

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA – UFU  
INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS – ICIAG  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

ISADORA GONÇALVES DA SILVA

**PREDIÇÃO DE GANHO GENÉTICO UTILIZANDO ÍNDICES DE SELEÇÃO E  
REAÇÃO À *Dickeya zeae* EM GENÓTIPOS DE MILHO DOCE**

UBERLÂNDIA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2020

ISADORA GONÇALVES DA SILVA

PREDIÇÃO DE GANHO GENÉTICO UTILIZANDO ÍNDICES DE SELEÇÃO E  
REAÇÃO À *Dickeya zaeae* EM GENÓTIPOS DE MILHO DOCE

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Mestre”.

Orientadora

Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Renata Castoldi

Coorientadora

Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Nilvanira Donizete Tebaldi

UBERLÂNDIA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2020

Ficha Catalográfica Online do Sistema de Bibliotecas da UFU com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

S586 Silva, Isadora Gonçalves da, 1995-  
2020 PREDIÇÃO DE GANHO GENÉTICO UTILIZANDO ÍNDICES DE SELEÇÃO E REAÇÃO À <i>Dickeya ziae</i> EM GENÓTIPOS DE MILHO-DOCE [recurso eletrônico] / Isadora Gonçalves da Silva. 2020.

Orientadora: Renata Castoldi.  
Coorientadora: Nilvanira Donizete Tebaldi.  
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Pós-graduação em Agronomia.  
Modo de acesso: Internet.  
Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2020.107>  
Inclui bibliografia.

1. Agronomia. I. Castoldi, Renata ,1982-, (Orient.). II. Tebaldi, Nilvanira Donizete,1970-, (Coorient.). III. Universidade Federal de Uberlândia. Pós-graduação em Agronomia. IV. Título.

CDU: 631

Bibliotecários responsáveis pela estrutura de acordo com o AACR2:

Gizele Cristine Nunes do Couto - CRB6/2091

Nelson Marcos Ferreira - CRB6/3074



## UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Secretaria do Programa de Pós-Graduação em Agronomia  
 Rodovia BR 050, Km 78, Bloco 1CCG, Sala 206 - Bairro Glória, Uberlândia-MG, CEP 38400-902  
 Telefone: (34) 2512-6715/6716 - www.ppga.iciag.ufu.br - posagro@ufu.br



### ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Agronomia				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico, 001/2020 PPGAGRO				
Data:	Cinco de fevereiro de dois mil e vinte	Hora de início:	08:30	Hora de encerramento:	12:47
Matrícula do Discente:	11812AGR010				
Nome do Discente:	Isadora Gonçalves da Silva				
Título do Trabalho:	Predição de ganho genético utilizando índices de seleção e reação à <i>Dickeya ziae</i> em genótipos de milho-doce.				
Área de concentração:	Fitotecnia				
Linha de pesquisa:	Produção Vegetal em Áreas de Cerrado				

Reuniu-se na sala 212, bloco 1CCG, Campus Glória, da Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Nilvanira Donizete Tebaldi - UFU; Ana Paula Oliveira Nogueira - UFU; Pablo Forlan Vargas - UEP; Renata Castoldi - UFU orientador(a) do(a) candidato(a).

Iniciando os trabalhos o(a) presidente da mesa, Dra. Renata Castoldi, apresentou a Comissão Examinadora e o candidato(a), agradeceu a presença do público, e concedeu ao Discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do Discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa.

A seguir o senhor(a) presidente concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos(as) examinadores(as), que passaram a arguir o(a) candidato(a). Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o(a) candidato(a):

Aprovada.

Esta defesa faz parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Mestre.

O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU.

Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.

---

Documento assinado eletronicamente por **Nilvanira Donizete Tebaldi, Professor(a) do Magistério Superior**, em 05/02/2020, às 13:28, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º,



§ 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015.](#)



Documento assinado eletronicamente por **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 05/02/2020, às 13:30, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015.](#)



Documento assinado eletronicamente por **Pablo Forlan Vargas, Usuário Externo**, em 05/02/2020, às 14:36, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015.](#)



Documento assinado eletronicamente por **Renata Castoldi, Professor(a) do Magistério Superior**, em 05/02/2020, às 16:00, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015.](#)



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site

[https://www.sei.ufu.br/sei/controlador\\_externo.php?](https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0)

[acao=documento\\_conferir&id\\_orgao\\_acesso\\_externo=0](https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **1850590** e o código CRC **DF650632**.

## **AGRACEDIMENTOS**

Agradeço a Deus pelas bençôes a mim concedidas e por permitir-me alcançar mais uma vitória.

À Universidade Federal de Uberlândia (UFU) e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, pela oportunidade de realização do Mestrado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, pelo auxílio financeiro na realização deste trabalho.

À Professora Dr<sup>a</sup>. Renata Castoldi pela orientação, ensinamentos, confiança, dedicação e amizade, que foram fundamentais em minha vida acadêmica.

À Professora Dr<sup>a</sup>. Nilvanira Donizete Tebaldi pela coorientação, disponibilidade, ensinamentos e amizade, indispensáveis na construção deste trabalho.

Ao Professor Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel pelo incentivo na realização da Pós-Graduação.

Aos Professores Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel e Dr. Odair Jose Marques pela doação das sementes de milho doce.

À minha família, em especial, aos meus pais Maria Madalena Gonçalves e Rosivon Carlos da Silva, meu irmão Filipe Gonçalves da Silva e minha avó Luzia Lourenço Gonçalves, que sempre me incentivaram, apoiaram e nunca mediram esforços para me ajudar.

À minha amiga Adriany Pena de Souza pelo apoio emocional e amparo nessa fase, assim como em todas as etapas da minha vida.

Aos amigos conquistados no Programa de Pós-Graduação, Renan, Marina e, principalmente, Dahis pela amizade, aprendizado, momentos agradáveis e apoio nos trabalhos laboratoriais desta pesquisa.

Às amigas que moraram comigo em Uberlândia, Camila, Giovanna e Anna Carla, pelos momentos de apoio e descontração.

A todos os meus colegas do grupo de pesquisa NUPOL e GEN-HORT, e aos meus familiares pela ajuda na condução do experimento, principalmente, na etapa inicial.

Aos professores e funcionários do Instituto de Ciências Agrárias e Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia, Campus Monte Carmelo.

Aos funcionários do Laboratório de Bacteriologia Vegetal da UFU e Laboratório de Bromatologia do Instituto Federal do Triângulo Mineiro, Campus de Uberaba, pela colaboração na realização desta pesquisa.

Muito Obrigada!

## SUMÁRIO

RESUMO .....	i
ABSTRACT .....	ii
CAPÍTULO 1 .....	1
1 INTRODUÇÃO GERAL .....	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO .....	3
2.1 Cultura do milho doce.....	3
2.2 Estimativa dos parâmetros genéticos e índice de seleção .....	5
2.3 Podridão bacteriana causada por <i>Dickeya zeae</i> .....	7
3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	12
CAPÍTULO 2. Predição de ganho genético em genótipos de milho doce utilizando índices de seleção.....	21
1 RESUMO .....	21
2 ABSTRACT .....	22
3 INTRODUÇÃO .....	23
4 MATERIAL E MÉTODOS .....	24
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	27
6 CONCLUSÃO .....	34
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	35
CAPÍTULO 3. Reação de genótipos de milho doce à <i>Dickeya zeae</i> .....	38
1 RESUMO .....	38
2 ABSTRACT .....	39
3 INTRODUÇÃO .....	40
4 MATERIAL E MÉTODOS .....	41
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	43
6 CONCLUSÃO .....	50
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	51

## RESUMO

SILVA, ISADORA GONÇALVES DA. **Predição de ganho genético utilizando índices de seleção e reação à *Dickeya zeae* em genótipos de milho doce.** 2020, 51 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.<sup>1</sup>

O cultivo de milho doce vem se expandido no Brasil, contudo, ainda apresenta restrições em relação à disponibilidade de híbridos comerciais e à suscetibilidade a patógenos. Dessa forma, é necessário selecionar linhagens promissoras no banco de germoplasma, considerando o potencial agronômico e a resistência às doenças. A seleção de genótipos superiores pode ser realizada com base em índices de seleção, por permitir obter simultaneamente ganhos genéticos para caracteres de importância. Portanto, os objetivos desse trabalho foram realizar a seleção de genótipos de milho doce com base em caracteres agronômicos e organolépticos, utilizando índices de seleção, e avaliar a reação dos genótipos mais promissores à *Dickeya zeae*. O trabalho foi realizado em duas etapas. O experimento de campo foi desenvolvido na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Campus Monte Carmelo, em delineamento em blocos casualizados com 18 tratamentos (genótipos de milho doce da geração F<sub>3</sub>) e três repetições. Realizaram-se avaliações agronômicas e organolépticas dos genótipos de milho doce. As análises estatísticas foram efetuadas com o auxílio do programa Genes. Foram empregadas a seleção direta e indireta, índice baseado em soma de ranks, índice baseado nos ganhos desejados e índice baseado no ideótipo. A segunda etapa foi realizada em casa de vegetação na UFU, Campus Umuarama, onde avaliaram-se a reação de onze acessos de milho doce à dois isolados de *Dickeya zeae*. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, em esquema fatorial 11 x 2, com quatro repetições. Os tratamentos consistiram de 10 genótipos de milho doce da geração F<sub>3</sub>, pertencentes ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFU, Campus Monte Carmelo, (L2P1, L2P11, L2P33, L2P37, L2P45, L3P27, L4P19, L5P3, L5P18 e L5P42), e um híbrido de milho comum comercial (AS1633) suscetível à bactéria da podridão do colmo, e dois isolados de *Dickeya zeae* (UFU J23 e UFU H113). A suspensão bacteriana foi inoculada 45 dias após a semeadura e aos 4, 8, 12 e 16 dias após a inoculação mediu-se o comprimento das lesões, para determinar o período de incubação, severidade da doença e área abaixo da curva de progresso da doença. As análises estatísticas foram realizadas nos programas R e SigmaPlot. O método de seleção direta e indireta não foi satisfatório para a predição de ganho genético em milho doce. O índice de soma de “ranks” apresentou o maior valor de ganho total e também proporcionou distribuição equilibrada dos ganhos de seleção, selecionando os genótipos L2P1, L2P11, L2P37, L2P45 e L4P19, com desempenho superior para o conjunto de caracteres. Nenhum genótipo avaliado foi resistente à *Dickeya zeae*. Porém, alguns foram classificados como moderadamente suscetível. No entanto, a pesquisa pode ser realizada com outros acessos do banco de germoplasma de milho doce da UFU.

