

## Seleção para resistência a doenças foliares em famílias S<sub>1</sub> de milho-pipoca

Emmanuel Arnhold<sup>1</sup>

### RESUMO

A obtenção de genótipos geneticamente mais resistentes às doenças foliares é a melhor estratégia para o controle dessas doenças do milho-pipoca. Portanto, este trabalho objetivou estimar herdabilidades, correlações genéticas, prever ganhos genéticos e selecionar famílias S<sub>1</sub> para resistência a doenças foliares visando melhoramento intrapopulacional da população Viçosa. Utilizaram-se chaves descritivas na avaliação da severidade das doenças. As herdabilidades das notas de resistência a *Puccinia sorghi*, *Phaeosphaeria maydis* e *Bipolaris maydis* ficaram na faixa de 50%, permitindo boa eficiência de seleção com a utilização de chaves descritivas. As famílias S<sub>1</sub> foram mais resistentes que o híbrido IAC 112 a *Exserohilum turcicum*, *P. sorghi* e *P. maydis*, evidenciando que a população Viçosa pode ser utilizada como fonte de resistência a essas doenças. Apesar das correlações genéticas não serem favoráveis à seleção simultânea para a resistência a *P. sorghi*, *P. maydis* e *B. maydis*, foi possível estimar ganhos preditos razoáveis simultaneamente para resistência às três doenças. O ganho predito total foi de - 18%.

**Palavras Chave:** doenças foliares, melhoramento; *Zea mays* L.

### ABSTRACT

#### Selection for resistance to leaf diseases in S<sub>1</sub> families of popcorn

The obtaining of genotypes genetically more resistant is the best strategy for controlling leaf diseases in popcorn. The objective of this work was therefore to estimate heritability, genetic correlations, predict genetic gains and select S<sub>1</sub> families for resistance to leaf diseases, seeking the improvement of the Viçosa population. Descriptive keys were used in the evaluation of disease severity. The heritability of resistance scores for *Puccinia sorghi*, *Phaeosphaeria maydis* and *Bipolaris maydis* were in the range of 50%, allowing good selection efficiency with use of rating scales. The S<sub>1</sub> families were more resistant to *Exserohilum turcicum*, *P. sorghi*, and *P. maydis* than the IAC 112 hybrid, confirming that the Viçosa population can be used as resistance source to these diseases. In spite of the genetic correlations not being favorable to simultaneous selection for resistance to *P. sorghi*, *P. maydis* and *B. maydis*, it was possible to estimate reasonable predicted gains, simultaneously for resistance to the three diseases. The total predicted gain was 18%.

**Key words:** leaf diseases; improvement; *Zea mays* L.

<sup>1</sup> Universidade Federal do Maranhão, CCAA. Cx P 9, CEP 65500-000, Chapadinha, MA. E-mail: earnhold@pq.cnpq.br.

## INTRODUÇÃO

O melhoramento genético do milho possui duas alternativas que podem ser implementadas de forma conjunta: a obtenção de populações melhoradas e a obtenção de híbridos. No primeiro caso, utilizando-se métodos adequados de seleção possibilita-se o aumento gradativo da frequência dos genes favoráveis na população melhorada. No segundo, a estratégia de melhoramento visa à obtenção de linhagens endogâmicas que, quando em combinações adequadas, produzirão híbridos superiores às populações de origem (Paterniani & Miranda Filho, 1978).

A seleção com base no comportamento das progênies  $S_1$  e  $S_2$  tem sido utilizada para alterar a média de alguns caracteres na cultura do milho. Carangal (1971), comparando dois métodos de seleção recorrente na população de milho "Minnesota Synthetic A", concluíram que seleção com base na progênie  $S_1$  proporcionou maiores ganhos na média da população. Comparações teóricas entre diferentes métodos de seleção recorrente indicaram que a seleção com base em progênies  $S_1$  é mais eficiente em aumentar a frequência de genes favoráveis, principalmente quando existe dominância parcial ou completa (Wright, 1980).

Em programas de melhoramento de milho-pipoca, deve-se considerar que sua produção é menor em comparação ao milho normal. O milho-pipoca também é, em geral, menos resistente às principais doenças foliares da cultura. Esse fato, além de contribuir para menores produtividades, aumenta os riscos da produção. Portanto, devem-se também obter genótipos geneticamente mais resistentes às principais doenças foliares que ocorrem no Brasil.

