

Populações Semiexóticas de Milho com Resistência ao Complexo do Enfezamento
Aurilene Santos Oliveira¹, José Branco de Miranda Filho², Edésio Fialho dos Reis³ e Luana de Oliveira Rodrigues⁴

¹, ², ³, ⁴Universidade Federal de Goiás, Campus Jataí. Jataí (GO). aurilene.s.oliveira@hotmail.com, jbmiranda45@usp.br, edesio7@brturbo.com.br e luana-agro@yahoo.com.br

RESUMO – Foram estudadas três populações semiexóticas de milho (CRE-01, CRE-02 e CRE-03), obtidas do cruzamento de linhagens endogâmicas do CIMMYT – Colômbia, com três populações locais adaptadas [geração F₂ do híbrido P3041, CMS-14C (EMBPARA) e composto ESALQ-PB23]. Foram utilizadas famílias de meios irmãos (50, 70 e 50) avaliadas em experimentos com três repetições na região de Jataí (GO) para estimar: variância genética aditiva (237, 485 e 608), coeficiente de herdabilidade (0,393; 0,584; 0,658), índice de variação (0,464; 0,684; 0,801) e ganho esperado por seleção (5,7%, 14,1% e 14,1%) para peso de espigas em g/planta. Os mesmos parâmetros também foram estimados para altura da planta e da espiga. Foram estimados outros parâmetros relacionados.

Palavras-chave: seleção recorrente, resistência a enfezamento, parâmetros genéticos

Introdução

A expansão da cultura do milho no Brasil, tanto pelo aumento da área cultivada como pela inclusão da segunda safra (*safrinha*) propiciou a disseminação de diversas enfermidades, particularmente as doenças foliares pelo aumento do fluxo e do potencial de inóculo (Miranda Filho, 1996). Dentre as doenças foliares importantes, destaca-se o complexo de enfezamento, causado por vírus e fitoplasma-espiroplasmas que são transmitidos pelo inseto vetor conhecido como cigarrinha (*Dalbulus maydis*). A incidência de doenças viróticas tem sido relatada com frequência em diversas regiões do país (Oliveira et al., 1998) e o desenvolvimento de germoplasma resistente tem sido a alternativa recomendada para o desenvolvimento de cultivares resistentes e minimizar a probabilidade de ocorrência de epidemias (Silva, 1993). Nos últimos anos, alguns programas têm se preocupado com o desenvolvimento de germoplasma com potencial de resistência a doenças foliares (Miranda Filho, 1996; Narro-León e Miranda Filho, 1998; Basso, 1999; Mesquita Neto, 2000). Neste contexto, foram introduzidas linhagens endogâmicas do Banco de Germoplasma do México (CIMMYT - Colômbia) tendo em vista a sua utilização para o desenvolvimento e melhoramento de populações semiexóticas com padrão confiável de resistência ao complexo do enfezamento.

Material e Métodos

Como parte do programa de introgressão de germoplasma exótico no Departamento de Genética (ESALQ-USP) foram introduzidas 682 linhagens do CIMMYT (Colômbia). As

linhagens foram plantadas na Estação Experimental de Anhembi (SP) e avaliadas para resistência ao complexo de enfezamento em parcelas de 15 plantas espaçadas de 0,90m. Após a avaliação, feita através de notas (0: resistente, 1: ótimo, 2: bom, 3: regular, 4: deficiente, 5: susceptível), foram selecionadas 51 linhagens com excelente padrão de resistência, as quais foram plantadas em um lote para autofecundação e cruzamento com três populações base (P-3041, CMS-14C e ESALQ-PB23) para fins de introgressão. Os tratamentos foram divididos em três experimentos e avaliados em duas épocas (dezembro de 2001 e novembro de 2002) em Piracicaba (SP). A partir dos resultados foram selecionadas as melhores linhagens para a síntese de três compostos com resistência ao “complexo de enfezamento”; assim, restaram 38, 39 e 32 linhagens que, em cruzamento com os respectivos testadores, resultaram nas populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03 (Gorgulho, 2002; Miranda Filho, 2003). Os três grupos de cruzamentos (linhagem x testador) foram plantados em lotes isolados para recombinação.

