos genéticos é praticamente incontestável. As atividades de rotina dos bancos de germoplasma como coleta, caracterização, avaliação, documentação e conservação dos acessos demandam pesquisadores qualificados de diversas áreas do conhecimento, apresentam um custo elevado e o retorno é quase sempre a longo prazo. Além da conservação da variabilidade genética para uso futuro, outro objetivo desejado é que os acessos disponíveis sejam utilizados pela sua clientela.

De maneira geral, a utilização dos acessos mantidos nos bancos de germoplasma é baixa. Entretanto, a baixa utilização dos bancos de germoplasma é uma realidade mundial, não sendo restrita ao Brasil ou aos países em desenvolvimento (Nass *et al.*, 1993). As principais razões para a baixa utilização dos acessos disponíveis nos bancos de germoplasma são: (a) a falta de documentação e descrição adequada das coleções; (b) a falta de informações desejadas pelos melhoristas; (c) a adaptação restrita dos acessos; (d) o número insuficiente de melhoristas, principalmente nos países em desenvolvimento; (e) a falta de avaliação das coleções; (f) a pouca disponibilidade de sementes, devido a esquemas de regeneração inadequados; (g) a troca de materiais entre os melhoristas; (h) a satisfação dos melhoristas com a variabilidade genética encontrada nos materiais elites; (i) a dificuldade de identificar genes potencialmente úteis; e (j) a ausência de programas de pré-melhoramento (*pre-breeding*). As causas da baixa utilização dos bancos de germoplasma são amplamente discutidas por Salhuana (1987) e Marshall (1989).

A troca de materiais entre melhoristas é uma prática comum, constituindo-se em uma excelente alternativa para ampliar a variabilidade genética nos programas de melhoramento. Além disso, os pesquisadores geralmente encontram suficiente variabilidade genética entre os materiais elites (Duvick, 1984; Paterniani, 1987; Peeters & Galwey, 1988; Nass *et al.*, 1993). Atualmente, no melhoramento de milho, as linhagens elites são consideradas as melhores fontes de germoplasma, simplesmente porque elas contêm as combinações genéticas superiores para produtividade, as quais satisfazem plenamente as necessidades do mercado (Troyer, 1990).

As pesquisas com recursos genéticos envolvem uma série de atividades essenciais, as quais necessitam de um considerável suporte financeiro e principalmente exigem continuidade. De uma maneira geral a estrutura dos bancos de germoplasma compreende as seguintes atividades: introdução e intercâmbio de germoplasma, coleta, caracterização, avaliação, documentação e conservação. A fim de que os objetivos básicos dos bancos de germoplasma sejam alcançados, tais como a manutenção da variabilidade genética e a utilização dos acessos, é de fundamental importância que haja uma sincronia perfeita entre as diferentes atividades. Por outro lado, os melhoristas de plantas conduzem seus programas em função da variabilidade genética disponível para atender ao(s) objetivo(s) do melhoramento. Tanto no setor público quanto no privado, os melhoristas estão empenhados no desenvolvimento de materiais que preencham as necessidades atuais e futuras do mercado no menor espaço de tempo e com o menor custo possível. Os programas de melhoramento geralmente utilizam cruzamentos entre materiais elites (Goodman, 1990), uma vez que estas populações apresentam elevado potencial genético para os caracteres de interesse (Duvick, 1984; Paterniani, 1987; Troyer, 1990; Nass *et al.* 1993). Desta forma, os genes potencialmente úteis mantidos nas coleções somente serão utilizados caso sejam incorporados nos materiais considerados elite.

A alternativa mais promissora para servir de ponte entre os recursos genéticos e os programas de melhoramento é a intensificação das atividades relacionadas com o pré-melhoramento (*pre-breeding*). Pode-se conceituar pré-melhoramento como o conjunto de atividades que visam a identificação de caracteres e/ou genes de interesse, presentes em materiais não adaptados (exóticos ou semi-exóticos) ou que não foram submetidos a qualquer processo de melhoramento, e sua posterior incorporação nos materiais adaptados de elevado potencial produtivo (elites).

Diferentes interpretações são encontradas na literatura para o termo exótico. Para fins de pré-melhoramento a definição mais adequada é apresentada por Hallauer & Miranda Filho (1988), onde germoplasma exótico inclui todos os materiais que não apresentam utilidade imediata sem uma seleção prévia para adaptação em uma determinada área. Nesse contexto, o germoplasma exótico

pode ser constituídos por raças, populações, linhagens, etc. Por sua vez, materiais semi-exóticos são produto do cruzamento de materiais exóticos com adaptados, onde diferentes proporções de introgressão podem ser obtidas e avaliadas. De acordo com Hallauer (1978), o procedimento mais comum em estudos com germoplasma exótico tem sido a avaliação de populações semi-exóticas.

Um exemplo importante de pré-melhoramento em milho foi o Projeto Latino-Americano de Milho (LAMP), com participação de 12 países (Argentina, Bolívia, Brasil, Colômbia, Chile, Estados Unidos, Guatemala, México, Paraguai, Peru, Uruguai e Venezuela), onde na primeira etapa foram avaliados cerca de 15.000 acessos, através de um esforço conjunto de melhoristas dos setores público e privado. Outro exemplo é o *Germplasm Enhancement of Maize* (GEM) que está utilizando os acessos de maior potencial identificados pelo LAMP, na tentativa de incorporar genes tropicais em linhagens elites americanas.

