

Pré-Melhoramento de Milho Visando Resistência aos Enfezamentos

Flavia França Teixeira¹, Flaviane Malaquias Costa², Elizabeth de Oliveira Sábato¹, Carlos Eduardo Prado Leite¹, Walter Fernandes Meirelles¹, Claudia Teixeira Guimarães¹, Silvia Neto Jardim Belicuas¹

Resumo

O Banco Ativo de Germoplasma de Milho (BAGMilho) é uma coleção de grande valor para o melhoramento de plantas pois é uma fonte de ampla variabilidade genética. Entretanto, o uso do BAGMilho é reduzido atualmente, uma vez que os materiais-elite trabalhados pelo melhorista têm desempenho superior aos acessos do BAG. Para que esse impasse seja superado, é preciso que sejam identificadas fontes de variabilidade útil em programas de pré-melhoramento e que essas fontes sejam introgridas em materiais-elite e avaliadas em diversas condições ambientais. O objetivo deste trabalho foi avaliar agronomicamente híbridos experimentais de milho obtidos no programa de pré-melhoramento a partir de acessos do BAGMilho identificados previamente como fontes de resistência aos enfezamentos. Famílias endogâmicas derivadas do cruzamento do acesso NAP Corn Stunt com linhagens-elite foram hibridizadas com testadores dos grupos heteróticos duro e dentado para a seleção de híbridos experimentais. Os ensaios foram conduzidos em cinco condições ambientais para a avaliação de 92 híbridos experimentais e 4 testemunhas quanto à produtividade de grãos (PG) e percentual de plantas com sintomas dos enfezamentos (%D), dentre outros caracteres de importância agrônoma. Os tratamentos diferiram para a maioria dos caracteres considerados, o que permitiu a seleção dos híbridos experimentais PL109xL1, PL237xL1, PL324x L1, PL422xL2 e PL586xL2 que conciliaram alto PG e baixo %D em todas as condições ambientais e outros caracteres favoráveis.

Introdução

O Banco Ativo de Germoplasma de Milho (BAGMilho) mantido na Embrapa Milho e Sorgo preserva cerca de 4.000 acessos, em sua maioria coletados em território brasileiro, e é uma importante fonte de variabilidade genética para suprir os programas de melhoramento. Porém, as cultivares comerciais e os materiais-elite utilizados nos programas de melhoramento e os acessos do BAGMilho se tornaram coleções bem distintas devido à elevada performance agrônoma presente nos materiais-elite. Por essa razão, o potencial de uso direto de acessos provenientes do BAGMilho em programas de melhoramento é praticamente nulo, apesar de já terem sido identificados acessos fontes de resistência a estresses abióticos e bióticos, entre eles os enfezamentos (MIRANDA FILHO et al., 2000).

Novas fontes de variabilidade genética enriquecem a coleção de trabalho do melhorista por meio da ampliação de sua base genética, o que pode levar à diminuição da vulnerabilidade genética dos materiais-elite (NASS; PATERNIANI, 2000). Para que a ampliação da base genética possa chegar ao milho cultivado é de fundamental importância que as novas fontes tenham desempenho agrônomo satisfatório e, com isso, despertem o interesse do seu uso no melhoramento. Desta forma, o pré-melhoramento poderá ser útil para o desenvolvimento de novas cultivares com alta aceitação devido à introgressão de alelos que confirmam novas fontes de variabilidade aos programas de melhoramento. Uma forma interessante para aumento da utilização da variabilidade contida no BAGMilho é a introgressão de alelos favoráveis de acessos do BAG em linhagens-elite de desempenho conhecido e integrados aos grupos heteróticos usados no programa.