Palavras-chave: *Zea mays* subsp. *Saccharata*; Podridão do Colmo; Ganho Genético.

<sup>1</sup>Comitê orientador: Renata Catoldi – UFU (Orientadora) e Nilvanira Donizete Tebaldi - UFU.

## ABSTRACT

SILVA, ISADORA GONÇALVES DA. **Prediction of genetic gain using selection and reaction indexis for *Dickeya zeae* in sweet corn genotypes.** 2020, 51 p. Dissertation (Master degree in Agronomy) - Federal University of Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brazil.<sup>1</sup>

The cultivation of sweet corn has expanded in Brazil, however, there are still restrictions on the availability of commercial hybrids and susceptibility to pathogens. Thus, it is necessary to select promising lines in the germplasm bank, considering the agronomic potential and resistance to diseases. The selection of superior genotypes can be carried out based on the selection indexes, allowing to obtain additional genetic gains for important characters. Therefore, the objectives of this work were to carry out the selection of sweet corn genotypes based on agronomic and organoleptic characters, using selection indexes and measuring the reaction of the most promising genotypes in *Dickeya zeae*. The work has been done in two steps. The field experiment was developed at the Experimental Vegetable Station at the Federal University of Uberlândia (UFU), Monte Carmelo Campus, in a randomized block design with 18 treatments (genotypes of F<sub>3</sub> generation sweet corn) and three replications. Agronomic and organoleptic evaluations of sweet corn genotypes were performed. Statistical analysis was performed with the Genes program support. In this research, direct and indirect selection, index based on the sum of the ratings, index based on the desired gains and index based on the ideotype were used. The second step was carried out in a greenhouse at UFU, Umuarama Campus, where the reaction of eleven sweet corn accessions to two isolates of *Dickeya zeae* was evaluated. The experimental design was in randomized blocks, in a factorial scheme 11 x 2, with four replications. The treatments consisted of 10 genotypes of F<sub>3</sub> generation sweet corn, belonging to the UFU Vegetable Germplasm Bank, Monte Carmelo Campus, (L2P1, L2P11, L2P33, L2P37, L2P45, L3P27, L4P19, L5P3, L5P18 and L5P42), and a hybrid of common commercial corn (AS1633) susceptible to bacteria that rots the stem, and two isolates of *Dickeya zeae* (UFU J23 and UFU H113). The bacterial suspension was inoculated 45 days after sowing and at 4, 8, 12 and 16 days after inoculation. The lesion length was measured to determine the incubation period, disease severity and area under the disease progress curve. Statistical analyzes were performed in the R and SigmaPlot programs. The method of direct and indirect selection was not satisfactory for the prediction of genetic gain in sweet corn. The sum of ratings index presented the highest total gain value and also provided a balanced distribution of selection gains, selecting the genotypes L2P1, L2P11, L2P37, L2P45 and L4P19, with superior performance for the character set. No genotype evaluated was resistant to *Dickeya zeae*. But, some were classified as moderately susceptible. However, the research can be carried out with other accesses from the UFU sweet corn germplasm bank.

Keywords: *Zea mays* subsp. *Saccharata*; Stalk Rot; Genetic Gain.

---

<sup>1</sup>Comitê orientador: Renata Catoldi – UFU (Orientadora) e Nilvanira Donizete Tebaldi - UFU.

## CAPÍTULO 1

### 1 INTRODUÇÃO GERAL

O milho doce (*Zea mays* L. subsp. *saccharata*) é considerado uma das olerícolas mais difundidas nos Estados Unidos e na Europa. No Brasil, destina-se quase que exclusivamente ao processamento industrial, sendo ainda pouco difundido para o consumo “*in natura*”, devido ao restrito número de cultivares adaptadas ao clima tropical (RICHIERI, 2019).

Diferencia-se do milho comum pelo fato de possuir genes mutantes de caráter recessivo, sendo os mais conhecidos, *sugary* (*su*), *shrunken* (*sh*) e *brittle* (*bt*) (ARAUJO et al., 2006), e pela posição em que os alelos estão localizados nos cromossomos. Esses genes mutantes são caracterizados por promoverem alterações na composição dos carboidratos no endosperma, os quais ocasionam diferenças na proporção de amido e açúcar no grão (ARAÚJO; CORRÊA; SILVA, 2001; TRACY, 2001), tornando o milho doce mais adocicado do que o milho comum.

A comercialização de sementes de milho doce vem crescendo no Brasil (ABCSEM, 2014), devido ao retorno econômico que essa hortaliça proporciona aos produtores, estimulando, dessa forma, o aumento de pesquisas em busca de híbridos produtivos que se adequem as exigências do mercado.

Para tanto, a caracterização e seleção de genótipos superiores são etapas essenciais em um programa de melhoramento, pois auxiliam na definição de cruzamentos mais promissores (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHE-NETO, 2017). Assim, o uso de índices para a seleção, baseado em conjunto de variáveis que reúna características de interesse, se torna aplicável (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Nesse contexto, o pesquisador deve considerar fatores relacionados às características promissoras para a indústria e/ou consumo “*in natura*”, aliado à resistência a patógenos, que causam reduções drásticas em produtividade.

Uma das doenças bacterianas mais limitantes e generalizadas na cultura é a podridão do colmo, cujo agente causal é *Dickeya zeae* (SAMSON et al., 2005). O patógeno tem sido relatado como altamente variável em relação às características bioquímicas, fisiológicas, patológicas e moleculares, possuindo ampla gama de hospedeiros, rápida disseminação e multiplicação não-fastidiosa, o que dificulta o manejo

da doença (KUMAR et al., 2015). Vários compostos químicos são utilizados para controle, não sendo, entretanto, eficazes (SOLEIMANI-DELFAN et al., 2015).

Apesar dos avanços nas pesquisas, devido ao fato de ser uma doença de difícil controle e das condições climáticas brasileiras serem propícias para seu desenvolvimento, são poucos os estudos sobre resistência de milho doce à *Dickeya zeae*.

Portanto, o presente trabalho teve por objetivos realizar a seleção de genótipos de milho doce com base em caracteres agronômicos e organolépticos, utilizando índices de seleção, e avaliar a reação dos genótipos mais promissores à *Dickeya zeae*.

## **2 REFERENCIAL TEÓRICO**

### **2.1 Cultura do milho doce**

O milho doce (*Zea mays* L. subsp. *saccharata*) pertence à família Poaceae, tribo *Maydeae* e gênero *Zea* (PEREIRA FILHO; TEIXEIRA, 2016). Sua origem é baseada em duas teorias: a primeira defende a origem derivada de uma raça peruana, denominada Chullpi (GALINAT, 1971), enquanto a segunda propõe origem independente de mutações recorrentes (TRACY, 2001).

É considerado uma olerícola, devido ao alto valor agregado, ao cultivo intensivo (KWIATKOWSKI; CLEMENTE, 2007) e, principalmente, por possuir ciclo biológico curto. Pode ser consumido em conserva ou enlatado, desidratado ou *in natura*, congelado na forma de espigas ou grãos, ou minimilho se colhido antes da polinização (SOUZA; MAIA; ANDRADE, 1990).

A área plantada com milho doce nos Estados Unidos é de 200,2 mil hectares, com produção de 7,3 milhões de toneladas (USDA, 2019). No Brasil, foram comercializados mais de 12 milhões de reais de sementes de milho doce em 2012, o que corresponde a cerca de 40 mil hectares de área plantada com esta cultura (ABCSEM, 2014). Apesar do crescimento, o plantio comercial de milho doce não atende à demanda atual do país (MOTERLE et al., 2011; PENA et al., 2012; RIBEIRO et al., 2012; VITTORAZZI et al., 2013).

O milho doce é conceituado como um milho especial, em razão de suas características genéticas serem diferentes do milho comum. Possui pelo menos um dos oito genes mutantes que resultam no bloqueio da conversão de açúcares em amido no endosperma, sendo esse um caráter recessivo de origem genética. Os principais genes são: "Shrunken-2" (*sh2*), localizado no cromossomo 3; "Sugary Enhancer" (*se*), "Sugary" (*su*) e "Brittle-2" (*bt2*), localizados no cromossomo 4; e "Brittle" (*bt*) localizado no cromossomo 5. Ainda existem os genes: "Dull" (*du*), localizado no cromossomo 10; "Waxy" (*wx*), localizado no cromossomo 9; e "Amylose Extender" (*ae*), localizado no cromossomo 5. Todos podem atuar de forma simples ou em combinações duplas ou triplas (TRACY, 1994).

Entretanto, a presença de tais genes está associada à fatores indesejáveis como baixa produtividade e maior sensibilidade ao ataque de pragas e doenças (CHEN, 2014). O pericarpo pouco espesso e a alta quantidade de açúcares, qualidades desejáveis ao

consumo de milho doce, aumentam a ocorrência de danos mecânicos e facilitam a entrada de patógenos (ZUCARELI et al., 2012).

O milho comum apresenta em torno de 3% de açúcar e de 60 a 70% de amido, enquanto o milho doce apresenta de 9 a 16% de açúcar e 14 a 35% de amido. Já o milho superdoce apresenta de 28 a 44% de açúcar (SOUZA; PAES; TEIXEIRA, 2012). Desse modo, os grãos quando secos se tornam vítreos, devido à cristalização dos açúcares, e enrugados, devido à menor proporção de amido no endosperma (ARAGÃO, 2002).

Apesar do milho doce e milho convencional apresentarem algumas características que os diferenciam, as características morfológicas, estádios de crescimento e desenvolvimento da planta seguem o mesmo padrão. O estádio vegetativo tem sua origem em VE, representando a emergência das plantas, passando pelos estádios V1, V2, V3 até Vn, em que n representa a última folha emitida antes do pendoamento (Vt). Já o estádio reprodutivo inicia-se em R1, quando os estilos-estigmas estão visíveis para fora das espigas, até R6, quando os grãos de milho alcançam sua maturidade fisiológica (RICHIERI, 2019). A colheita para produção de espigas verdes deve ser realizada em R3, entre 19 e 23 dias após a polinização, quando as espigas atingem 70 a 80% de umidade (KWIATKOWSKI; CLEMENTE, 2007).

