

Severidade de Doenças Foliares em Híbridos *Topcrosses* de Milho

Carlos Augusto da Silva², Mariana Martins Marcondes¹, Marielle Martins Marcondes¹, Anna Laura Walter Balzan², Jéssica Franciele dos Santos², Rafaela Cristina dos Santos², Marcos Ventura Faria³, Cacilda Márcia Duarte Rios Faria³, Marcelo Cruz Mendes³

Universidade Estadual do Centro – Oeste do Paraná, UNICENTRO, Guarapuava, PR,
¹estudante de pós graduação mariana.mmarcondes@hotmail.com,
m_lelinha@hotmail.com, ²estudante de graduação gutoaugusto2@hotmail.com,
annalaurawalter@hotmail.com, jehfran@hotmail.com, rafinha_2111@hotmail.com,
³Professor Adjunto mfaria@unicentro.br, criosfaria@hotmail.com,
mcmendes@unicentro.br

RESUMO - O objetivo deste trabalho foi avaliar a severidade das doenças foliares cercosporiose (*Cercospora zae-maydis*), ferrugem comum (*Puccinia sorghi*), mancha de diplodia (*Stenocarpella macrospora*) e helmintosporiose (*Exserohilum turcicum*) em híbridos *topcrosses* de linhagens S₄ de milho cruzadas com um testador, em dois ambientes no centro sul do Paraná. Avaliou-se a severidade dos sintomas por escala de notas e calculou-se a área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD). Houve diferença significativa para a AACPD da ferrugem comum em ambos os ambientes e para mancha de diplodia no experimento conduzido no ambiente 2. A baixa severidade de helmintosporiose e cercosporiose em ambos os ambientes não permitiu diferenciar níveis de resistência dos genótipos avaliados para essas doenças. Os híbridos *topcrosses* 7, 13, 27, 31, 32, 34, 35 e 52 apresentaram maiores níveis de resistência considerando as avaliações em que houve efeito significativo da AACPD, podendo-se inferir que as linhagens S₄ que participam como parentais desses híbridos possuem constituição genética favorável para maior resistência à ferrugem comum e mancha de diplodia.

Palavras-chave: *Zea mays* L., AACPD, linhagens S₄, híbridos experimentais, melhoramento genético.

Introdução

A maior incidência e severidade de doenças, principalmente as foliares, na cultura do milho (*Zea mays* L.), vêm acarretando maiores danos tanto qualitativos como quantitativos, este fato resultou no aumento de importância destas doenças nas últimas décadas. As doenças foliares como a cercosporiose causada por *Cercospora zae-maydis*, a ferrugem comum ocasionada pelo patógeno *Puccinia sorghi* e helmintosporiose (*Exserohilum turcicum*), assim como, mais recentemente, a mancha de diplodia (*Stenocarpella macrospora*) são as doenças foliares de maior ocorrência e importância da região sul, na cultura do milho, podendo ocasionar perdas de até 40% (PINTO, 2004; EMYGDIO et al., 2007).

Segundo Von Pinho et al; (2001), o modo mais efetivo para controle de doenças na cultura do milho, tem sido a resistência genética. Em função disto os programas de melhoramento de milho têm inserido em seus objetivos o desenvolvimento de novos

híbridos que apresentem bons níveis de resistência genética aos patógenos causadores de doenças, principalmente as foliares, juntamente a outros atributos agrônômicos, já buscados anteriormente, como produtividade de grãos, altura de planta e de inserção de espiga, diâmetro de colmo, etc. (SILVEIRA et al., 2006).

Uma das etapas mais importantes e onerosas do programa de melhoramento de milho constitui-se da avaliação de linhagens em combinações híbridas. Desta forma, o método de *topcrosses*, proposto por Davis (1927), consiste numa importante alternativa que facilita a avaliação destas linhagens. Este método consiste no cruzamento de linhagens com um testador comum de base genética ampla, para avaliação da capacidade geral de combinação (CGC), ou base genética restrita, para avaliação da capacidade específica de combinação (CEC), para posterior avaliação em experimentos com repetições (SAWAZAKI et al., 2000).

