



Parâmetros genéticos para severidade da mancha de helmintosporiose maydis em uma população segregante de milho-pipoca

Julio Cesar Gradice Saluci; Marcelo Serafim de Andrade Junior, Rysley Fernandes de Souza; Marcelo Vivas

A mancha de helmintosporiose maydis (MHM), causada pelo fungo *Bipolaris maydis*, é uma importante doença foliar do milho-pipoca. A principal forma de controle para essa doença é através da utilização de genótipos resistentes. Nesse sentido, o conhecimento dos parâmetros genéticos associados às características de resistência se faz importante para o direcionamento dos métodos e ações em um programa de melhoramento genético. Assim, objetivou-se nesse estudo estimar os parâmetros genéticos associados a severidade da MHM em milho-pipoca. A partir do cruzamento entres linhagens contrastantes para resistência, sendo a L353 resistente e a L653 susceptível, foram obtidas sementes de híbridos F_1 s, os quais foram cultivados juntamente com seus parentais para a obtenção das populações segregantes, a saber: a população F_2 foi obtida pela autofecundação de plantas F_1 s, o retro cruzamento 1 (RC_1), obtido pelo cruzamento entre plantas F_1 s com a linhagem parental L353 e o retrocruzamento 2 (RC_2), pelo cruzamento entre plantas F_1 s com a linhagem parental L653. As sementes de cada geração, sendo linhagens parentais, F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 , foram semeadas em vasos com capacidade para 5L preenchidos com substrato, em casa de vegetação. Aos 30 dias após o semeio as plantas foram pulverizadas com uma suspensão de 1×10^4 conídios. ml^{-1} do fungo *B. maydis*. Aos 7 dias após a inoculação deu-se início as avaliações, sendo realizadas 4 avaliações com intervalos de 5 dias. Em cada avaliação, com o auxílio de escala diagramática, quantificou-se a severidade dos sintomas na quinta folha de cada planta, expressa em porcentagem de área foliar lesionada. A partir da severidade média entre as 4 avaliações foram estimados os parâmetros genéticos da população F_2 composta por 248 indivíduos, com o auxílio do programa estatístico Genes. As estimativas de severidade variaram entre 3,25 % a 77,5 % com média de 24,48%. Notou-se que a maior parte da variância fenotípica observada foi devido a causas genéticas, onde os maiores valores foram observados para a variância genética em relação a variância de ambiente. Para o desdobramento da variância genética, observou-se maior efeito da variância de dominância em relação a aditiva. A herdabilidade para a característica avaliada foi de 53 %. Os resultados indicam que a exploração da heterose resultará em maiores ganhos para resistência a MHM, devido a maior variância de dominância. Para esse fim, a hibridação poderá ser utilizada como método mais eficiente no controle da resistência à doença.

*Instituição do Programa de IC, IT ou PG: UENF
Fomento da bolsa (quando aplicável): CNPq*