Para atender aos interesses da indústria e do produtor, quanto à produção de milho doce *in natura*, alguns atributos são considerados, dentre eles: possibilidade de plantio o ano todo, ciclo variando de 90 a 110 dias, uniformidade de maturação das espigas, produtividade acima de 12 t ha<sup>-1</sup>, longevidade no período de colheita, espigas cilíndricas e grandes, plantas de porte médio, bom empalhamento, resistência ao acamamento, sólidos solúveis acima de 15° Brix, equilíbrio entre teores de açúcar e amido e rendimento industrial igual ou maior que 40% (PEREIRA FILHO; CRUZ; BORGHI, 2016).

A fim de selecionar genótipos promissores de milho doce, diversos trabalhos foram conduzidos. Oliveira Júnior et al. (2006) avaliando cinco genótipos de milho doce e um de milho comum, objetivando identificar aqueles com melhores características agronômicas (produtividade com e sem palha, porcentagem de espigas comerciais, comprimento e diâmetro de espigas sem palha, rendimento de espiga e preferência do consumidor para os produtos em relação ao sabor, doçura e maciez) conseguiram selecionar o híbrido de milho comum Uenf506-8, considerando apenas os resultados agronômicos. Porém, observando os resultados do teste de preferência, os mais indicados foram H43IN e HDC.

Para descrever as características do híbrido de milho superdoce de cruzamento único, registrado como BRS Vivi, Teixeira et al. (2014) avaliaram o número de dias para a floração feminina; altura da planta; altura da espiga; rendimento de grãos; rendimento da espiga; comprimento e diâmetro da espiga; pH do grão; teor de sólidos solúveis, acidez titulável; componente cromatográfico; carboidratos; energia total; peso da espiga não-descascada; peso da espiga com casca; peso médio de grão por espiga; peso de espiga; fibra bruta; extrato etéreo; carotenoides e β-caroteno.

## 2.2 Estimativa dos parâmetros genéticos e índice de seleção

A estimativa dos parâmetros genéticos das características de expressividade econômica permite determinar a intensidade e o momento em que a seleção será mais eficiente (MUNIZ et al., 2002). Em programas de melhoramento genético, é interessante a obtenção de variabilidade, que derive em ganhos genéticos significativos (VASCONCELOS et al., 2015).

De tal modo, com o amparo dos parâmetros genéticos, é possível identificar genótipos superiores e classificar os melhores genitores para futuros cruzamentos. Os indivíduos selecionados devem reunir características almejáveis, a fim de satisfazer as exigências do mercado. Entretanto, selecionar progênies superiores é uma atividade complexa, já que os caracteres de importância agronômica são de natureza quantitativa, geralmente correlacionados entre si e, em sua maioria, apresentam baixa herdabilidade (NOGUEIRA et al., 2012; CRUZ, 2013; LEITE et al., 2016).

A seleção simultânea de um conjunto de caracteres economicamente importantes aumenta a chance de sucesso de um programa de melhoramento (VASCONCELOS et al., 2010). Desse modo, os índices de seleção constituem-se em uma alternativa, pois permitem efetuar a seleção simultânea com eficiência (ROSADO et al., 2012; CRUZ, 2013; SMIDERLE et al., 2019).

A hipótese dos índices de seleção é fundamentada no fato de que cada indivíduo possui valor genético global próprio (HAZEL; LUSH, 1942). Em função de esse valor ser de difícil mensuração, o valor genético não pode ser determinado e, portanto, a seleção baseia-se num valor fenotípico do indivíduo (KEMPTHORNE, 1957). Logo, os índices de seleção são a combinação linear de valores fenotípicos, os quais resultam numa medida que concentra, num único valor, os pontos positivos e negativos de cada genótipo para vários caracteres (GARCIA; SOUZA JÚNIOR, 1999).

Dessa forma, constituem-se como caráter adicional, resultante da combinação de diversas características, sobre as quais se deseja obter respostas à seleção, independentemente da existência ou não de correlação entre elas (VILARINHO et al., 2003; SANTOS et al., 2007; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Os caracteres avaliados são ponderados por meio de coeficientes estimados, com base nos valores econômicos, variâncias e covariâncias genéticas e/ou informações de interesse dos melhoristas (CRUZ, 2013).

Embora o ganho para um determinado caráter possa ser superior utilizando um método diferente, o procedimento baseado em índice de seleção resulta em genótipos com melhores padrões agronômicos, por alcançar níveis adequados para os caracteres concomitantemente no índice, e em menor tempo, do que de genótipos obtidos a partir da seleção sequencial para cada caráter (SANTIAGO, 2014).

Os índices de seleção mais utilizados em programas de melhoramento são: índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice de Pesek e Baker (1969), índice base de Williams (1962), índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) e índice da distância genótipo-ideótipo, além do emprego da seleção direta e indireta (CRUZ, 2013).

A seleção direta consiste na obtenção de ganhos máximos em um único caráter sobre o qual se pratica a seleção e, dependendo da associação desse caráter com os outros, poderão ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária, que não foram considerados no processo seletivo (CRUZ, 2013).

No índice clássico, sugerido por Smith (1936) e Hazel (1943), os coeficientes de ponderação são estimados de modo a elevar ao máximo a correlação entre o índice e o agregado genotípico. Este é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, que são ponderados por seus respectivos valores econômicos.

O índice baseado nos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969) propõe a substituição dos pesos econômicos pelos ganhos desejados para determinado caráter. A elaboração do índice envolve o conhecimento da expressão do ganho esperado dos caracteres, ou seja, a resposta desejada ou diferencial de seleção.

O índice base de Williams (1962) é semelhante ao índice clássico, ou seja, propõe o estabelecimento de índices mediante a combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres, os quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos.

O índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) envolve o ranqueamento e a soma dos ranques dos genótipos para cada um dos caráteres, em ordem favorável ao melhoramento. Esse índice apresenta como vantagem a eliminação da necessidade de se estabelecerem pesos econômicos e a estimativa de variâncias e covariâncias.

O índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2013) possibilita determinar os valores ótimos para cada variável, bem como o intervalo de valores considerados favoráveis para o melhoramento, sendo que para cada variável são calculados a média, o máximo e o mínimo desses valores.

O uso dos índices de seleção é extremamente vantajoso, pois pode proporcionar maiores ganhos totais, distribuídos entre todos os caracteres avaliados (COSTA et al., 2004). As diferentes metodologias de índices de seleção propostas possibilitam alternativas de seleção e, consequentemente, diferentes percentuais de ganhos genéticos (REZENDE et al., 2014).

### **2.3 Podridão bacteriana causada por *Dickeya zeae***

As espécies de *Dickeya* pertencem ao domínio Bacteria, reino Proteobacteria, divisão Eubacteria, categoria I (eubactérias gram-negativas com parede celular), grupo 5 (bastonetes, aeróbicos facultativos), Família Enterobacteriaceae (HOLT et al., 1994).

O gênero *Dickeya* foi inicialmente denominado *Erwinia* por Winslow et al. (1917), sendo formado pelos grupos: Amylovora, Carotovora e Herbicola. Esses grupos incluíam as bactérias gram-negativas, não formadoras de esporos, peritíquias, fermentativas, com forma de bastonete, variando de 0,8-3,2 x 0,5-0,8 µm (média 1,8 x 0,6 µm) incluídas na família Enterobacteriaceae (DYE, 1969; KUMAR et al., 2015).

Em 1945, Waldee propôs que as espécies pectinolíticas (grupo Carotovora) fossem transferidas para o novo gênero *Pectobacterium* Waldee (ROBBS, 1981). Proposta similar para colocar as Erwinias pectinolíticas em gênero separado (*Pectobacterium*) foi feita também por Brenner et al. (1973), embora não tenha sido aceita entre os fitobacteriologistas.

Anos depois, Hauben et al. (1998) analisando a posição de 29 isolados de bactérias associadas a plantas, representada pelos gêneros *Erwinia* e outras espécies da família Enterobacteriaceae, através da sequência do rDNA 16s, separou o gênero *Erwinia* em quatro grupos filogenéticos.

Uma segunda modificação na taxonomia do gênero *Pectobacterium* foi realizada por Gardan et al. (2003), que propôs a elevação ao nível de espécie em: *P. atrosepticum* (van Hall), *P. betavasculorum* (Thomson et al.) e *P. wasabiae* (Goto & Matsumoto). Permaneceram como subespécies de *P. carotovorum*, a *P. carotovorum* subsp. *carotovorum* e a *P. carotovorum* subsp. *odoriferum*.

A última alteração, relacionada à taxonomia de *Pectobacterium*, foi realizada por Samson et al. (2005), quando estudaram uma coleção de 75 isolados de *Pectobacterium chrysanthemi* e isolados tipos de *Brenneria paradisiaca* e *P. cypripedii*, através da hibridação de DNA-DNA, taxonomia numérica de 121 características fenotípicas, sorológicas e análise filogenética do rDNA 16s. Com base na sequência do rDNA 16s, foi deduzido que os isolados de *P. chrysanthemi* e *B. paradisiaca* formavam grupos diferentes (gênero *Pectobacterium* e *Brenneria*), sendo transferidas para o novo gênero *Dickeya* Samson et al. e denominadas *D. chrysanthemi* (Burkholder et al.) Samson et al., *D. dadantii* Samson et al., *D. dianthicola* Samson et al., *D. dieffenbachiae* Samson et al., *D. paradisiaca* (Fernandez-Borrero & Lopez-Duque) Samson et al. e *D. zeae* Samson et al.

A doença da podridão bacteriana, causada por bactérias do gênero *Dickeya*, foi relatada pela primeira vez em 1930 por Prasad, que identificou as bactérias como *Erwinia dissolvens*. Contudo, os sintomas descritos por ele se assemelharam mais aos causados por *E. chrysanthemi* pv. *zeae*. Sua importância foi percebida durante o ano de 1969, quando um surto grave ocorreu no distrito de Mandi, em Himachal Pradesh, na Índia (KUMAR et al., 2017).