O objetivo deste trabalho foi avaliar a severidade dos sintomas das doenças foliares cercosporiose (*Cercospora zae-maydis*), ferrugem comum (*Puccinia sorghi*), mancha de diplodia (*Stenocarpella macrospora*) e helmintosporiose (*Exserohilum turcicum*) em híbridos *topcrosses* de linhagens S₄ de milho cruzadas com um testador, em dois ambientes no centro sul do Paraná.

Material e Métodos

Foram conduzidos dois experimentos na safra 2011/2012, o primeiro na área experimental do *campus* CEDETEG da Universidade Estadual do Centro-Oeste – UNICENTRO (ambiente 1) e o segundo na fazenda Três Capões do grupo MLCV - Santa Maria (ambiente 2), ambos no município de Guarapuava, localizado no Centro-Sul do Paraná com altitude acima de 1000 m.

Linhagens S₄ foram obtidas a partir de uma população proveniente do cruzamento entre os híbridos comerciais P30P70 e Dow 8460. Essas linhagens foram cruzadas em esquema de *topcross* com um híbrido simples testador (P30F53). Os híbridos *topcrosses* resultantes, juntamente com testemunhas comerciais (2B688, P30F53 e Status) totalizam 77 tratamentos.

Os genótipos foram avaliados em delineamento experimental de blocos ao acaso (DBC), com três repetições. As parcelas foram compostas de duas linhas de 5 m lineares cada, com espaçamento de 0,80m e 0,45m entre linhas, nos locais 1 e 2 respectivamente, e o estande foi ajustado, em ambos os ambientes, para população de 70.000 plantas ha⁻¹.

Os ensaios foram semeados nos dias 1º e 2 de novembro de 2011, nos locais 1 e 2, respectivamente. Na adubação de base empregou-se 350 kg ha⁻¹ do formulado N-P-K 08-28-16. Em cobertura foram realizadas duas aplicações de 92 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma de uréia, realizadas no momento em que as plantas apresentavam, respectivamente, 3-4 folhas e 5-6 folhas completamente expandidas. O manejo de pragas e plantas daninhas foi realizado segundo recomendações técnicas para a cultura do milho (FANCELLI & DOURADO NETO, 2000).

Por ocasião do início do pendoamento das plantas, realizaram-se cinco avaliações, uma a cada sete dias, por meio da escala diagramática proposta pela Agrocerec (1996), da severidade dos sintomas ocorridos naturalmente da ferrugem comum do milho, cercosporiose, mancha de diplodia e helmintosporiose. A partir das médias das notas de severidade calculou-se a área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD), conforme Campbell & Madden (1990).

Realizou-se a análise de variância individual e as médias da AACPD foram agrupadas pelo teste de Scott Knott (1974) a 5% de probabilidade, por meio do programa estatístico Genes (CRUZ, 2007).

Resultados e Discussão

Houve diferença significativa ($P \leq 0,05$) entre os genótipos para a AACPD da ferrugem comum em ambos os ambientes e mancha de diplodia no ambiente 2 (Tabela 1). Apesar dos ensaios terem sido conduzidos em locais próximos, a ocorrência de precipitações localizadas, as diferenças de manejo e de culturas antecessoras nas áreas, e os espaçamentos diferenciados entre os experimentos podem ter contribuído para a maior ou menor pressão das doenças e, por conseqüência, promoveram diferenças na significância da AACPD das doenças entre os dois ambientes.