Segundo Sawazaki *et al.* (1997), o melhoramento do milho evoluiu, no Brasil, até a década de 1980, dando ênfase à produtividade de grãos e resistência ao acamamento. Nos últimos anos, tem havido mudança no porte e ciclo da planta, predominando cultivares de porte baixo, ciclo precoce a superprecoce e adaptados a maior amplitude de ambientes. Por outro lado, vem se agravando a ocorrência de doenças foliares, principalmente em decorrência de maior amplitude nas épocas de semeadura (iniciando-se em fevereiro-março, pela safrinha), tornando-se necessária a avaliação de materiais quanto à resistência a doenças, para melhor se proceder à recomendação de cultivares.

Entre algumas das principais doenças foliares do milho no Brasil, pode-se citar a ferrugem comum, causada pelo fungo *Puccinia sorghi* Schw (Basidiomycotina-Uredinales-Pucciniaceae). É uma doença presente em todas as regiões de plantio de milho no País (Oliveira *et al.*, 2004). Seu controle tem sido satisfatoriamente obtido pela resistência quantitativa, que tem demonstrado ser de alta

estabilidade e com predominância de efeitos gênicos aditivos (Oliveira *et al.*, 2004).

Outra doença de grande importância é a feosféria, também denominada mancha-branca. Tem ocorrência generalizada no Brasil, podendo causar perdas no rendimento de grãos superior a 60% (Oliveira *et al.*, 2004). É uma mancha foliar causada pelo fungo *Phaeosphaeria maydis* (P. Henn.) Rane, Payak e Renfro (sinônimo *Sphaerulina maydis* P. Henn), cuja principal forma de controle são variedades resistentes (Oliveira *et al.*, 2004). Outras manchas foliares, como a helmintosporiose comum, proveniente do fungo *Exserohilum turcicum* (Pass) Leonard & Suggs [sinônimo *Helminthosporium turcicum*; *Bipolaris turcica* (Pass.) Shoemaker], e a helmintosporiose maidis, causada pelo fungo *Bipolaris maydis* (Nisik.) Shoemaker [sinônimo *Helminthosporium maydis* Nisik. & Myiake], ocorrem no milho com diferentes intensidades em função do grau de resistência, do sistema de manejo da lavoura e das condições de clima durante o cultivo (Reis *et al.*, 2004). A helmintosporiose maidis apresenta menor importância no milho normal, porém, como o tipo pipoca é menos resistente a esta doença, ela deve ser considerada de maior importância para esse tipo de milho (Oliveira *et al.*, 2004).

Na avaliação do grau de intensidade de doenças foliares, a utilização de escalas diagramáticas parece ser um método eficiente, pois, segundo Bleicher *et al.* (1993), o parâmetro mais sensível na diferenciação de níveis de resistência a *E. turcicum*, em três ciclos de seleção em milho, foi a porcentagem de tecido foliar infectado (severidade), avaliado com escala diagramática aos 13 e 19 dias após o florescimento. Neste mesmo trabalho, utilizando a escala proposta, os autores obtiveram ganhos realizados de -20%, -35% e -38% de área foliar infectada, respectivamente dos ciclos 1, 2 e 3, em relação à população original. Segundo Milles *et al.* (1981) e Bleicher & Balmer (1993), a seleção recorrente fenotípica é eficiente para aumentar o nível de resistência a *E. turcicum*.

Oliveira *et al.* (2004) comentam que rápidos ganhos no nível de resistência a *P. sorghi* em populações de milho têm sido relatados pela seleção recorrente e pelo método do *pedigree*.

Pegoraro *et al.* (2002) concluíram que há variabilidade genética para resistência ao agente causal da mancha-branca e que os efeitos de aditividade são de maior importância na herança da resistência a *P. maydis*. Nesse caso, a seleção recorrente deve ser eficiente para promover maior resistência a este caráter, principalmente com a utilização das famílias  $S_1$  e  $S_2$ , em que ocorre aumento da variância aditiva.

Este trabalho objetivou estimar herdabilidades, correlações genotípicas, predizer ganhos genéticos e selecio-

nar famílias S<sub>1</sub> para resistência a doenças foliares, visando o melhoramento intrapopulacional da população do milho-pipoca Viçosa.

