

## Reação de Híbridos de Milho à Mancha-Branca

Renato Barbosa Camargos<sup>1</sup>, Carlos Eduardo Caixeta de Castro<sup>1</sup>, Camila Bastos Ribeiro<sup>1</sup>, Paulo Eduardo Rodrigues Prado<sup>1</sup> e João Cândido de Souza<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. [renato.ufla@hotmail.com](mailto:renato.ufla@hotmail.com), [carloscaastroagro@hotmail.com](mailto:carloscaastroagro@hotmail.com), [camila.cbra@hotmail.com](mailto:camila.cbra@hotmail.com), [prado017@yahoo.com.br](mailto:prado017@yahoo.com.br) e [cansouza@dbi.ufla.br](mailto:cansouza@dbi.ufla.br).

**RESUMO** – Os danos causados por doenças na cultura do milho no Brasil têm aumentado nos últimos anos, com destaque para a mancha-branca que é descrita como uma das principais doenças desse cereal. Haja vista, a relevância dessa doença na produção brasileira de milho, esse trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar o nível de resistência a essa doença em 30 híbridos de milho, sendo 15 comerciais e 15 em fase final de teste do programa de melhoramento genético do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras. Para isso, na safra 2011/2012 foram conduzidos dois experimentos no município de Lavras, MG, o primeiro instalado no dia 19 de novembro na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras e o segundo semeado após 30 dias em uma propriedade rural. Os experimentos foram conduzidos em látice retangular 6x5, com três repetições. Houve diferenças significativas entre os genótipos avaliados ( $P < 0,01$ ). Considerando os dados da AACPD, observou-se que os híbridos mais resistentes a *Phaeospharia maydis* foram o BIO 015, AG4051, GNZ9688 VTPRO, DKB 390, GNZ9626 VTPRO e GNZ9501, enquanto os híbridos mais suscetíveis foram o 30P70 H e P32R22.

**Palavras chave:** *Zea mays*, mancha-branca, resistência genética.

### Introdução

A incidência e a severidade das doenças na cultura do milho no Brasil têm aumentado muito nos últimos anos, com a exposição dessa espécie a condições mais favoráveis para a multiplicação e preservação de inóculos de patógenos, em virtude do incremento de áreas irrigadas, sucessão de culturas com o plantio de milho em safrinha, plantio direto, ausência de rotação de culturas, expansão da área cultivada para a região Centro-Oeste e utilização de híbridos com baixos níveis de resistência a doenças (GALVÃO e MIRANDA, 2008).

Os prejuízos causados por fitopatógenos no milho constituem um dos principais entraves para se continuar obtendo ganhos em produtividade (VON PINHO, 1998).

A mancha-branca do milho, causada pelo fungo *Phaeospharia maydis*, era considerada uma doença de pouca importância econômica no Brasil, pois ocorria apenas no final do ciclo da cultura, quando as plantas estavam próximas a senescência e não causava preocupação aos agricultores (MANERBA, 2010). Contudo, a partir do início

Agradecimentos: Ao CNPq e FAPEMIG

da década de 1990, essa doença começou a ser observada em plantas mais jovens, chegando a levar genótipos suscetíveis à seca prematura, com consequente redução de até 60% na produtividade (ROLIM et al., 2007).

O uso de cultivares resistentes a doenças é o método mais eficiente, racional e econômico para evitar ou minimizar os danos por elas causados. Tendo isso em vista, é fundamental que os programas de melhoramento genético do milho, os quais são muito dinâmicos e produzem um grande número de híbridos anualmente, avaliem a reação de seus genótipos a *Phaeospharia maydis*.

O presente trabalho teve por objetivo avaliar o nível de resistência à mancha branca em 15 híbridos comerciais de milho e em 15 híbridos em fase final de teste do programa de melhoramento genético do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras.

### **Material e Métodos**

Na safra 2011/2012, foram conduzidos dois experimentos, o primeiro instalado no dia 19 de novembro na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, localizada a 910 metros de altitude, 21° 58' S de latitude Sul e 45° 22' de longitude Oeste; o segundo semeado após 30 dias em uma propriedade rural também localizada no município de Lavras, MG, a 900 m de altitude, 21°13' de latitude Sul e 43°01' de longitude Oeste.

Foram avaliados 30 híbridos de milho (Tabela 1), sendo 15 comerciais e 15 em fase final de teste do programa de melhoramento genético do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras.

Os experimentos foram conduzidos no sistema de plantio direto, na semeadura foram utilizados 350 kg ha<sup>-1</sup> do fertilizante formulado 8(N): 28(P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>): 16(K<sub>2</sub>O), na primeira adubação de cobertura aplicou-se 200 kg ha<sup>-1</sup> de sulfato de amônio 21(N): 00(P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>): 02(K<sub>2</sub>O) no estágio fenológico V3 e na segunda adubação de cobertura 200 kg ha<sup>-1</sup> de uréia 45(N): 00(P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>): 00(K<sub>2</sub>O) no estágio V6.