As médias dos tratamentos no ambiente 1, relativas a AACPD para helmintosporiose, mancha de diplodia e cercosporiose foram 0,41; 4,81 e 1,41 respectivamente, valores considerados muito baixos. Do mesmo modo, no experimento realizado no ambiente 2, as médias da AACPD para helmintosporiose e cercosporiose foram 1,71 e 5,13, respectivamente (Tabela 1). A baixa severidade observada para essas doenças ocorridas naturalmente (sem inoculação) é decorrente das condições climáticas no período das avaliações, em que os ambientes não foram favoráveis à multiplicação e dispersão dos inóculos, bem como à infecção, colonização e desenvolvimento das

doenças. Por consequência, não houve diferenças significativas para AACPD da cercosporiose, helmintosporiose e mancha de diplodia no ambiente 1 e da helmintosporiose e cercosporiose no ambiente 2 (Tabela 1), impossibilitando a distinção entre os genótipos quanto aos níveis de suscetibilidade/resistência.

Quanto à ferrugem comum no ambiente 1, os genótipos formaram dois grupos diferenciados pelo teste de Scott Knott (Tabela 2), sendo que 33 híbridos *topcrosses* experimentais e o híbrido comercial Status (bastante cultivado na região centro sul do Paraná e possui boa sanidade foliar) apresentaram maior nível de resistência à ferrugem comum (*P. sorghi*) em relação aos demais genótipos experimentais e testemunhas (2B688 e P30F53).

No experimento conduzido no ambiente 2 as médias foram agrupadas em três grupos distintos, o primeiro com 38 híbridos *topcrosses* apresentando maior resistência à ferrugem comum juntamente com as testemunhas Status (248,1), 2B688 (240,9), P30F53 (270,3); um segundo grupo com valores intermediários da AACPD para 29 híbridos experimentais e o terceiro grupo constitui-se de 7 híbridos *topcrosses* experimentais, sendo os mais suscetíveis (Tabela 2).

Ainda em relação ao ambiente 2, para mancha de diplodia foram identificados 43 híbridos *topcrosses* com menor suscetibilidade, juntamente com as testemunhas Status (63,1), P30F53 (73,7), 2B688 (74,4). Vinte e seis 26 genótipos apresentaram-se com valores intermediários de AACPD e outros 5 híbridos *topcrosses* experimentais foram divididos em dois grupos (Tabela 2), ambos com menor resistência à *S. macrospora*.

Os híbridos *topcrosses* 7, 13, 20, 27, 31, 32, 33, 34, 35, 43, 44, 46, 49, 52 e 62 apresentaram, em ambos os ambientes, maior resistência à ferrugem comum. Da mesma forma os híbridos experimentais 5, 7, 13, 15, 27, 31, 32, 34, 35, 37, 40, 52, 53, 54, 60 e 66 se apresentaram com maior resistência à mancha de diplodia no ambiente 2 e à ferrugem comum no ambiente 1. Para ferrugem comum e mancha de diplodia, no ambiente 2, os genótipos com maior resistência foram 4, 7, 8, 9, 11, 12, 13, 14, 16, 17, 18, 19, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 34, 35, 45, 51, 52, 55 e 59 (Tabela 2).

Conclusões

A baixa severidade da helmintosporiose e da cercosporiose, devido à reduzida ocorrência natural dos patógenos nas áreas experimentais, não permitiu concluir sobre a suscetibilidade ou resistência dos genótipos avaliados quanto a essas doenças.

Os híbridos *topcrosses* 7, 13, 27, 31, 32, 34, 35 e 52 apresentaram maiores níveis de resistência considerando as avaliações em que houve efeito significativo da AACPD, podendo-se inferir que as linhagens S₄ que participam como parentais desses híbridos possuem constituição genética favorável para maior resistência às doenças foliares em questão.

Literatura Citada

AGROCERES. Guia Agrocere de Sanidade. São Paulo: Sementes Agrocere, 1996. 72 p.

CAMPBELL, C.L.; MADDEN, L.V. Introduction to plant disease epidemiology. John Wiley & Sons. Inc., 1990. 532 p. Cap.6: Monitoring epidemics: diseases, p.107-128.