O gênero *Dickeya* spp. ocorre praticamente em todo mundo, infectando uma ampla gama de hospedeiros de várias famílias botânicas (AGRIOS, 1996; KUMAR et al., 2016). Isolados de *D. chrysanthemi* podem afetar plantas cultivadas, tais como, violeta, cravo, crisântemo e orquídea, bem como cultivos de milho, arroz, batata, banana, cebolinha, girassol, pimentão, rúcula e tomate (HOPPE; KELMAN, 1969; GOTO, 1979; ZHANG, et al., 2014).

As perdas econômicas causadas por esses patógenos podem ser grandes, dependendo do valor da cultura, severidade da doença, espécie da bactéria envolvida, condições ambientais e potencial de inóculo (MARIANO et al., 2005; JABUONSKI; REIFSCHEIDER; TAKATSU, 1988).

A maior ocorrência e severidade das podridões-moles acontecem em condições de alta temperatura (acima de 25°C) e alta umidade do solo e do ar, provocadas por

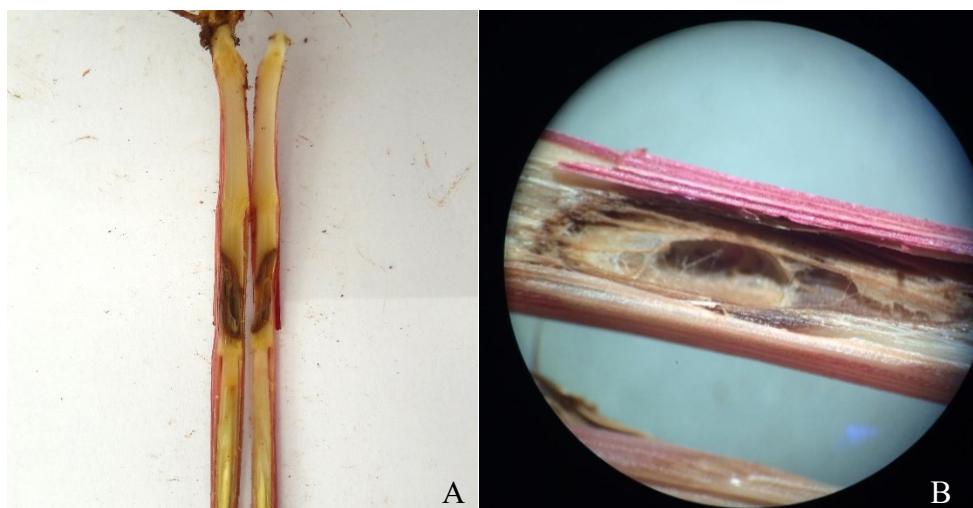
irrigação ou chuva excessiva. Além disso, estas bactérias também podem sobreviver em ausência de oxigênio e sofrer menor competição de outros microrganismos presentes no solo, em condições de anaerobiose (LOPES; HENZ, 1998).

Prasad e Sinha (1980) constataram em estudo que temperatura de 35°C, 70% de umidade relativa e nível de inóculo de  $2 \times 10^8$  células mL<sup>-1</sup> foram essenciais para o desenvolvimento da doença em plantas de milho com 15 a 30 dias de idade.

As Dickeyas sobrevivem na filosfera de plantas hospedeiras, como saprófitas no solo, em material de plantio, em restos culturais infectados, em associação com plantas daninhas ou na rizosfera de plantas cultivadas, sendo essas as principais fontes de inóculo primário (GOTO, 1992; PÉROMBELON; KELMAN, 1980).

A sobrevivência de *D. ziae* em restos vegetais varia de acordo com diferentes condições ambientais. A melhor composição do solo para o crescimento da bactéria é a baixa população de PGPR (rizobactérias promotoras de crescimento) em restos de milho no solo (PRASAD; SINHA, 1977). Alguns autores constataram que a bactéria sobreviveu por maior período de tempo em solos estéreis, do que em solos não-esterilizados (ANIL KUMAR; CHAKRAVARTI, 1970; SAXENA; LAL, 1982).

Após a penetração, a bactéria coloniza o órgão vegetal, ocasionando os sintomas de podridão-mole (Figura 1), devido à produção de enzimas pectinolíticas (GOODMAN; KIRALY; WOOD, 1986). A doença pode ocorrer em um ou em vários internódios acima da superfície do solo (KUMAR et al., 2016).



**FIGURA 1.** Sintomas da Podridão bacteriana do colmo, A: lesão visível a olho nu, B: lesão vista através da lupa. Foto: SILVA, 2018.

As enzimas pectinolíticas causam degradação das substâncias pécticas da lamela média da parede celular dos vegetais, que variam quanto às características físicas e químicas, dependendo da espécie da planta, órgão, tecido ou idade, o que determina maior ou menor degradação enzimática (GOTO, 1992; PÉROMBELON, 2002). Estas enzimas são responsáveis pela maceração do tecido e, indiretamente, morte da célula.

A secreção dessas enzimas é um fator de virulência, onde os genes “out” são responsáveis pelo aparelho secretor de proteínas de *D. chrysanthemi*. Mutantes deficientes em out ainda produzem as enzimas pectato liases, poligalacturonases e celulases, que ficam presas no espaço periplasmico sem serem excretadas, fazendo com que estes mutantes não sejam virulentos, pois não são capazes de crescer rapidamente e macerar o tecido da planta (MURATA et al., 1990).

O diguanilato cíclico (c-di-GMP) também pode ser uma das causas de virulência de *Dickeya zae*, pois é um segundo mensageiro usado na transdução de sinal em uma ampla variedade de bactérias (CHEN et al., 2016). Os segundos mensageiros são moléculas de sinalização intracelulares liberadas pela célula em resposta à exposição a moléculas de sinalização extracelulares - os primeiros mensageiros (POLLARD et al., 2017). Acredita-se que as enzimas que degradam ou sintetizam o di-GMP cíclico estejam localizadas em regiões específicas da célula, onde influenciam os receptores em um espaço restrito.

O domínio GGDEF tem a função de atuar como uma diguanilato ciclase e sintetizar o di-GMP cíclico. A sua degradação é afetada por proteínas com atividade da fosfodiesterase, sendo elas EAL ou HD-GYP. Os processos regulados por esse segundo mensageiro, pelo menos em alguns organismos, incluem a formação de biofilme, a motilidade e a produção de fatores de virulência (ROMLING; GALPERIN; GOMELSKY, 2013).

O ZmsA é uma enzima essencial para a produção de zeaminas, que são fitotoxinas e desempenham papel fundamental na virulência bacteriana (LIAO et al., 2014).

Outros fatores de virulência podem ser encontrados nas pectobactérias habitantes do solo, as quais conhecem a limitação de ferro dentro do nível de oxigênio e variação de pH presentes em muitos solos agrícolas (BOSSIER; HOFTE; VERSTRAETE, 1988). Tendo em vista reduzir a limitação deste nutriente, *D. chrysanthemi* produz um sideróforo catecol, denominado crisobactina, que contribui para a virulência sistêmica desse patógeno (ENARD et al., 1991).

Em fases mais adiantadas de infecção, o tecido necrosado no internódio atacado apresenta-se marrom-claro e o patógeno pode atingir as espigas (PEREIRA, 1997). Após todo o processo de colonização e multiplicação rápida, subsequentes fermentações e concomitante invasão do tecido em colapso por saprófitas, ocorre o desprendimento de gases com odor desagradável (ROMEIRO, 1995).

Diversos métodos têm sido utilizados para a identificação de *Pectobacterium* e *Dickeya*: testes moleculares, sorológicos, bioquímicos, bacteriófagos, ácidos graxos, eletroforese de proteínas e crescimento em meio de cultura seletivo (MARIANO et al., 2005). Porém, diferentes isolados de *Dickeya ziae* podem apresentar variações nas propriedades fisiológicas e bioquímicas devido à modificação de certas atividades enzimáticas (KUMAR, et al., 2015).

Kumar et al. (2015) utilizaram 27 testes bioquímicos para caracterizar 59 isolados de *D. ziae*, que mostraram reação diferencial à utilização de carboidratos, liquefação de gelatina e crescimento em alta concentração salina. Resistências múltiplas a antibióticos também foram observadas em todos os isolados testados.

Sequências genômicas de isolados de *D. dianthicola* e *D. solani* foram recentemente descritos (PRITCHARD et al., 2013) e sequências completas de *D. paradisiaca* (Ech703), *D. ziae* (Ech586), *D. chrysanthemi* (Ech1591) e *D. dadantii* (Ech3937) foram armazenados no GenBank (GLASNER et al., 2011). Pritchard et al. (2013) anunciaram sequências preliminares do genoma de 17 isolados de *Dickeya*, incluindo 12 isolados de *D. dadantii*, *D. chrysanthemi*, *D. ziae* e *D. paradisiaca*. Similarmente, Bertani et al. (2013) determinaram a sequência de *D. ziae* (DZ2Q) de arroz doente.

Diversos fungicidas são recomendados para o controle de *Pectobacterium* spp., sendo os mais recorrentes: oxicloreto de cobre, hidróxido de cobre, óxido cuproso, sulfato de cobre, sulfato de cobre + cal hidratada; além de alguns antibióticos: oxitetraciclina, oxitetraciclina + estreptomicina e cloreto de kasugamicina (LOPES; QUEZADO-SOARES, 1997). Entretanto, não são totalmente eficazes (SOLEIMANI-DELFAN et al., 2015), ficando a encargo do melhoramento genético o melhor método de controle.

A resistência completa a este patógeno não foi relatada até o momento, porém, vários autores tentaram identificar *locus* de características qualitativas conferindo a resistência qualitativa/multigênica contra a podridão mole das bactérias (RANGARAJAN; CHAKRAVARTI, 1969; EBRON; TOLENTINO; LANTIN, 1987; SAH; ARNY, 1990; CANAMA; HAUTEA, 2010).