As populações passaram por mais uma fase de multiplicação de sementes e em 2008 foram plantadas em lotes isolados para a geração de famílias de meios-irmãos (MI), como início de um programa de seleção recorrente. Assim, foram obtidas 50, 70 e 50 MI das populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, as quais foram avaliadas em três experimentos em blocos casualizados com três repetições na região de Jataí (GO). As parcelas foram de 4m, espaçadas de 0,9m com 20 plantas por parcela. Foram avaliados os caracteres PE – peso de espigas (kg/parcela), AP e AE – altura da planta e da espiga em cm, como média de cinco plantas por parcela. Nas análises da variância, os quadrados médios de Famílias (Q_F) e Erro (Q_E) foram usados para estimação dos seguintes parâmetros, segundo metodologia descrita por Vencovsky e Barriga (1992) e Andrade e Miranda Filho (2008): σ_p^2 - variância genética entre famílias, σ_A^2 - variância genética aditiva, h_m^2 - coeficiente de herdabilidade para médias de famílias, CVg - coeficiente de variação genética, θ - índice de variação e Gs - ganho esperado por seleção, $E(m_I)$ – média esperada da população melhorada no ciclo I.

Resultados e Discussão

. Para produção, as médias populacionais (5,3 a 6,2 t ha⁻¹) não foram muito diferentes e estiveram em torno de 73% da média da testemunha (Tabela 1). As médias de altura da planta (AP) e da espiga (AE), em torno de 230 cm e 120 cm, foram maiores do que a testemunha nas três populações com acréscimo de 1,6%, 4,9% e 7,9% em AP e de 5,9% 12,7% e 15,8% em

AE nas populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, respectivamente. Em termos de produtividade a pequena inferioridade de CRE-03 pode ser explicada pelo testador utilizado (ESALQ-PB23) que é uma população de base ampla formada a partir de germoplasma essencialmente tropical, em fase de melhoramento menos avançada em relação às populações base dos outros dois compostos, ou seja, híbrido P3041 (Pioneer) em CRE-01 e CMS-14 (EMBRAPA) em CRE-02. A maior média de AP e AE em CRE-03 também é explicada pela base genética do testador. Os coeficientes de variação (<16% para PE, <5,5% para AP e <9,6% para AE) estão dentro dos padrões usuais que não comprometem a precisão dos experimentos.

Um resumo da análise da variância consta na Tabela 2, que mostrou significância pelo teste F ($P < 0,01$) para os três caracteres em todas as populações. O valor relativo dos quadrados médios para Famílias seguiu a ordem CRE-01 < CRE-02 < CRE-03 para os três caracteres, mostrando maior expressão de variabilidade em CRE-03. Outros parâmetros quantitativos apresentados na Tabela 3 confirmam esta tendência. De fato, a variância aditiva (σ_A^2), que mais interessa para o melhoramento, foi de 237, 485 e 608 (g pl^{-1})² para PE, 189, 410 e 708 cm^2 para AP e 253, 406 e 560 cm^2 para AE nas populações CRE-01, CRE-02 e CRE-03, respectivamente. Miranda Filho e Nass (2001) relataram estimativas em intervalos de $200 < \hat{\sigma}_A^2 < 750$ (g pl^{-1})² para PE, $250 < \hat{\sigma}_A^2 < 600$ cm^2 para AP e de $220 < \hat{\sigma}_A^2 < 590$ cm^2 para AE em cinco populações semiexóticas, sendo três resultantes de cruzamentos com a raça Cravo e duas de cruzamentos com Entrelaçado. Kist et al. (2008) relataram estimativas de 276,8 para PE e de 579,3 para AP, nas mesmas unidades acima mencionadas. Igualmente expressivas foram as estimativas dadas por Andrade e Miranda Filho (2008): 582, 324 e 170 para PE, AP e AE, respectivamente. Estas populações tomadas como referência são de ampla base genética, de modo que os resultados aqui apresentados expressam condição bastante favorável para todos os caracteres. Outros parâmetros relacionados com a variabilidade genética mostraram tendência semelhante. O coeficiente de herdabilidade para médias de famílias no conjunto de populações foi de [0,393; 0,584; 0,658] para PE, [0,590; 0,681; 0,756] para AP e [0,718; 0,685; 0,744] para AE; para PE e AP estas estimativas seguiram a mesma tendência de $\hat{\sigma}_A^2$. As estimativas relatadas por Miranda Filho e Nass (2001) variaram de 0,282 a 0,537, de 0,597 a 0,723 e de 0,618 a 0,745 para PE, AP e AE em cinco populações. As relatadas por Andrade e Miranda Filho (2008) foram 0,398; 0,751 e 0,686 respectivamente. As estimativas de Kist et al. (2010) foram de 0,344 (g pl^{-1})² e 0,771 cm^2 para PE e AP.