## MATERIAL E MÉTODOS

As avaliações dos graus de intensidade das doenças foliares foram feitas pelo teste de famílias S<sub>1</sub> da população Viçosa, do programa de melhoramento de milho-pipoca desenvolvido pelo Setor de Genética do Departamento de Biologia Geral da Universidade Federal de Viçosa.

O experimento foi realizado em Viçosa, na safra 2000/2001, em delineamento de blocos aumentados de Federer (1955). Os tratamentos foram o híbrido simples IAC 112 como testemunha intercalar e 321 famílias S<sub>1</sub>. O espaçamento entre fileiras foi de 0,9 m. Cada parcela correspondeu a uma fileira de 5 m, com 30 plantas, o que equivale a uma densidade de 66.666 plantas por hectare.

Fez-se o preparo convencional do solo. A semeadura foi em 09/12/2000. Apenas as sementes do IAC 112 foram tratadas com fungicida. Por ocasião da semeadura, foram utilizados 350 kg ha<sup>-1</sup> da formulação NPK 04-14-08, e na adubação de cobertura (18/01/2001) foi empregado sulfato de amônio na dose de 60 kg ha<sup>-1</sup>. O controle de plantas daninhas foi realizado em 11/12/2000 com a aplicação do herbicida Primestra. Os insetos não foram controlados e o experimento não foi irrigado.

As avaliações foram em 18 e 19/03/2001, aproximadamente aos 15 dias após o término do florescimento das famílias S<sub>1</sub>. Para avaliação do grau de intensidade de doença, utilizaram-se chaves descritivas desenvolvidas pelo Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS) (Tabela 1) e pelo Instituto Agronômico de Campinas (IAC) (Tabela 2). As notas foram dadas para cada linha de semeadura (parcela).

Selecionaram-se 30 famílias S<sub>1</sub> para posterior recombinação visando melhoramento intrapopulacional. A seleção foi simultânea para resistência às doenças com auxílio do índice de Mulamba & Mock (1978).

**Tabela 1.** Chave descritiva para avaliação de *Exserohilum turcicum*, *Phaeosphaeria maydis* e *Bipolaris maydis* em milho

Nota	Descrição
1	Nenhum sintoma visível
2	Lesões esparsas nas folhas inferiores
3	Até 50% das folhas com lesões; lesões severas em 25% das folhas inferiores
4	Até 75% das folhas com lesões; lesões severas em 50% das folhas inferiores
5	100% das folhas com lesões; lesões severas em 70% das folhas inferiores
6	Plantas-mortas

Fonte: Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS).

**Tabela 2.** Chave descritiva para de *Puccinia sorghi* em milho

Nota	Descrição
1	Corresponde a 0% do tecido foliar afetado
2	Corresponde a 1% do tecido foliar afetado
3	Corresponde a 2,5% do tecido foliar afetado
4	Corresponde a 5% do tecido foliar afetado
5	Corresponde a 10% do tecido foliar afetado
6	Corresponde a 25% do tecido foliar afetado
7	Corresponde a 50% do tecido foliar afetado
8	Corresponde a 75% do tecido foliar afetado
9	Corresponde a mais de 75% do tecido foliar afetado

Fonte: Instituto Agronômico de Campinas (IAC).

O índice de Mulamba & Mock (1978), baseado em soma de “ranks”, consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres (notas de resistência) em ordem favorável ao melhoramento. A seguir, são somadas as ordens de cada material, resultando no índice de seleção, como descrito a seguir:

$$I = r_1 + r_2 + r_3 + \dots + r_n$$

em que:

I = valor do índice para determinada família;

r<sub>j</sub> = classificação (ou “rank”) de uma família em relação ao j-ésimo caráter (nota em relação a determinada doença); e

n = número de caracteres considerado no índice.

Assim, famílias mais resistentes recebem notas menores e seu valor no “rank” também é menor. Aquelas com a menor soma de “ranks” (I) são selecionadas.

Foram incluídas no índice apenas doenças foliares cujas notas de resistência tiveram diferenças significativas entre famílias S<sub>1</sub> a 5% de probabilidade, pelo teste F.