### **3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- AGRIOS, G.N. **Plant pathology**. 4nd ed. New York: Academic Press, 1996.
- ANIL KUMAR, T. B.; CHAKRAVARTI, B. P. Factors affecting survival of *Erwinia carotovora*, causal organism of stalk rot of maize in soil. **Acta Phytopathologica Academiae Scientiarum Hungaricae**, [s.l.], v.5, n. 2, p.333-340, 1970.
- ARAGÃO, C. A. **Avaliação de híbridos simples braquíticos de milho super doce (*Zea mays L.*) portadores do gene shrunken-2 (sh2sh2) utilizando o esquema dialélico parcial**. 2002. 101 f. Tese (doutorado) - Faculdade de Ciências Agronômicas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, 2002.
- ARAUJO, E. F.; ARAUJO, R. F.; SOFIATTI, V.; SILVA, R. F. Maturação de sementes de milho doce – grupo super doce. **Revista Brasileira de Sementes**, [s.l.], v. 28, n. 2, p.69-76, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0101-31222006000200009>
- ARAÚJO, E. F.; CORRÊA, P. C.; SILVA, R. F. Comparação de modelos matemáticos para descrição das curvas de dessorção de sementes de milho doce. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n.7, p.991-995, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2001000700009>
- BERTANI, I.; DA SILVA D.P.; ABBRUSCATO, P.; PIFFANELLI, P.; VENTURI, V. Draft genome sequence of the plant pathogen *Dickeya zaeae* DZ2Q, isolated from rice in Italy. **Genome Announcements**, [s.l.], v.1, n. 6, p.905-913, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1128/genomeA.00905-13>
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V.; FRITSCHE-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Viçosa, MG: UFV, 2017. 543 p.
- BOSSIER, P.; HOFTE, M.; VERSTRAEDE, W. Ecological significance of siderophores in soil. **Advances in Microbial Ecology**, [s.l.], v.10, p.385-414, 1988. DOI: [https://doi.org/10.1007/978-1-4684-5409-3\\_9](https://doi.org/10.1007/978-1-4684-5409-3_9)
- BRENNER, D.J.; STEIGERWALT, A.G.; MIKLOS, G.V.; FANNING, G.R. Deoxyribonucleic acid relatedness among *Erwiniae* and other enterobacteria. The soft-rot organisms (genus *Pectobacterium* Waldee). **International Journal of Systematics Bacteriology**, [s.l.], v.23, p.205-216, 1973. DOI: <https://doi.org/10.1099/00207713-23-3-205>
- BURKHOLDER, W.R.; MC FADDEN, L.A; DIMOCK, E.W. A bacterial blight of chrysanthemums. **Phytopathology**, [s.l.], v.43, n.9, p.522-526, 1953.
- CANAMA, A.O.; HAUTEA, D.M. Molecular mapping of resistance to bacterial stalk rot (*Pectobacterium chrysanthemi* pv. *zeae* Burk., McFad. and Dim.) in tropical white maize (*Zea mays L.*). **Philippine Agricultural Scientist**, [s.l.], v.93, n.4, p.429-438, 2010.

CHEN, L. Sweet sugar transporters for phloem transport and pathogen nutrition. **New Phytologist**, Cambridge, v. 201, n.4, p. 1150-1155, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1111/nph.12445>

CHEN, Y.; MINGFA, L.; LIAO, L.; GU, Y.; LIANG, Z.; SHI, Z.; LIU, S.; ZHOU, J.; ZHANG, L. Genetic Modulation of c-di-GMP Turnover Affects Multiple Virulence Traits and Bacterial Virulence in Rice Pathogen *Dickeya zeae*. **PLoS ONE**, [s.l.], v.11, n.11, p. 1-21, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0165979>

COSTA, M.M.; MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; ARRIEL, N.H.C.; BÁRBARO, I.M.; MUNIZ, F.R.S. Ganhos genéticos por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004001100007>

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, [s.l.], v.35, n.3, p.271-276, 2013. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>

DYE, D.W.A taxonomic study of the genus *Erwinia*. II. The “carotovora” group. **New Zealand Journal of Science**, [s.l.], v. 12, p. 81-97, 1969.

EBRON, L.A.; TOLENTINO, M.S.; LANTIN, M.M. Screening for bacterial stalk rot resistance in corn. **Philippine Journal of Crop Science**, [s.l.], v.12, n.1, p.31-32, 1987.

ENARD, C.; FRANZA, T.; NEEMA, C.; GILL, P.R.; PERSMARK, M.; NEILANDS, J.B.; EXPERT, D. The requirement of chrysobactin-dependent iron transport for virulence incited by *Erwinia chrysanthemi* on *Saintpaulia ionantha*. **Plant and Soil**, [s.l.], v.130, p.263-271, 1991. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00011882>

GALINAT, W.C. **The evolution of sweet corn**, [s.l.]: Mass. Agric. Exp. Sta. Bull., 591, 1971.

GARCIA, A.A.F.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Comparação de índices não paramétricos para seleção de cultivares. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 2, p. 253-267, 1999. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87051999000200005>

GARDAN, L.; GOUY, C.; CHRISTEN, R.; SAMSON, R. Elevation of three subspecies of *Pectobacterium carotovorum* to species level: *Pectobacterium atrosepticum* sp. nov., *Pectobacterium betavasculorum* sp. nov., *Pectobacterium wasabiae* sp. nov. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, [s.l.], v.53, n.2, p.381-391, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1099/ijss.0.02423-0>

GLASNER, J.D.; YANG, C-H; REVERCHON, S.; HUGOUVIEUX-COTTE-PATTAT, N.; CONDEMINE, G.; BOHIN, J.P.; VAN GIJSEGEM, F.; YANG, S.; FRANZA, T.; EXPERT, D.; PLUNKETT, G.; SAN FRANCISCO, M.J.; CHARKOWSKI, A.O.; PY, B.; BELL, K.; RAUSCHER, L.; RODRIGUEZ-PALENZUELA, P.; TOUSSAINT, A.; HOLEVA, M.C.; HE, S.Y.; DOUET, V.;

BOCCARA, M.; BLANCO, C.; TOTH, I.; ANDERSON, B.D.; BIEHL, B.S.; MAU, B.; FLYNN, S.M.; BARRAS, F.; LINDEBERG, M.; BIRCH, P.R.; TSUYUMU, S.; SHI, X.; HIBBING, M.; YAP, M.N.; CARPENTIER, M.; DASSA, E.; UMEHARA, M.; KIM, J.F.; RUSCH, M.; SONI, P.; MAYHEW, G.F.; FOUTS, D.E.; GILL, S.R.; BLATTNER, F.R.; KEEN, N.T.; PERNA, N.T. Genome sequence of the plant pathogenic bacterium *Dickeya dadantii* 3937. **Journal of Bacteriology**, v.193, n.8, p.2076–2077, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1128/JB.01513-10>

GOODMAN, R.N., KIRALY, Z.; WOOD, K.R. **The biochemistry and physiology of plant disease**. Colombia: University of Missouri Press, 1986.

GOTO, M. Bacterial foot rot of rice caused by a strain of *Erwinia chrysanthemi*. **Phytopathology**, [s.l.], v.69, n.3, p.213-217, 1979. DOI: <https://doi.org/10.1094/Phyto-69-213>

GOTO, M. **Fundamentals of bacterial plant pathology**. San Diego: Academic Press. 1992. DOI: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-293465-0.50009-1>

HAUBEN, L.; MOORE, E. R.; VAUTERIN, L.; STEENACKERS, M.; MERGAERT, J.; VERDONCK, L.; SWINGS, J. Phylogenetic position of phytopathogens within the Enterobacteriaceae. **Systematic and Applied Microbiology**, [s.l.], v.21, p.384-397, 1998. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0723-2020\(98\)80048-9](https://doi.org/10.1016/S0723-2020(98)80048-9)

HAZEL, L.N.; LUSH, J.L. The efficiency of three methods of selection. **The Journal of heredity**, Edinburgh, v. 33, p. 393-399, 1942. DOI: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a105102>

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, [s.l.], v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

HOLT, J.G.; KRIEG, N.R.; SNEATH, P.H.A.; STANLEY, J.T.; WILLIAMS, S.T. **Bergey's Manual of Determinative Bacteriology**. 9th ed. Baltimore: Williams & Wilkins, 1994.

HOPPE, P.E.; KELMAN, A. Bacterial top and stalk rot disease of corn in Wisconsin. **Plant Disease Reporter**, [s.l.], v.53, p. 66-70, 1969.

JABUONSKI, R.E.; REIFSCHNEIDER, F.J.B.; TAKATSU, A. Influência da temperatura no dano causado por *Erwinia* spp. em tubérculos de batata-ira. **Fitopatologia Brasileira**, [s.l.], v.13, n.4, p.317-319, 1988.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. New York: John Wiley and Sons, 1957.

KUMAR, A.; HUNJAN, M.S.; KAUR, H.; RAWAL, R.; KUMAR, A.; SINGH, P.P.A review on bacterial stalk rot disease of maize caused by *Dickeya zeae*. **Journal of Applied and Natural Science**, [s.l.], v.9, n.2, p. 1214 – 1225, 2017. DOI: <https://doi.org/10.31018/jans.v9i2.1348>

KUMAR, A.; HUNJAN, M.S.; KAUR, H.; KAUR, R.; SINGH, P.P. Evaluation of management of bacterial stalk rot of maize (*Dickeya zeae*) using some chemicals and bio-agents. **Journal of Applied and Natural Science**, [s.l.], v. 8, n. 3, p.1146-1151, 2016. DOI: <https://doi.org/10.31018/jans.v8i3.932>

KUMAR, A.; HUNJAN, M.S.; KAUR, H.; SINGH, P.P. Characterization of *Dickeya zeae* isolates causing stalk rot of maize based on biochemical assays and antibiotic sensitivity. **Indian Phytopathology**, [s.l.], v. 68, n. 4, p.375-379, 2015.

KWIATKOWSKI, A.; CLEMENTE, E. Características do milho doce (*Zea mays L.*) para industrialização. **Revista Brasileira de Tecnologia Agroindustrial**, Ponta Grossa, v. 1, n. 2, p. 93-103, 2007. DOI: <https://doi.org/10.3895/S1981-36862007000200010>

LEITE, W.S.; PAVAN, B.E.; MATOS FILHO, C.H.A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C.B.; FEITOSA, F.S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, [s.l.], v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LIAO, L.; CHENG, Y.; LIU, S.; ZHOU, J.; AN, S.; LV, M.; CHEN, Y.; GU, Y.; CHEN, S.; ZHANG, L.H. Production of Novel Antibiotics Zeamines through Optimizing *Dickeya zeae* Fermentation Conditions. **PLoS ONE**, [s.l.], v.9, n.12, p.1-19, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0116047>

LOPES, C.A.; HENZ, G.P. **Podridão-mole das hortaliças causadas por bactérias**. Brasília: Embrapa Hortaliças. 1998. (Comunicado técnico, 8).