CRUZ, C.D. Programa Genes: Biometria. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p. 2006.

DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. Annual Report Agricultural Experiment Station University of Porto Rico, Rio Piedras, p.14-15, 1927.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. Sistema brasileiro de classificação de solos. 2.ed. Brasília, 2006. 306p.

EMYGDIO, B.M.; IGNACZAK, J.C.; CARGNELUTTI FILHO, A. Potencial de rendimento de grãos de híbridos comerciais simples, triplos e duplos de milho. Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.6, p.95•103, 2007.

FANCELLI, A.L.; DOURADO NETO, D. Milho: estratégias de manejo para alta produtividade. Piracicaba: Esalq/USP/LPV, 2003. 208p.

PINTO, N.F.J. de A. Controle químico de doenças foliares em milho. Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.3, p.134•138, 2004.

SAWAZAKI, E. et al . Potencial de linhagens de populações locais de milho pipoca para síntese de híbridos. Bragantia, Campinas, v. 59, n. 2, 2000.

SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster analysis method for grouping means in analysis of variance. Biometrics, v.30, n.3, p.507-512, 1974.

SILVEIRA, F.T.; JUNQUEIRA, B.G.; SILVA, P.C. da; MORO, J.R. Comportamento de linhagens elites de milho para resistência aos enfezamentos. Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.5, p.431•442, 2006.

VON PINHO, R.G.; RAMALHO, M.A.P.; RESENDE, I.C.; SILVA, H.P.; POZAR, G. Reação de híbridos comerciais de milho às ferrugens polissora e tropical. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.36, p.439•445, 2001.

Tabela 1. Resumo da análise de variância e média dos valores de área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) da Ferrugem Comum, Helmintosporiose, Mancha de Diplodia e Cercosporiose em híbridos experimentais e comerciais de milho, em dois ambientes de avaliação em Guarapuava-PR

Doença	Ambiente	QMT	QMR	P	Média
Ferrugem comum	1	22442,72	7986,70	0,00*	331,28
	2	8481,02	3504,41	0,00*	305,05
Helmintosporiose	1	0,93	0,77	0,17	0,41
	2	6,89	6,64	0,42	1,71
Mancha de Diplodia	1	17,18	14,99	0,24	4,81
	2	5252,82	1626,41	0,00*	80,16
Cercosporiose	1	1,97	2,09	100,00	1,43
	2	69,92	76,55	100,00	5,13

QMT= Quadrado médio do tratamento, QMR= Quadrado médio do resíduo, P= Probabilidade relativa.

Tabela 2. Área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) em híbridos *topcrosses* experimentais e testemunhas comerciais, em dois ambientes em Guarapuava, no Centro-Sul do Paraná.

Genótipo	AACPD Ferrugem Comum		Genótipo	AACPD Ferrugem Comum		Genótipo	AACPD Mancha de Diplodia	
	Ambiente 1			Ambiente 2			Ambiente 2	
1	385,1 b		1	419,9 c		1	64,6 a	
2	449,9 b		2	326,1 b		2	45,5 a	
3	373,7 b		3	318,8 b		3	48,4 a	
4	417,3 b		4	295,1 a		4	73,8 a	
5	161,5 a		5	331,9 b		5	55 a	
6	385,8 b		6	311 b		6	49,6 a	
7	310,7 a		7	208,7 a		7	32,3 a	
8	350,4 b		8	302,7 a		8	44,1 a	
9	328,3 b		9	273,6 a		9	31,6 a	
10	408,7 b		10	328,4 b		10	33,4 a	
11	430,6 b		11	235 a		11	38,2 a	
12	387,9 b		12	261 a		12	39,1 a	
13	211,3 a		13	306,6 a		13	49,6 a	
14	489,7 b		14	292 a		14	21,8 a	
15	241,8 a		15	391,5 c		15	37,8 a	
16	365,8 b		16	197,7 a		16	10,2 a	
17	355,2 b		17	230 a		17	58,9 a	
18	388,6 b		18	286,7 a		18	29,9 a	
19	351,2 b		19	290,5 a		19	74,7 a	
20	225,4 a		20	297,1 a		20	124,3 b	
21	249,4 a		21	337,5 b		21	96,8 b	
22	300,4 a		22	339,9 b		22	100,9 b	
23	388,6 b		23	288,9 a		23	110 b	
24	366,5 b		24	314,5 b		24	87,4 b	
25	375,8 b		25	247,6 a		25	33,5 a	
26	518,8 b		26	251,3 a		26	35,8 a	
27	276,4 a		27	275,2 a		27	44,1 a	
28	506,6 b		28	230,6 a		28	45,3 a	
29	354,1 b		29	254,2 a		29	66,8 a	
30	353,6 b		30	306 a		30	41,3 a	