Os relatos de prejuízos na cultura do milho devido à incidência de enfezamentos tornaram-se mais frequentes e crescentes a partir dos anos 90, especialmente em localidades onde se optou pelo cultivo do milho safrinha. A existência de milho no campo por um período maior ao longo do ano promove abrigo para a cigarrinha-do-milho, o inseto transmissor do agente causal dos complexos dos enfezamentos (OLIVEIRA et al., 2002). Segundo a previsão do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), a área colhida com o milho safrinha no Brasil em 2011 é cerca de 5,76 milhões de ha, o que corresponde a aproximadamente 40% da área total cultivada com milho no Brasil. A produção de milho safrinha deve aumentar cerca de 7,6% na safra 2010/11 em relação à anterior, passando de 22,96 para 24,70 milhões de toneladas (GRUPO DE COORDENAÇÃO DE ESTATÍSTICAS AGROPECUÁRIAS, 2011). O fato de que o milho safrinha tem ganhado cada vez mais importância no Brasil é uma constatação geral entre pesquisadores e produtores rurais. Portanto, agora o grande desafio é tornar a segunda safra, além de uma boa opção técnica, mais rentável para o produtor (EMBRAPA MILHO E SORGO, 2009).

A herança da resistência genética aos enfezamentos foi estudada por Silveira et al. (2008), que encontraram efeitos aditivos e de dominância com poucos genes no controle do caráter e indicam que para o aumento da resistência aos enfezamentos devem ser consideradas combinações específicas devido aos efeitos de

1 – Pesquisador Embrapa Milho e Sorgo

2 – Mestranda em Recursos Genéticos Universidade Estadual de Santa Catarina

heterose.

O objetivo deste trabalho foi avaliar agronomicamente híbridos experimentais de milho obtidos no programa de pré-melhoramento a partir de acessos do BAGMilho identificados previamente como fontes de resistência aos enfezamentos.

Material e Métodos

Foram avaliados 92 híbridos experimentais de milho, obtidos pelo cruzamento de famílias endogâmicas e linhagens-elite do melhoramento, e 4 testemunhas. Duas linhagens-elite (pais recorrentes), representantes dos dois grupos heteróticos explorados pelo programa de melhoramento de milho da Embrapa Milho e Sorgo, foram cruzadas com o acesso do BAGMilho denominado NAP Corn Stunt (pai doador), indicado por MIRANDA FILHO et al. (2000) como composto fonte de resistência aos enfezamentos. As populações obtidas foram retrocruzadas com os pais recorrentes e as duas populações de RC foram conduzidas em campo para autofecundação de plantas e obtenção de 92 famílias endogâmicas com a seleção de 46 plantas em cada população, ou seja, foram derivadas 46 famílias de cada grupo heterótico. A identificação das famílias foi atribuída de acordo com as plantas das quais foram derivadas por meio das letras “PL” seguidas de três algarismos. Essas famílias foram cruzadas com linhagens de grupos heteróticos opostos aos pais recorrentes, denominadas L1 e L2, representantes dos grupos duro e dentado, respectivamente. Assim, foram obtidos os 92 híbridos experimentais. As testemunhas foram o acesso de milho NAP Corn Stunt e as cultivares BRS Angela, BRS 1010 e BRS 1030.

Os tratamentos foram avaliados em 5 condições ambientais: Sete Lagoas safra (SL1), Janaúba safra (J1), Sete Lagoas safrinha (SL2), Janaúba safrinha (J2) e Londrina safrinha (L2). É importante ressaltar que, visando obter condições favoráveis ao aparecimento do vetor, ao desenvolvimento do patógeno e à discriminação dos seus efeitos, os plantios foram realizados um pouco após o período de implantação das lavouras de milho em cada época e localidade. Os ensaios foram conduzidos em Delineamento de Blocos Casualizados e compostos de 96 tratamentos, com 3 repetições. Cada parcela experimental foi composta de uma linha de 5 metros lineares, com espaçamento de 08,0 m entre linhas e densidade de semeadura de 5 plantas por metro linear. Todos os ensaios foram conduzidos em áreas experimentais da Embrapa onde foram realizados os tratos culturais indicados para o milho e todos os ensaios contaram com irrigação, quando necessária.