Estimaram-se, também, as herdabilidades, correlações genotípicas e os ganhos genéticos preditos. Todas as análises foram realizadas com auxílio do programa Genes ([www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm](http://www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm)) (Cruz, 2001).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variância das notas de resistência a *P. sorghi*, *P. maydis* e *B. maydis* evidenciaram variabilidade genética entre as progênes a 5% de probabilidade (Tabela 3). Porém, não se observaram diferenças significativas entre as famílias quanto às notas de resistência a *E. turcicum*.

As notas de resistência para as famílias S<sub>1</sub> foram 3,1 para *E. turcicum*, 5,9 para *P. sorghi*, 2,3 para *P. maydis* e 2,7 para *B. maydis* (Tabela 3). Para a testemunha IAC 112 foram de 3,4 para *E. turcicum*, 6,9 para *P. sorghi* e de 2,3 para *P. maydis* e *B. maydis*. As famílias foram, em média,

**Tabela 3.** Resumo da análise de variância das notas de resistência de famílias S<sub>1</sub> da população Viçosa a *E. turcicum* (NET), *P. sorghi* (NPS), *P. maydis* (NPM) e *B. maydis* (NBM).

F. V.	G. L.	Q. M.			
		NET	NPS	NPM	NBM
Famílias	320	0,3262 <sup>ns</sup>	1,1460 <sup>**</sup>	0,5000 <sup>*</sup>	0,4711 <sup>*</sup>
Resíduo	26	0,2540	0,4473	0,3105	0,2336
CV (%) das famílias		16,2	11,4	24,3	17,8
Médias das famílias		3,1	5,9	2,3	2,7

\*\* = P < 0,01; \* = 0,01 < P < 0,05; ns = P > 0,05.

bastante resistentes às doenças avaliadas, mais que um híbrido IAC 112 para *E. turcicum*, *P. sorghi* e *P. maydis*. Portanto, a população Viçosa é boa fonte de resistência a estas doenças.

Os coeficientes de variação foram de 16,2%, 11,4%, 24,3% e 17,8%, respectivamente para *E. turcicum*, *P. sorghi*, *P. maydis* e *B. maydis* (Tabela 3).

As herdabilidades estimadas para as notas de resistência foram 0,61 para *P. sorghi*, 0,38 para *P. maydis* e 0,50 para *B. maydis* (Tabela 4). Estes valores indicam que o processo de seleção será eficiente, demonstrando a eficácia das chaves descritivas na discriminação de genótipos mais resistentes a estas doenças.

Apesar de a herdabilidade para notas de resistência a *P. maydis* não ser muito baixa (0,38), Pegoraro *et al.* (2002) estimaram herdabilidades bem mais elevadas, na faixa de 0,80 para severidade de mancha por feosfêria.

As expectativas das correlações genotípicas entre as notas de resistência indicam que as famílias geneticamente mais resistentes a *P. sorghi* tiveram leve tendência a serem mais resistentes a *B. maydis* e *P. maydis* (Tabela 5). Esse fato ocorreu por mecanismos semelhantes de resistência quantitativa e/ou por menor competição entre *P. sorghi* e os demais.

Ainda pela análise da correlação genotípica (Tabela 5), percebe-se que as famílias geneticamente mais resis-

tentes a *B. maydis* tenderam a ser menos resistentes a *P. maydis*. Portanto, os mecanismos de resistência quantitativa a estes agentes fitopatogênicos foram diferentes.

Apesar das correlações genotípicas não serem favoráveis à seleção simultânea para resistência a essas doenças, foi possível estimar ganhos preditos razoáveis para resistência a *P. sorghi* e *B. maydis*. Com seleção de 30 famílias simultaneamente mais resistentes a *B. maydis*, *P. sorghi* e *P. maydis* estimou-se o ganho genético predito de -0,38 (-6,27%), -0,89 (-9,84%) e -0,10 (-1,66%), respectivamente para as três doenças (Tabela 4). Para resistência a *P. maydis*, o ganho predito é baixo, devido, em parte, à baixa herdabilidade estimada. No entanto, se fosse feita seleção direta para resistência a apenas um agente fitopatogênico, o ganho seria maior para ele.

Considerando que a seleção foi feita com base nas três doenças, tem-se ganho predito total de -18%, ou seja, semelhante ao obtido por Bleicher *et al.* (1993), que foi de -20%, com um ciclo de seleção para *E. turcicum*.