Tabela 2. Continuação...

31	212,6 a	31	286,2 a	31	24,6 a
32	269,6 a	32	301,3 a	32	39,7 a
33	240 a	33	240,3 a	33	95,2 b
34	192,4 a	34	271,1 a	34	54,9 a
35	315,9 a	35	290,1 a	35	78,2 a
36	270,3 a	36	334,8 b	36	134,6 b
37	320,0 a	37	320,9 b	37	85,7 a
38	264,5 a	38	310,4 b	38	88,8 b
39	455,7 b	39	326,4 b	39	70,5 a
40	247,1 a	40	334,6 b	40	69,5 a
41	344 b	41	428 c	41	64,1 a
42	377,3 b	42	333,7 b	42	102,5 b
43	234 a	43	293,9 a	43	88,2 b
44	198,6 a	44	263,7 a	44	94,3 b
45	405 b	45	302,8 a	45	79,4 a
46	247 a	46	290,4 a	46	90,7 b
47	353,3 b	47	312,5 b	47	116,8 b
48	198 a	48	329,4 b	48	199,5 d
49	213,5 a	49	284,6 a	49	229,4 d
50	422,9 b	50	276,6 a	50	149,1 c
51	344,2 b	51	293,2 a	51	24 a
52	229,7 a	52	195,7 a	52	34,1 a
53	197,9 a	53	312 b	53	62,2 a
54	264,3 a	54	350,7 b	54	57,4 a
55	503,3 b	55	290,2 a	55	53,9 a
56	393,9 b	56	340,3 b	56	82,9 a
57	390,1 b	57	403,3 c	57	98,1 b
58	187,6 a	58	358,8 b	58	103,5 b
59	337,9 b	59	297,2 a	59	80,9 a
60	249,1 a	60	329,9 b	60	72,5 a
61	299,9 a	61	315,4 b	61	95,5 b
62	303,2 a	62	274,4 a	62	108,6 b
63	385,5 b	63	310,2 b	63	122,3 b
64	377,9 b	64	378,5 c	64	99,1 b
65	312,6 a	65	366,1 b	65	114,8 b
66	260,5 a	66	489,7 c	66	85,8 a
67	394,3 b	67	361,4 b	67	119,2 b
68	382,2 b	68	326,7 b	68	137,9 b
69	411,2 b	69	405 c	69	154,3 c
70	432,4 b	70	346,4 b	70	132,9 b
71	414,1 b	71	254,2 a	71	130,9 b
72	256,8 a	72	320,8 b	72	162,9 c
73	301,7 a	73	326,3 b	73	127,2 b
74	440,4 b	74	201,9 a	74	119,9 b
Status	187,0 a	Status	248,1 a	Status	63,1 a
P30F53	374,4 b	P30F53	270,3 a	P30F53	73,7 a
2B688	386,0 b	2B688	240,9 a	2B688	74,4 a

* Médias seguidas de mesma letra minúscula, na coluna, pertencem a um mesmo grupo pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.