O delineamento experimental utilizado foi o látice triplo 6 x 5, com parcelas constituídas por quatro linhas de três metros, sendo as duas fileiras centrais consideradas como úteis. O espaçamento entre linhas foi de 0,6 m e 0,2 m entre plantas e os tratos culturais realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura.

Os experimentos foram conduzidos sob condições de incidência natural do patógeno, porém, foram semeadas bordaduras com o híbrido moderadamente suscetível

Agradecimentos: Ao CNPq e FAPEMIG

à doença (P30F53) e, em uma das extremidades de cada bloco, também foi colocada uma bordadura, com esse mesmo híbrido, com fileiras de 1,0 m de comprimento, visando aumentar o potencial de inóculo nas áreas experimentais.

Para avaliar o nível de resistência dos híbridos de milho, foram utilizados os dados de severidade (notas) das doenças considerando-se toda a área de parcela útil, obtidos com o auxílio da escala diagramática proposta pela Agrocerec (1996).

Foram realizadas cinco avaliações, em intervalos de dez dias, a partir de sessenta dias após a emergência das plantas.

Os dados de severidade obtidos nas cinco avaliações foram utilizados para estimar a evolução da doença por meio do cálculo da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), como proposto por Campbell e Madden (1990).

Os valores de AACPD obtidos foram, inicialmente, submetidos à análise de variância individual para cada ambiente e posteriormente, realizada a análise conjunta envolvendo os dois ambientes.

As análises estatísticas foram feitas nos programas Statistical Analysis System (SAS INSTITUTE INC., 2000) e Genes (CRUZ, 2001). As médias dos híbridos foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

### **Resultados e Discussão**

Na análise de variância conjunta para os dados da AACPD envolvendo os dois ambientes (Tabela 2), verificaram-se diferenças significativas, a nível de 1% de probabilidade, para as fontes de variação híbridos e ambientes, evidenciando que houve variabilidade entre os 30 híbridos para a reação a mancha-branca do milho. A interação híbridos x ambientes foi não significativa, ou seja, o comportamento dos híbridos foi consistente nos ambientes avaliados, o que indica a hipótese de incidência de uma mesma raça do patógeno nessas áreas experimentais, bem como estabilidade dos locos de resistência dos híbridos na interação com o ambiente (CARSON et al., 2002).

O coeficiente de variação foi de 16,45%, o que no contexto de avaliação fitossanitária representa uma baixa magnitude de erro, quando comparado com outros trabalhos conduzidos com esse mesmo propósito (VIEIRA et al., 2009; FANTIN et al., 1991). Essa melhor precisão experimental observada pode ser decorrente da utilização de bordadura e do plantio da fonte de inóculo na extremidade de cada bloco, impedindo que a doença ocorresse em baixa severidade ou concentrada em alguns pontos dos experimentos.

Agradecimentos: Ao CNPq e FAPEMIG

A severidade da doença registrada nos experimentos foi suficiente para discriminar os híbridos quanto à sua resistência (Tabela 3). Considerando os dados da AACPD, observou-se que os híbridos mais resistentes a *Phaeospharia maydis* foram o BIO 015, AG4051, GNZ9688 VTPRO, DKB 390, GNZ9626 VTPRO e GNZ9501, enquanto os híbridos mais suscetíveis foram o 30P70 H e P32R22.

### **Conclusões**

Dentre os híbridos de milho em fase final de teste do programa de melhoramento genético do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, há uma grande variabilidade quanto à reação dos mesmos à *Phaeospharia maydis*, sendo essa informação de grande relevância para orientar futuros trabalhos de melhoramento genético, bem como a escolha e recomendação desses híbridos para plantio em diferentes regiões do país.

### **Literatura Citada**

- AGROCERES. Guia Agrocere de Sanidade. São Paulo: Sementes Agrocere.1996.72p.
- CAMPBELL, C. D. e MADDEN, L. V. Introduction to plant disease epidemiology. New York, NY. John Willey. 1990.
- CARSON M.L.; GOODMAN M.M.; WILLIAMSON, S.M. Variation in aggressiveness among isolates of *Cercospora* from maize as a potential cause of genotype-environment interaction in gray leaf spot trials. Plant Disease, v. 86, p.1089-1093, 2002.
- CRUZ, C. D. Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 2001. 648 p.
- FANTIN G.M.; SAWAZAKI E.; BARROS B.C. Avaliação de genótipos de milho pipoca quanto à resistência a doenças e qualidade da pipoca. Summa Phytopathologica, v. 17, p. 90-99, 1991.
- GALVÃO, J. C. C. e MIRANDA, G. V. Tecnologia de Produção do Milho. 1ª ed. Viçosa: UFV, 2008. 366 p.
- MANERBA, F. Controle químico da mancha-branca do milho. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) - Universidade Federal de Lavras, p. 41, 2010.
- ROLIM, G. de S.; PEDRO JÚNIOR, M. J.; FANTIN, G. M.; BRUNINI, O; DUARTE, A. P.; DUDIENAS, C. Modelo agrometeorológico regional para estimativa da severidade da mancha de *Phaeospharia* em milho safrinha no Estado de São Paulo, Brasil, Bragantia, Campinas, v. 66, n.4, p. 721-728, 2007.