No Brasil, o Núcleo de Apoio a Pesquisa em Milho (NAP-MILHO) coordenado pela ESALQ/USP e composto por instituições públicas e privadas, está desenvolvendo um programa de pré-melhoramento com ênfase para resistência às principais doenças foliares do milho. Atualmente, a ocorrência de doenças foliares do milho causadas por fungos, bactérias, vírus e por um complexo micoplasma/espiroplasma, tem sido fator limitante da produtividade nas nossas condições. Esse projeto realizou uma ampla avaliação do germoplasma de milho disponível no Brasil, sendo avaliados aproximadamente 1.300 acessos e 140 populações com algum grau de melhoramento genético, em 12 locais representativos dessa cultura no país. As doenças consideradas nesse projeto foram: mancha por *Exserohilum turcicum* (*Exserohilum turcicum*), ferrugem polysora (*Puccinia polysora*), ferrugem branca ou tropical (*Physophella zaeae*), mancha por *Phaeosphaeria* (*Phaeosphaeria maydis*) e enfezamento e viroses (micoplasma / espiroplasma e viroses). A partir dos materiais promissores identificados serão sintetizadas e disponibilizadas populações específicas com alta concentração de alelos de resistência para as doenças avaliadas.

Os programas de pré-melhoramento têm auxiliado sobremaneira na avaliação do potencial genético dos acessos mantidos nos bancos de germoplasma, aumentando, pois, a possibilidade de utilização desses recursos genéticos. Além do conhecimento mais apurado dos acessos disponíveis nos bancos de germoplasma, tais programas podem auxiliar na definição de grupos heteróticos de interesse para programas de melhoramento onde o objetivo final é o desenvolvimento de híbridos. Outro aspecto a ser considerado é que a existência de programas bem sucedidos de pré-melhoramento deverá contribuir efetivamente com uma grande quantidade de informações para o estabelecimento de coleções nucleares (*core collections*).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BRIEGER, F.G.; GURGEL, J.T.A.; PATERNIANI, E.; BLUMENSCHNEIN, A.; ALLEONI, M.R. **Races of maize in Brazil and other Eastern South America Countries.** s.l.: s.ed., 1958. (NAS-NRC Publ. 593)
- BROWN, W.L.. A broader germplasm base in corn and sorghum. **Proc. Ann. Corn and Sorghum Res. Conf.**, v.30, p.81-89, 1975.
- CHANG, T.T. Availability of plant germplasm for use in crop improvement. In: STALKER, H.T.; MURPHY, J.P. (Ed.) **Plant breeding in the 1990s.** Melksham: Redwood Press, 1992. p. 17-35.
- DUVICK, D.N. Genetic diversity in major farm crops on the farm and in reserve. **Econ. Bot.**, v.38, p.161-178, 1984.
- GOODMAN, M.M. Genetic and germplasm stocks worth conserving. **J. of Heredity**, v.81, p.11-16, 1990.
- HALLAUER, A.R. Potential of exotic germplasm for maize improvement. In: WALDEN, D.B. (Ed) **Maize Breeding and Genetics.** New York, John Wiley, 1978. p.229-247.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding.** Ames: Iowa University Press, 1988. 468p.

- HOISINGTON, D.; KHAIRALLAH, M.; REEVES, T.; RIBAUT, J.M.; SKOVMAND, B.; TABA, S.; WARBURTON, M. Plant genetic resources: what can they contribute toward increased crop productivity? **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, v.96 p.5937-5943, 1999. (<http://www.pnas.org/cgi>)
- HOYT, E. **Conservação dos parentes silvestres das plantas cultivadas**. Wilmington: Addison-Wesley Iberoamericana, 1992. 52p.
- MARSHALL, D.R. Limitations to the use of germplasm collections. In: BROWN, A.D.H.; FRANKEL, O.H.; MARSHALL, D.R.; WILLIAMS, J.T. (Eds.) **The Use of Plant Genetic Resources**. Cambridge University Press, London, 1989. p.105-120.
- NASS, L.L.; PELLICANO, I.J.; VALOIS, A.C.C. Utilization of genetic resources for maize and soybean breeding in Brazil. **Brazil. J. Genetics**, v.16, p.983-988, 1993.
- NASS, L.L.; SANTOS, M.X.; PATERNIANI, E. Importância das coleções de milho e perspectivas de coleta. In: WALTER, B.M.T. & CAVALCANTI, T.B. **Fundamentos para a coleta de germoplasma vegetal**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. 1999. /No prelo/.
- PATERNIANI, E. An evaluation of the genetic diversity in the varieties currently utilized. In: PLANT BREEDING RESEARCH FORUM: report 1985. Caracas, 1987. p.45-58.
- PATERNIANI, E. Métodos tradicionais de melhoramento do milho. In: BÜLL, L.T.; CANTARELLA, H. (Ed.) **Cultura do milho**: fatores que afetam a produtividade. Piracicaba: Potafos, 1993. p.23-43.
- PATERNIANI, E.; GOODMAN, M.M. **Races of maize in Brazil and adjacent areas**. Mexico: CIMMYT, 1977. 95p.
- PEETERS, J.P.; GALWEY, N.W. Germplasm collections and breeding needs in Europe. **Econ. Bot.**, v.42, p.503-521, 1988.
- SALHUANA, W. Strategies for increasing the use of germplasm. In: PLANT BREEDING RESEARCH FORUM: report 1985. Caracas, 1987. p.141-172.
- TROYER, A.F. A retrospective view of corn genetic resources. **J. of Heredity** v.81,p.17- 24,1990.