LOPES, C.A.; QUEZADO-SOARES, A.M. **Doenças bacterianas das hortaliças: diagnose e controle**. Brasília, DF: EMBRAPA-CNPH. 1997.

MARIANO, R.L.R.; SILVEIRA, E.B.; ALVARADO, I.C.M.; SILVA, A.M.F. Bactérias fitopatogênicas pectinolíticas dos gêneros *Pectobacterium* e *Dickeya*. **Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agronômica**, Recife, v. 2, p.121-153, 2005.

MOTERLE, L.M.; BRACCINI, A.L.; SCAPIM, C.A.; PINTO, R.J.B.; GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. **Euphytica**, [s.l.], v.185, n. 3, p.337-347, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-011-0458-2>

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays L.*) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Giza, v. 7, p. 40–51, 1978.

MUNIZ, F.R.S.; DI MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; OLIVEIRA, J.A.; BARBARO, I.M.; ARRIEL, N.H.C.; COSTA, M.M. Parâmetros genéticos e fenotípicos em populações segregantes de soja. **Revista brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, [s.l.], v. 6, n. 3, p. 615-622, 2002.

MURATA, H.; FONS, M.; CHATTERJEE, A.; COLLMER, A.; CHATTERJEE, A.K. Characterization of transposon insertion Out- mutants of *Erwinia carotovora* subsp. *carotovora* defective in enzyme export and of a DNA segment that complements out

mutations in *E. carotovora* subsp. *carotovora*, *E. carotovora* subsp. *atroseptica*, *E. cysanthemi*. **Journal of Bacteriology**, [s.l.], v.172, n.6, p.2970-2978, 1990. DOI: <https://doi.org/10.1128/JB.172.6.2970-2978.1990>

NOGUEIRA, A.P.O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L.B.; HAMAWAKI, O.T.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, D.G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, [s.l.], v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

OLIVEIRA JÚNIOR, L.F.G.; DELIZA, R.; BRESSAN-SMITH, R.; PEREIRA, M.G.; CHIQUIERE, T.B. Seleção de genótipos de milho mais promissores para o consumo in natura. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v.26, n.1, p.159-165, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0101-20612006000100026>

PENA, G.F.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; CANDIDO, L.S.; VITTORAZZI, C.; RIBEIRO, R.M.; FREITAS JÚNIOR, S.P. Stability and adaptability of popcorn genotypes in the State of Rio de Janeiro, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, Rio de Janeiro, v.11, n. 3, p. 3042-3050, 2012. DOI: <https://doi.org/10.4238/2012.August.31.1>

PEREIRA, O.A.P. Doenças do milho. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A.; REZENDE, J.A.M. (ed.) **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1997. p.538-555. v. 2.

PEREIRA FILHO, I.A.; CRUZ, J.C.; BORGHI, E. Cultivares de milho doce. In: PEREIRA FILHO, I.A.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do milho doce**. Brasília -df: Embrapa, 2016. p. 55-60.

PEREIRA FILHO, I.A.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do milho doce**. Brasília, DF: Embrapa, 2016. 298 p.

PÉROMBELON, M.C.M. Potato diseases caused by soft rot Erwinias: overview of pathogenesis. **Plant Pathology**, [s.l.], v.51, p.1-12, 2002.

PÉROMBELON, M.C.M.; KELMAN, A. Ecology of the soft rot erwinias. **Annual Review of Phytopathology**, [s.l.], v.18, p.361-387, 1980. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev.py.18.090180.002045>

PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v.49, n.6, p.803-804, 1969. DOI: <https://doi.org/10.4141/cjps69-137>

PRASAD, H.H. A bacterial stalk rot of maize. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, [s.l.], v.25, p.72, 1930.

PRASAD, M.; SINHA, S.K. Survival and retention of infectivity of bacterial stalk rot pathogen of maize and its perpetuation on varied cropping pattern. **Plant and Soil**, [s.l.], v.47, p. 245-248, 1977. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00010384>

PRASAD, M.; SINHA, S.K. Interaction between age of maize plants, environmental factors and inoculum strength of *E. carotovora* var. *chrysanthemi* on the extent of stalk rot incidence. **Zentralblatt für Bakteriologie, Parasitenkunde, Infektionskrankheiten und Hygiene**, [s.l.], v.135, p.55-59, 1980. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0323-6056\(80\)80045-0](https://doi.org/10.1016/S0323-6056(80)80045-0)

PRITCHARD, L.; HUMPHRIS, S.; SADDLER, G.; PARKINSON, N.M.; BERTRAND, V.; ELPHINSTONE, J.G.; TOTH, I.K. Detection of phytopathogens of the genus *Dickeya* using a PCR primer prediction pipeline for draft bacterial genome sequences. **Plant Pathology**, [s.l.], v.62, p.587-596, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2012.02678.x>

POLLARD, T.D.; EARNSHAW, W.C.; LIPPINCOTT-SCHWARTZ, J.; JOHNSON, G. Second Messengers. In: POLLARD, T.D.; EARNSHAW, W.C.; LIPPINCOTT-SCHWARTZ, J.; JOHNSON, G. **Cell Biology**. 3<sup>rd</sup>. ed. [S.l.]: Elsevier, 2017. p. 443-462. DOI: <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-34126-4.00026-8>

RANGARAJAN, M.; CHAKRAVARTI, B.P. Efficacy of antibiotics and fungicides against corn stalk rot bacteria. **Hindustan Antibiotics Bulletin**, [s.l.], v.2, p.177-179, 1969.

REZENDE, J.C.; BOTELHO, C.E.; OLIVEIRA, A.C.B.; SILVA, F.L.; CARVALHO, G.R.; PEREIRA, A.A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, [s.l.], v.9 p.347-353, 2014.

RIBEIRO, R.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; CANDIDO, L.S.; SILVA, T.R.C.; PENA, G.F. Genetic progress in the UNB 2U population of popcorn under recurrent selection in Rio de Janeiro. **Genetics and Molecular Research**, Rio de Janeiro, v.11, n. 2, p.1417-1423, 2012. DOI: <https://doi.org/10.4238/2012.May.15.12>

RICHIERI, R.S. **Influência de diferentes intervalos de processamento de milho doce sobre características quantitativas e qualitativas**. 2019. 40f. Dissertação (Mestrado em Olericultura) - Instituto Federal Goiano, Morrinhos, 2019.

ROBBS, C.F. Taxonomia, bio-ecologia e principais representantes do gênero *Erwinia* no Brasil. **Fitopatologia Brasileira**, [s.l.], v.6, p.304-305, 1981.

ROMEIRO, R.S. **Bactérias fitopatogênicas**. Viçosa: Imprensa Universitária, 1995.

ROMLING, U.; GALPERIN, M.Y.; GOMELSKY, M. Cyclic di-GMP: the first 25 years of a universal bacterial second messenger. **Microbiology and Molecular Biology Reviews**, [s.l.], v.77, n.1, p.1-52, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1128/MMBR.00043-12>

ROSADO, L.D.S.; SANTOS, C.E.M.; BRUCKNER, C.H.; NUNES, E.S.; CRUZ, C.D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 59, p. 95-101, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000100014>

SAH, D.N.; ARNY, D.C. Susceptibility of germplasm to bacterial stalk rot caused by *Erwinia chrysanthemi* pv. *zeae*. **Tropical Pest Management**, [s.l.], v.36, p.154-56, 1990. DOI: <https://doi.org/10.1080/09670879009371462>

SAMSON, R.; LEGENDRE, J.B.; CHRISTEN, R.; ACHOUAK, W.; GARDAN, L. Transfer of *Pectobacterium chrysanthemi* (Burkholder et al. 1953) Brenner et al. 1973 and *Brenneria paradisiaca* to the genus *Dickeya* gen. nov. as *Dickeya chrysanthemi* comb. nov. and *Dickeya paradisiaca* comb. nov. and delineation of four novel species, *Dickeya dadantii* sp. nov., *Dickeya dianthicola* sp. nov., *Dickeya dieffenbachiae* sp. nov. and *Dickeya zeae* sp. nov. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, [s.l.], v. 55, p. 1415-1427, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1099/ijss.0.02791-0>

SANTIAGO, S. **Predição de ganho genético utilizado índice de seleção em linhagens de milho**. 2014. 31p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agronômicas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2014.

SAXENA, S. C.; LAL, S. Studies on survival of *Erwinia chrysanthemi*. **Indian Journal of Mycology and Plant Pathology**, [s.l.], v.12, p.116, 1982.

SANTOS, F.S.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; RANGEL, R.M.; PEREIRA, M.G. Predição de ganhos genéticos por índice de seleção na população de Milho-Pipoca UNB-2U sob Seleção Recorrente. **Brangantia**, Campinas, v. 66, n. 3, p. 389-396, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052007000300004>

SMIDERLE, E.C.; FURTINI, I.V.; SILVA, C.S.C.; BOTELHO, F.B.S.; RESENDE, M.P.M.; BOTELHO, R.T.C.; COLOMBARI FILHO, J.M.; CASTRO, A.P.; UTUMI, M.M. Index selection for multiple traits in upland rice progeny. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v.42, n. 1, p. 4-12, 2019.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, London, v.7, n.3, p.240-250, 1936. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>

SOLEIMANI-DELFAN, A.; ETEMADIFAR, Z.; EMTIAZI, G.; BOUZARI, M. Isolation of *Dickeya dadantii* strains from potato disease and biocontrol by their bacteriophages. **Brazilian Journal Of Microbiology**, [s.l.], v.46, n.3, p.791-797, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1517-838246320140498>

SOUSA, S.M.; PAES, M.C.D.; TEIXEIRA, F.F. **Milho doce**: origem de mutações naturais. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. 2012. (Documentos, n. 144). 44p.

SOUZA, I.R.P.; MAIA, A.H.N.; ANDRADE, C.L.T. **Introdução e avaliação de milho doce na região do baixo Paranaíba**. Teresina: EMBRAPA-CNPA, 1990. 7p.