Agradecimentos: Ao CNPq e FAPEMIG

SAS INSTITUTE. SAS software: User's guide: version 8.2. SAS Institute, Cary, 2000. 291 p.

VIEIRA, R.A.; TESSMANN, D.J.; SCAPIM, C.A.; HATA, F.T.; RODOVALHO, M.A.; BARRETO, R.R. Genetic resistance of new popcorn hybrids to foliar diseases. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.9, p. 140-146, 2009.

VON PINHO, R.G. Metodologias de avaliação, quantificação de danos e controle genético da resistência do milho a *Puccinia polysora* e *Physopella zeae*. 1998. 140 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

**Tabela 1.** Relação dos híbridos avaliados e sua reação à mancha-branca, de acordo com informações das empresas produtoras de sementes.

Híbridos	Mancha-Branca*	Empresa
Maximus TL,TG,Vip.	MR	Syngenta
GNZ9501	R	Geneze
GNZ9506	MR	Geneze
BM3061	MS	Biomatrix
BM207	MR	Biomatrix
DKB 390	R	Dekalb
P30F90	MS	Pioneer
P30F80H	MS	Pioneer
GNZ9505	MS	Geneze
GNZ9626VTPRO	R	Geneze
GNZ9688VTPRO	R	Geneze
P30F87	MR	Pioneer
P32R22	S	Pioneer
30P70H	S	Pioneer
AG4051	R	Agroceres
BIO 001	S	UFLA
BIO 002	SI	UFLA
BIO 003	SI	UFLA
BIO 004	SI	UFLA
BIO 005	SI	UFLA
BIO 006	SI	UFLA
BIO 007	SI	UFLA
BIO 008	SI	UFLA
BIO 009	SI	UFLA

Agradecimentos: Ao CNPq e FAPEMIG

BIO 010	SI	UFLA
BIO 011	SI	UFLA
BIO 012	SI	UFLA
BIO 013	SI	UFLA
BIO 014	SI	UFLA
BIO 015	SI	UFLA

\*Reação a mancha-branca, sendo: S = Susceptível, MS = Moderadamente suscetível, MR = Moderadamente resistente, R= Resistente, SI= Sem informação.

**Tabela 2.** Resumo da análise de variância conjunta para a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) obtida para a severidade de *Phaeosphaeria maydis*.

Fonte de variação	GL	QM
Ambientes	1	10733,88**
Repetição (Ambientes)	2	288,47
Bloco (Repetição)	15	145,91
Híbridos	29	2161,18**
Ambientes x Híbridos	29	197,96
CV (%)		16,45
R <sup>2</sup>		0,867
Média		71,17

\*\*Significativo a nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

**Tabela 3.** Valores médios da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) obtida para a severidade de *Phaeosphaeria maydis*.

Híbridos	AACPD <sup>1</sup>
30P70 H	120.2932 e
P32R22	120.0849 e
BIO 001	94.5679 d
BIO 005	91.6821 d
GNZ9505	88.1096 d
BIO 007	85.9877 d
P30F87	84.0895 d
BIO 004	82.8164 d
BM3061	82.7469 d
BIO 002	80.0154 c
BIO 006	75.3627 c
BIO 003	75.1312 c
P30F80H	74.5525 c
BIO 010	73.2793 c
BIO 009	71.0571 b
BIO 008	70.1003 b
Maximus TL, TG, Vip.	68.9275 b
P30F90	66.8827 b
BIO 014	66.6281 b
BIO 012	64.9383 b
BIO 013	63.7577 b
BIO 011	63.7191 b
GNZ9506	60.7176 b
BM207	57.2917 b
BIO 015	49.5293 a
AG4051	46.6127 a
GNZ9688VTPRO	41.4738 a

Agradecimentos: Ao CNPq e FAPEMIG

DKB 390	39.6373	a
GNZ9626VTPRO	37.5309	a
GNZ9501	37.4769	a
MÉDIA	71,17	
CV (%)	16,45	

<sup>1</sup>Médias seguidas pela mesma letra não diferem significativamente entre si pelo teste de Scott-Knott, a nível de 5% de probabilidade.

Agradecimentos: Ao CNPq e FAPEMIG