Os caracteres considerados na avaliação foram número de dias para florescimentos masculino (FM) e feminino (FF), tomado pelo número de dias entre a emergência de plântulas e a floração de 50% das plantas na parcela; alturas de planta (AP) e de espiga (AE), em cm; percentual de plantas acamadas ou quebradas (%ACQ), tomada pela divisão do número de plantas tombadas ou acamadas dividido pelo número de plantas da parcela; prolificidade (PROL); percentual de plantas com sintomas dos enfezamentos (%D), tomado pela razão entre o número de plantas que apresentaram sintomas da doença (OLIVEIRA et al., 2008) e o número de plantas da parcela; e produtividade de grãos (PG), em t/ha com correção de umidade para 13%. É importante salientar que os caracteres %D e PG foram tomados nas 5 avaliações, entretanto, os demais caracteres foram considerados em alguns ambientes. Os dados obtidos foram submetidos às análises estatísticas por meio do programa GENES (CRUZ, 2006) e foi empregado o teste de Scott-Knott para a discriminação dos genótipos e análise dos híbridos mais promissores sob o ponto de vista do melhoramento por associarem alta produtividade de grãos à resistência aos enfezamentos.

Resultados e Discussão

Os resultados das análises de variância mostraram que os tratamentos diferiram para todos os caracteres avaliados, exceto para AE. Foi observada também a interação entre genótipos por ambientes para os caracteres FM, AP, %D e PG. Os ensaios apresentaram boa precisão experimental, com estimativa do coeficiente de variação médio (CV%) na ordem de 19,1% para PG. De acordo com os resultados das análises de variância, foram efetuados os testes de médias para a seleção de genótipos mais promissores para o programa de melhoramento. Alguns dos resultados obtidos nos testes de médias são apresentados na Tabela 1. É importante salientar que nessa tabela foram incluídos apenas os tratamentos que apresentaram PG classificados como superiores nos 5 ambientes e apenas os caracteres cujas médias formaram agrupamentos pelo teste de Scott-Knott. As médias gerais para PG variam de 5,17 t/ha, em J2, a 7,28 t/ha, em L2, e as médias gerais para %D variaram de 8,68%, para SL1, a 30,21%, para J1. Nas avaliações do %D foi observada a predominância dos sintomas do enfezamento causado por espiroplasma.

Tabela 1. Médias e testes de médias dos tratamentos que apresentaram PG superiores nas 5 condições ambientais.

Trat.	PG Cj	%D SL1	%D J1	%D J2	%D L2	FM SL2	AP SL1	%ACQ Cj	PROL Cj
PL199xL1	8,14 A	5,81 B	41,33 A	17,52 C	19,54 C	59,67 B	245,0 B	9,71 B	1,04 B
PL380xL2	7,93 A	8,96 B	24,86 B	23,08 B	5,80 C	60,33 B	255,0 A	5,80 B	1,04 B
PL201xL1	7,86 A	7,52 B	36,10 A	29,30 B	13,83 C	60,33 B	253,3 A	5,99 B	1,07 A
BRS1010	7,84 A	7,27 B	36,13 A	26,05 B	12,01 C	60,00 B	260,0 A	10,05 B	1,18 A
PL422xL2	7,71 A	6,00 B	24,10 B	9,03 C	9,26 C	61,67 A	268,3 A	9,26 B	1,00 B
PL222xL1	7,55 A	9,91 B	35,39 A	15,60 C	10,71 C	60,33 B	260,0 A	8,49 B	1,08 A
PL586xL2	7,54 A	8,64 B	25,27 B	14,44 C	13,21 C	60,67 B	261,7 A	24,80 A	1,08 A
PL667xL2	7,54 A	4,81 B	33,33 A	18,56 C	17,79 C	61,33 A	265,0 A	17,79 A	1,08 A
PL109xL1	7,43 A	10,38 B	28,42 B	12,57 C	15,73 C	60,33 B	256,7 A	13,35 B	1,11 A
PL237xL1	7,43 A	7,26 B	21,16 B	11,16 C	20,79 C	60,67 B	253,3 A	7,72 B	1,13 A
PL324xL1	7,28 A	4,77 B	25,46 B	18,45 C	6,41 C	62,00 A	258,3 A	17,51 A	1,01 B
PL549xL2	7,19 A	5,89 B	42,35 A	25,00 B	17,04 C	60,67 B	256,7 A	9,08 B	1,12 A