TEIXEIRA, F.F.; PAES, M.C.D.; GAMA, E.E.G.; PEREIRA FILHO, I.A.; MIRANDA, R.A.; GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONI, S.N.; COTTA, L.V.; MEIRELLES, W.F.; PACHECO, C.A.P.; GUIMARÃES, L.J.M.; SILVA, A.R.; MACHADO, J.R.A. BRS Vivi: single-cross super sweet corn hybrid. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v.14, p.124-127, 2014.

DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332014v14n2c21>

TRACY, W.F. Sweet corn. In: HALLAUER, A.R. **Specialty corn**. Boca Raton: [s.n.], 2001. p.155-198. DOI: <https://doi.org/10.1201/9781420038569.ch6>

TRACY, W.F. Sweet corn. In: HALLAUER A.R. **Specialty Corn**. New York: CRC Press, 1994. p. 147-187.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE (USDA). **Vegetables 2019 Summary**. National agricultural statistics service, 2019. Disponível em: <https://downloads.usda.library.cornell.edu/usda-esmis/files/02870v86p/gm80j322z/5138jn50j/vegean19.pdf>. Acesso em 18 de novembro de 2019.

VASCONCELOS, E.S.; FERREIRA, R.P.; CRUZ, C.D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J.B.; FREITAS, A.R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 57, p. 205-210, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>

VASCONCELOS, E.S; REIS, M.S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. **Semina**, [s.l.], v. 36, n. 3, p. 1203-1214, 2015. DOI: <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2015v36n3p1203>

VILARINHO, A.A.; VIANA, J.M.S.; CÂMARA, T.M.M.; SANTOS, J.F. Seleção de progêneres endogâmicas S1 e S2 em um programa de melhoramento intrapopulacional de milho pipoca. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 24, n. 5, p. 1419-1425, 2003. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v24i0.2393>

VITTORAZZI, C.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; GONÇALVES, L.S.A.; CANDIDO, L.S.; SILVA, T.R.C. Selecting pre cultivars of popcorn maize based on nonparametric indices. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.44, n. 2, p. 356-362, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1806-66902013000200019>

WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, Washington, v.18, n.3, p.375-393, 1962. DOI: <https://doi.org/10.2307/2527479>

WINSLOW, C.E.A.; BROADHURST, J.; BUCHANAN, R.E.; KRUMWIEDE JUNIOR, C.; ROGERS, L.A.; SMITH, G.H. The families and genera of the bacteria. Preliminary report of the Committee of the Society of American Bacteriologists on characterization and classification of bacterial types. **Journal of Bacteriology**, [s.l.], v.2, p.505-566, 1917. DOI: <https://doi.org/10.1128/JB.2.5.505-566.1917>

ZHANG, J.; SHEN, H.; PU, X.; LIN, B.; HU, J. Identification of *Dickeya zeae* as a causal agent of bacterial soft rot in banana in China. **Plant Disease**, [s.l.], v.98, n.4, p.436-442, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-13-0711-RE>

ZUCARELI, C.; PANOFF, B.; PORTUGAL, G.; FONSECA, I.C.B. Doses e épocas de

aplicação de nitrogênio em cobertura na qualidade fisiológica de sementes de milho.  
**Revista Brasileira de Sementes**, [s.l.], v.34, n.3, p.480-487, 2012. DOI:  
<https://doi.org/10.1590/S0101-31222012000300016>

## CAPÍTULO 2. Previsão de ganho genético em genótipos de milho doce utilizando índices de seleção

### 1 RESUMO

O cultivo de milho doce vem se expandindo no Brasil, porém, há sérias restrições em relação à disponibilidade de híbridos comerciais. Para esse fim, a seleção de genótipos superiores pode ser realizada com base em índices de seleção, por permitir obter, simultaneamente, ganhos para caracteres de importância agronômica. O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos, e selecionar genótipos de milho doce, visando maiores ganhos genéticos, utilizando diferentes índices de seleção. O experimento foi desenvolvido na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia, Campus Monte Carmelo, utilizando delineamento em blocos casualizados com dezoito tratamentos (acessos de milho doce da geração F<sub>3</sub>) e três repetições. As avaliações agronômicas e organolépticas foram realizadas, posteriormente, sendo empregados os critérios da seleção direta e indireta, índice baseado em soma de ranks, índice base, índice clássico, índice baseado nos ganhos desejados e índice baseado no ideótipo, com auxílio do programa estatístico Genes. As características apresentaram diferenças significativas, pelo teste F ao nível de 5% de probabilidade, exceto para diâmetro de colmo, prolificidade e número de grãos por espiga. O coeficiente de variação (CV) apresentou valores abaixo de 30%. Em conformidade, os parâmetros genéticos se apresentaram satisfatórios para maioria dos caracteres. Os maiores ganhos obtidos com a seleção direta foram para lipídeos (25,55%), nitrogênio (23,21%) e produção (21,23%), porém, os ganhos indiretos são considerados insatisfatórios para seleção. O índice de soma de “ranks” apresentou o maior valor de ganho total e também proporcionou distribuição equilibrada dos ganhos de seleção. Dessa forma, os genótipos L2P1, L2P11, L2P37, L2P45 e L4P19, apresentaram desempenho superior para o conjunto de caracteres.

Palavras-chave: *Zea mays* subsp. *saccharata*; Melhoramento Genético; Biometria.

## 2 ABSTRACT

The cultivation of sweet corn has been expanding in Brazil, however, there are serious restrictions in relation to the availability of commercial hybrids. For this purpose, selection of superior genotypes can be done based on selection indexes, since it allows to obtain, simultaneously, gains for characters of agronomic importance. This work objectives were to estimate the genetic and phenotypic parameters, and to select the sweet corn genotypes, to monitor the greatest genetic gains, to use different selection indexes. The experiment was developed at the Experimental Vegetable Station at the Federal University of Uberlândia, Monte Carmelo Campus, using a randomized block design with eighteen filters (acesses of F<sub>3</sub> generation sweet corn) and three replications. Agronomic and organoleptic assessments were subsequently done, using the criteria of direct and indirect selection, index based on sum of ranks, base index, classic index, index based on desired gains and index based on the ideotype, with the aid of the Genes statistical program. The characteristics showed significant differences, by the F test, at the level of 5% probability, except stem diameter, prolificacy and number of grains per corn cob. The variation coefficient (CV) got values below 30%. Accordingly, the genetic parameters were satisfactory for most of the characters. The greatest gains obtained with direct selection were for lipids (25.55%), nitrogen (23.21%) and production (21.23%), however, indirect gains were unsatisfactory for selection. The “ranks” sum index showed the highest total gain value and also provides a balanced distribution of selection gains. Thus, the genotypes L2P1, L2P11, L2P37, L2P45 and L4P19 had superior performance for the character set.

Keywords: *Zea mays* subsp. *saccharata*; Genetic Imporvement; Biometry.

### **3 INTRODUÇÃO**

O milho doce (*Zea mays* L. var. *saccharata* Sturt) é considerado uma hortaliça, destinada, exclusivamente, ao consumo humano, podendo ser comercializada *in natura*, como milho verde, ou, após o processamento industrial, na forma de alimento enlatado (LUZ et al., 2014; VENDRUSCOLO et al., 2018).

Por apresentar ampla diversificação de uso e, consequentemente, ser fonte de renda compensatória aos produtores, a comercialização de sementes de milho doce vem crescendo no país (ABCSEM, 2014), estimulando, dessa forma, o aumento de pesquisas em busca de híbridos produtivos, que se adequem às exigências do mercado.

Entretanto, um dos entraves na difusão do cultivo de milho doce no Brasil está relacionado à falta de cultivares adaptadas às condições tropicais (PEREIRA FILHO; TEIXEIRA, 2016). Assim sendo, os novos híbridos devem reunir caracteres que atendam às expectativas dos consumidores, dos produtores e do setor industrial (TERRES et al., 2015).

Para tanto, o uso de ferramentas para a seleção desses novos híbridos, baseada em um conjunto de variáveis que reúnam vários atributos de interesse econômico se torna necessário. Apesar disso, selecionar progênies superiores não é fácil, já que os caracteres de importância agronômica normalmente apresentam baixa herdabilidade (CRUZ, 2013).

O processo de escolha de genótipos superiores pode ser mais eficiente com a utilização de índices de seleção, que permitem combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Na literatura, são encontrados vários trabalhos empregando índices de seleção no melhoramento de plantas. Apesar da aplicabilidade desses índices ter sido reportada para diversas culturas, como alfafa (VASCONCELOS et al., 2010), milho-pipoca (FREITAS et al., 2013), algodão (RESENDE, et al., 2014), batata (TERRES et al., 2015), soja (LEITE, et al. 2016), batata-doce (CAMARGO, et al., 2016), cenoura (CARVALHO et al., 2017) e arroz (SMIDERLE et al., 2019), ainda há poucos estudos com essa abordagem para a cultura do milho doce.

Portanto, objetivou-se com este trabalho estimar parâmetros genéticos e fenotípicos e comparar índices de seleção, indicando o(s) melhor(es) método(s) na seleção de genótipos de milho doce, visando a obtenção de maiores ganhos genéticos.

#### **4 MATERIAL E MÉTODOS**

O experimento foi realizado no período de março a junho de 2018, na Estação Experimental de Hortaliças ( $18^{\circ}43'36,03''S$ ,  $47^{\circ}31'28,59''W$ ; 903 m de altitude) da Universidade Federal de Uberlândia, localizada em Monte Carmelo – MG.

O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, sendo que os tratamentos constaram de dezoito genótipos de milho doce (L1P9; L2P1; L2P11; L2P14; L2P33; L2P37; L2P45; L3P27; L4P5; L4P19; L5P3; L5P5; L5P18; L5P34; L5P37; L5P42; L7P8; L7P9) e três repetições. Os genótipos são provenientes de três autofecundações sucessivas de materiais coletados em feiras livres desde 2016 e pertencem ao banco de germoplasma de milho doce da Universidade Federal de Uberlândia, Campus Monte Carmelo.

Cada parcela experimental foi constituída por quatro linhas de plantio, com 2,1 m de comprimento, espaçadas de 0,7 m entre linhas e 0,3 m entre plantas, totalizando uma população de 47.619 plantas por hectare. A área útil da parcela foi constituída das duas linhas centrais, excluindo-se as duas linhas da extremidade e 0,3 m no início e final das duas linhas centrais. Para avaliação dos atributos agronômicos, foram selecionadas cinco plantas por parcela da área útil.