## CONCLUSÕES

As herdabilidades das notas de resistência a *P. sorghi*, *P. maydis* e *B. maydis* ficaram na faixa de 50%, permitindo boa eficiência de seleção com a utilização de chaves descritivas.

As famílias S<sub>1</sub> foram, em média, mais resistentes que o híbrido IAC 112 a *E. turcicum*, *P. sorghi* e *P. maydis*, evidenciando que a população Viçosa pode ser utilizada como fonte de resistência a estas doenças.

Apesar das correlações genotípicas não serem favoráveis à seleção simultânea para resistência a *P. sorghi*, *P. maydis* e *B. maydis*, estimou-se ganhos preditos razoáveis simultaneamente para resistência a três doenças. O ganho predito total foi de -18%.

## AGRADECIMENTOS

Ao CNPq, à CAPES e à FAPEMIG, pelo suporte financeiro.

**Tabela 4.** Herdabilidades e ganhos genéticos preditos com seleção de 30 famílias S<sub>1</sub>, simultaneamente para notas de resistência a *B. maydis*, *P. sorghi* e *P. maydis*

	<i>B. maydis</i>	<i>P. sorghi</i>	<i>P. maydis</i>
Herdabilidade	0,50	0,61	0,38
Ganho predito (%)	-6,27%	-9,84%	-1,66%

**Tabela 5.** Estimativas das correlações genotípicas entre as notas de resistência a *B. maydis*, *P. sorghi* e *P. maydis*

	<i>B. maydis</i>	<i>P. sorghi</i>	<i>P. maydis</i>
<i>B. maydis</i>	1,00	0,35	-0,59
<i>P. sorghi</i>	0,35	1,00	0,24
<i>P. maydis</i>	-0,59	0,24	1,00

**REFERÊNCIAS**

- Bleicher J & Balmer E (1993) Efeitos da seleção recorrente fenotípica sobre a resistência a *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonarde and Suggs em milho. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 28: 1291-1295.
- Bleicher J, Balmer E & Zinsly JR (1993) Resistência Horizontal a *Exserohilum turcicum* em milho, cultivar "Pirapoca Amarela". Fitopatologia Brasileira, 18: 187-193.
- Carangal VR (1971) Comparison of S1 with testcross evaluation for recurrent selection in maize. Crop Science, 11:658-661.
- Cruz CD (2001) Programa Genes: Aplicativo Computacional em Genética e Estatística. Viçosa. Editora UFV. 648p.
- Federer WT (1955) Experimental design – Theory and application. New York, [s.n.], 544 p.
- Oliveira E, Fernandes FT, Casela CR, Pinto NFJA & Ferreira AS (2004) Diagnóstico e controle de doenças na cultura do milho. In: Galvão JCC & Miranda GV (Eds.) Tecnologias de produção do milho: economia, cultivares, biotecnologia, safrinha, adubação, quimigação, doenças, plantas daninhas e pragas. Viçosa, Editora da UFV. p.227-268.
- Milles JW, Dudley JW, Dudley DG & Lambert RJ (1981) Response to selection for resistance to four diseases in two corn populations. Crop Science, 21: 980-983.
- Mulamba NN & Mock JJ (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. Egypt Journal Genetics Cytology, 7:40-51.
- Paterniani E & Miranda Filho JB (1978) Melhoramento de populações. In: Paterniani, E. (Ed.). Melhoramento e produção de milho no Brasil. Piracicaba, ESALQ, cap.6. p.202-246.
- Pegoraro DG, Barbosa Neto JF, Soglio FKD, Vacaro E, Nuss CN & Conceição LDH (2002) Herança da resistência à mancha foliar de feoféria em milho. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 37: 329-336.
- Reis EM, Casa T & Bresolin AR (2004) Manual de diagnose e controle de doenças do milho. Passo Fundo, Aldeia Norte, 141p.
- Sawasaki, E, Dudienas C, Paterniani MEAGZ, Galvão JCC, Castro, JL & Pereira J (1997) Reação de cultivares de milho à mancha de *Phaeosphaeria* no estado de São Paulo. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 32: 224-232.
- Wright AJ (1980) The expected efficiencies of half-sib, testcross and S<sub>1</sub> progeny testing methods in single population improvement. Heredity, 45:361-373.