1 médias seguidas pelas mesmas letras na coluna não diferenciaram entre si pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

O programa de pré-melhoramento visa disponibilizar genótipos de boa performance e que forneçam novas fontes de variabilidade útil ao melhoramento, portanto a seleção dos híbridos experimentais promissores para o programa de melhoramento foi realizada em duas etapas. Primeiramente, foram selecionados os híbridos experimentais com PG superior em todas as condições ambientais. Após essa restrição preliminar, foi realizada a segunda etapa de seleção em que foram considerados o %D e outros caracteres favoráveis. Tendo em vista esse critério, preliminarmente foram selecionados 12 tratamentos, entre eles apenas uma testemunha, o híbrido simples BRS 1010 e 11 híbridos experimentais, o que corresponde a 11,96% do total dos híbridos experimentais. Na segunda etapa de seleção, apenas os híbridos experimentais PL109xL1, PL237xL1, PL324xL1, PL422xL2 e PL586xL2 conciliaram alta PG e baixo %D em todas as condições ambientais, e ainda, outros caracteres favoráveis. A pressão de seleção utilizada foi bastante elevada, pois, considerando as duas etapas de seleção, apenas 6 híbridos experimentais foram considerados promissores para prosseguirem no programa de melhoramento, o que corresponde à seleção de 5,43% dos materiais testados. É importante ressaltar que foram selecionados híbridos experimentais em ambos os grupos de cruzamentos, ou seja, híbridos envolvendo os testadores dos grupos heteróticos duro (L1) e dentado (L2), o que mostra que a partir de cruzamentos em que um dos genitores foi o acesso NAP Corn Stunt foi possível derivar famílias endogâmicas promissoras para cruzamento envolvendo ambos os grupos heteróticos utilizados no programa de melhoramento de milho da Embrapa Milho e Sorgo.

Agradecimentos

À Embrapa Milho e Sorgo pelo apoio no desenvolvimento das famílias endogâmicas e pela condução das avaliações fenotípicas.

À FAPEMIG pelo apoio na apresentação dos resultados.

Referências.

Cruz CD (2006) Programa Genes: Biometria. Editora UFV, Viçosa, 382p.

Embrapa Milho e Sorgo (2009) Seminário aborda rentabilidade com milho safrinha. Disponível: <<http://www.embrapa.br/imprensa/noticias/2009/novembro/3a-semana/seminario-aborda-rentabilidade-com-milho-safrinha/?searchterm=milho%20safrinha%202010>>. Acesso em: 06 maio 2010.

Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias - GCEA/IBGE, DPE, COAGRO (2011). Levantamento Sistemático da Produção Agrícola.

Disponível: <<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/defaulttab.shtm>>. Acesso em: 23 maio 2011.

Miranda Filho JB, Nass LL, Santos MX, Regitano Neto A (2000) Avaliação de acessos de milho para resistência a doenças foliares. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, 147 p.

Nass LL and Paterniani E. (2000) Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. *Scientia Agricola*, 57: 581-587.

Oliveira E, Pinto NFJA and Fernandes FT (2008) Identificação e Controle de Doenças na Cultura do Milho. Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, 157 p.

Oliveira E, Carvalho RV, Duarte AP, Andrade RV, Resende RO, Oliveira CM and Recco, PC (2002) Mollicutes e vírus em milho na safrinha e na safra de verão. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 1: 38-46.

Silveira FT, Moro JR, Silva HP, Oliveira JA and Percin D (2008) Herança da resistência ao enfezamento em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43: 1717-1723.