Para o índice de variação (θ) as estimativas foram bastante promissoras em todos os casos e para PE seguiram a mesma tendência de outros parâmetros, ou seja, [0,464; 0,684; 0,801] na sequência das populações. Vencovsky e Barriga (1972) salientam que valores de θ próximos de 1,0 representam situação bastante favorável para a seleção, neste sentido a população CRE-03 foi a que apresentou maior perspectiva de sucesso por seleção. De fato, os ganhos esperados por seleção truncada (13/50, 18/70 e 11/50) foram de 5,7%, 14,1% e 14,1%, respectivamente.

Conclusões

A estratégia de incorporar germoplasma exótico por cruzamento com populações locais adaptadas mostrou-se bastante eficiente, conforme se pode inferir pelo padrão de produtividade e de variabilidade das populações resultantes. A população CRE-03, obtida por introgressão em ESALQ-PB23 mostrou-se um pouco inferior em produtividade e maior porte da planta.. As populações CRE 01 e CRE 02 mostraram menor expressão de variabilidade, mas de magnitude suficiente para indicá-las para um programa de seleção recorrente.

Literatura Citada

- ANDRADE, J.A.C.; MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative variation in the tropical maize population ESALQ-PB1. *Scientia Agrícola*, v. 65, p.174-182, 2008.
- BASSO, C.M. Síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com resistência ao complexo do enfezamento. Tese de Doutorado, ESALQ-USP, Piracicaba (SP), 1999.
- GORGULHO, E.P. síntese e melhoramento de populações de milho visando resistência ao complexo do enfezamento. Relatório Científico FAPESP (Pós-Doutorado), 13 p., 2002
- MESQUITA NETO, DR. Valor genético de populações de milho para resistência a doenças. Tese de Doutorado, ESALQ-USP, Piracicaba (SP), 2000.
- MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento genético do milho: exploração de novos germoplasmas e metodologias. Relatório FAPESP, 48p. , 2003.
- MIRANDA FILHO, J.B. Problemas de doenças de milho. Resumo – seminário apresentado no INTA – Permanino, Argentina, 11p., 1996.
- NARRO-LEÓN, T.P.; MIRANDA FILHO, J.B. Síntese de populações de milho com resistência a doenças viróticas e complexo *corn stunt*. XXII Congresso Nacional de Milho e Sorgo – Resumos, p.37.
- OLIVEIRA, E.; WAQUIL, J.M.; FERNANDES, F.T.; PAIVA, E.; RESENDE, R.O.; ELLIOTE, W.; KITAJIMA, W. “Enfezamento Pálido” e “Enfezamento Vermelho” na cultura do milho no Brasil. *Fitopatologia Brasileira*, v. 23, p. 45-47, 1993.

SILVA, H.P. Controle do complexo “enfezamento do milho” através do uso de inseticida. Fitopatologia Brasileira, vol.19, p. 408, 1993.

VENCOVSKY, R; BARRIGA, P. Genética Biométrica no Fitomelhoramento. Sociedade Brasileira de Genética. 496p, 1992.

Tabela 1. Médias e coeficiente de variação (CV%) para três caracteres em famílias de meios irmãos de três populações (CRE-01, CRE-02, CRE-03) com resistência ao complexo de enfezamento. Jataí, 2010.

Parâmetros*	Peso de espigas (t ha ⁻¹)			Altura da planta (cm)			Altura da espiga (cm)		
	CRE-01	CRE-02	CRE-03	CRE-01	CRE-02	CRE-03	CRE-01	CRE-02	CRE-03
m _T	7,99	8,43	7,37	229	223	220	112	109	109
m ₀	5,86	6,19	5,31	233	234	238	119	123	126
max	7,26	7,50	7,31	252	269	275	141	155	152
min	4,27	4,12	3,68	215	205	199	99	96	89
m ₀ %	73,4	73,4	72,02	101,6	104,9	107,9	105,9	112,7	115,8
CV%	15,71	14,46	16,09	4,26	5,12	5,50	7,30	9,62	9,56

* Médias: m_T- testemunha, m₀ – média das famílias de meios irmãos, max – valor máximo, min – valor mínimo, m₀% - em porcentagem da testemunha..

Tabela 2. Análise da variância e estimativas de parâmetros para três caracteres em famílias de meios irmãos de três populações (CRE-01, CRE-02, CRE-03) com resistência ao complexo de enfezamento. Jataí, 2010.

Fonte de variação ^f	Peso de espigas (t ha ⁻¹)			Altura da planta (cm)			Altura da espiga (cm)		
	CRE-01	CRE-02	CRE-03	CRE-01	CRE-02	CRE-03	CRE-01	CRE-02	CRE-03
Famílias	1,3956	1,9206	2,1342	239,76	451,66	701,72	265,12	444,30	564,53
Erro	0,8472	0,7995	0,7302	98,233	143,89	170,87	74,871	139,79	144,37

^f Graus de liberdade de Famílias e Erro: 49 e 98 para CRE-01 e CRE-03; 69 e 138 para CRE-02.

Tabela 3. Estimativas de parâmetros para três caracteres em famílias de meios irmãos de três populações (CRE-01, CRE-02, CRE-03) com resistência ao complexo de enfezamento. Jataí, 2010.

Parametros	Peso de espigas (t ha ⁻¹)			Altura da planta (cm)			Altura da espiga (cm)		
	CRE-01	CRE-02	CRE-03	CRE-01	CRE-02	CRE-03	CRE-01	CRE-02	CRE-03
σ_p^2	59,35	121,33	151,94	47,17	102,59	176,95	63,42	101,50	140,05
σ_A^2	237,39	485,31	607,75	188,70	410,36	707,80	253,67	406,01	560,21
σ_m^2	0,465	0,640	0,711	79,92	150,55	233,91	88,37	148,10	188,18
h_m^2	0,393	0,584	0,658	0,590	0,681	0,756	0,718	0,685	0,744
CVg	7,30	9,88	12,88	2,95	4,33	5,59	6,71	8,20	9,42
θ	0,464	0,684	0,801	0,693	0,844	1,018	0,920	0,852	0,985
ds	0,795	0,984	1,240	18,2	15,1	39,1	19,9	14,3	36,4
Gs	0,312	0,575	0,816	10,7	10,3	29,6	14,3	9,8	27,1
Gs%	5,3	9,3	15,4	4,6	4,4	12,4	12,1	8,0	21,5
E(m _l)	6,172	6,760	6,125	222,1	223,9	208,2	104,3	113,1	98,6
i	1,248	1,248	1,346	1,248	1,248	1,346	1,248	1,248	1,346
<u>G</u> s	0,334	0,583	0,747	6,58	10,43	15,57	8,42	10,41	13,74
<u>G</u> s%	5,7	14,1	14,1	2,8	5,1	6,5	7,1	10,9	10,9
<u>E</u> (m _l)	6,194	6,768	6,056	226,3	223,7	222,2	110,2	112,5	112,0

ds, i: diferencial de seleção observado e estandardizado, respectivamente ; $G_s = ds \cdot h_m^2$; $\underline{G}_s = i \cdot h_m^2 \cdot \sigma_m$