Para a instalação do experimento, o solo foi amostrado na profundidade de 0 a 20 cm para análise química e física, apresentando os seguintes resultados: textura muito argilosa, contendo 78,0% de argila; pH em  $\text{CaCl}_2 = 4,8$ ; P meh =  $32,9 \text{ mg dm}^{-3}$ ; K =  $0,17 \text{ cmolc dm}^{-3}$ ; Ca =  $2,5 \text{ cmolc dm}^{-3}$ ; Mg =  $0,5 \text{ cmolc dm}^{-3}$ ; Zn =  $7,1 \text{ mg dm}^{-3}$ ; B =  $0,10 \text{ mg dm}^{-3}$ ; Fe =  $31 \text{ mg dm}^{-3}$ ; Cu =  $2,8 \text{ mg dm}^{-3}$ ; Mn =  $10,7 \text{ mg dm}^{-3}$ ; H+Al =  $2,60 \text{ cmolc dm}^{-3}$ ; SB =  $3,09 \text{ cmolc dm}^{-3}$ ; T =  $5,69 \text{ cmolc dm}^{-3}$ ; V% = 54%.

O local de implantação do experimento foi preparado conforme sistema convencional, ou seja, antes da semeadura, realizou-se duas arações, uma gradagem e adubação de plantio, de acordo com a análise química do solo e recomendações técnicas para a cultura do milho verde (FREIRE et al., 1999). Na adubação de plantio, foi aplicado  $300 \text{ kg ha}^{-1}$  do formulado 08-28-16. Já na adubação de cobertura aplicou-se,  $96 \text{ kg ha}^{-1}$  de N e  $12 \text{ kg ha}^{-1}$  de K<sub>2</sub>O, utilizando-se como fonte ureia e cloreto de potássio, respectivamente.

O sistema de irrigação utilizado foi por aspersão, com dois turnos de rega diários, para manter o solo sempre úmido e adequado ao melhor desenvolvimento da cultura.

Os tratamentos fitossanitários foram realizados ao longo do ciclo da cultura, conforme incidência de pragas e doenças, com produtos registrados. As capinas foram realizadas manualmente, a fim de manter a cultura livre de plantas daninhas.

No estádio R1, foram avaliados: altura de inserção da primeira espiga (AIE, cm); altura de plantas (AP, cm), distância entre o solo até o nó de inserção do pendão; diâmetro de colmo (DC, cm), no ponto correspondente ao centro do colmo; número de folhas (NF); prolificidade (PROL), ou seja, número médio de espigas por planta; florescimento feminino (FF, dias) e masculino (FM, dias), quando 50% das plantas da parcela emitiram a inflorescência masculina e feminina, respectivamente.

Após a colheita, que ocorreu quando as plantas estavam em estádio R4, avaliaram-se: ciclo (CL, dias); comprimento (CE, cm) e diâmetro (DE, cm) de espigas comerciais, correspondente às espigas maiores que 15 cm e com diâmetro superior a 3 cm; número de grãos por espiga (NG); produção por planta (PP, kg), obtida pelo peso das espigas sem palha, dividido pelo número de plantas da parcela útil; produtividade de espigas comerciais (PTC, kg ha<sup>-1</sup>), obtida pelo peso das espigas comerciais, sendo os valores extrapolados para um hectare; rendimento industrial (RI, kg ha<sup>-1</sup>), calculado pela relação entre a produtividade total de espigas com palha e produtividade de grãos, extrapolado para kg ha<sup>-1</sup>; e sólidos solúveis (SS, °Brix), obtido através de refratômetro digital Atago, modelo PR-100 Palette, com compensação de temperatura automática a 25°C.

Os grãos foram retirados das espigas e colocados para secar em estufa com circulação de ar forçada a 60°C, até atingirem massa constante e, posteriormente, moídos e enviados ao Laboratório de Bromatologia do Instituto Federal do Triângulo Mineiro, Campus de Uberaba, onde foram realizadas as análises físico-químicas e composição centesimal: umidade total (UT, %); matéria seca total (MST, %); cinzas (CZ, %); nitrogênio (N, %); proteína bruta (PB, %); lipídeos (LIP, %) e carboidratos (CB, %), mensurados de acordo com a metodologia do Instituto Adolfo Lutz (2008).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de homogeneidade de variância (teste de Bartlett), normalidade (teste de Lilliefors) e aditividade. Com o intuito de avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres quantitativos, realizaram-se análises de variância.

O coeficiente de herdabilidade no sentido amplo ( $h^2$ ) foi calculado com uso da fórmula:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$$

Em que:  $\sigma_g^2$ = Estimativa da variância genotípica;  $\sigma_f^2$ = Estimativa da variância fenotípica.

O cálculo do coeficiente de variação genética foi obtido com uso da fórmula:

$$CV_g = \frac{\sigma_g}{m} \times 100$$

Em que:  $\sigma_g$ = Desvio-padrão genético-aditivo;  $m$  = média geral;

Os índices empregados para seleção dos melhores genótipos foram índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), índice base de Willians (1962), índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), índice dos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969), índice baseado no ideótipo de Cruz (2006). Além dos índices, foram utilizadas a seleção direta e indireta, ambas com intensidade de seleção de 28%.

Foi utilizado o valor do coeficiente de variação genético (CVg) como peso econômico e ganho desejado para todos os métodos de índice de seleção, pois ele fornece melhor distribuição dos ganhos, além de tender ao aumento do ganho (CRUZ, 2013). No índice da soma de “ranks”, indicou-se o sentido da seleção superior para todos os caracteres, exceto para AIE, AP, FF, FM, CL e UT. Para o índice baseado em ganhos desejados, as características PP, RI e SS foram classificadas como principais, indicando as demais como secundárias.

Considerou-se como ideótipos para AIE: 62,58 cm; AP: 120,47 cm; NF: 10,66; FF: 72,84 dias; FM: 68,83 dias; CL: 98,83 dias; CE: 17,16 cm; DE: 4,47 cm; PP: 0,12 kg; PTC: 4650,35 kg ha<sup>-1</sup>; RI: 22,77 kg ha<sup>-1</sup>; SS: 9,13%; UT: 76,62%; MST: 23,37%; CZ: 0,81%; N: 0,25%; PB: 3,71%; LP: 2,32% e CB: 16,51%. Esses valores foram baseados nos dados coletados e não em um padrão de recomendação, já que nem sempre é possível encontrar, entre os genótipos estudados, características com valores preconizados para a cultura.

Todas as análises genéticas e estatísticas foram processadas por meio do programa computacional Genes (CRUZ, 2013).

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise de variância, é possível verificar a existência de variabilidade genética entre os genótipos a 5% de probabilidade para todos os caracteres analisados, exceto para diâmetro de colmo, prolificidade e número de grãos por espiga (Tabela 1). Essas características foram excluídas dos testes posteriores, por não permitir ganhos genéticos na seleção de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

**TABELA 1.** Quadrado médio dos genótipos e estimativa de parâmetros genéticos de caracteres agronômicos de dezoito genótipos de milho doce, no município de Monte Carmelo – MG, no ano agrícola 2018.

Caracteres	QMg	Média	CV (%)	h <sup>2</sup> (%)	CVg (%)	CVg/Cve
<b>AIE</b>	154,01**	62,58	8,88	79,97	10,24	1,15
<b>AP</b>	288,08*	120,48	9,57	53,82	5,97	0,62
<b>DC</b>	0,02 <sup>ns</sup>	1,30	8,93	32,91	3,61	0,40
<b>NF</b>	1,28**	10,66	3,58	88,61	5,77	1,61
<b>PROL</b>	0,02 <sup>ns</sup>	1,08	11,83	11,29	2,44	0,21
<b>FF</b>	36,71**	72,85	3,09	86,19	4,46	1,44
<b>FM</b>	30,99**	68,83	3,01	86,11	4,33	1,44
<b>CL</b>	30,99**	98,83	2,10	86,11	3,02	1,44
<b>CE</b>	5,79**	17,16	5,67	83,66	7,40	1,31
<b>DE</b>	0,21**	4,47	4,66	79,15	5,24	1,13
<b>NG</b>	4949,36 <sup>ns</sup>	409,04	13,04	42,50	6,47	0,50
<b>PP</b>	0,00**	0,12	27,54	61,85	20,25	0,74
<b>PTC</b>	2757581,0**	4650,36	20,37	67,45	16,93	0,83
<b>RI</b>	31,26**	22,77	11,38	78,51	12,56	1,10
<b>SS</b>	1,84*	9,13	10,10	53,83	6,30	0,62
<b>UT</b>	28,52**	76,63	2,37	88,46	3,78	1,60
<b>MST</b>	28,52**	23,37	7,76	88,46	12,41	1,60
<b>CZ</b>	0,06**	0,81	9,44	89,86	16,21	1,72
<b>N</b>	0,02**	0,27	17,86	85,54	25,08	1,40
<b>PB</b>	0,69**	3,71	9,99	80,21	11,61	1,16
<b>LIP</b>	1,13**	2,33	17,26	85,69	24,39	1,41
<b>CB</b>	16,93**	16,52	8,21	89,14	13,58	1,65

AIE: altura de inserção de espiga (cm); AP: altura de planta (cm); DC: diâmetro de colmo (cm); NF: número de folhas; PROL: prolificidade; FF: florescimento feminino (dias); FM: florescimento masculino (dias); CL: ciclo (dias); CE: comprimento de espigas comerciais (cm); DE: diâmetro de espigas comerciais (cm); NG: número de grãos por espiga; PP: produção (kg); PTC: produtividade de espigas comerciais ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); RI: rendimento industrial ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); SS: sólidos solúveis totais ( $^{\circ}\text{Brix}$ ); UT: umidade total (%); MST: matéria seca total (%); CZ: cinzas (%); N: nitrogênio (%); PB: proteína bruta (%); LIP: lipídios (%); CB: carboidratos(%). QMg: quadrado médio dos genótipos; h<sup>2</sup>: Coeficiente de herdabilidade; CVg: Coeficiente

de variação genético; CVg/CVe: relação entre os coeficientes de variação genético e ambiental \*,\*\*, ns = significativo a 5% e 1% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Os coeficientes de variação variaram de 2,10% (CL) a 27,54% (PP) (Tabela 1). Tais valores, abaixo de 30%, são considerados ideais, pois indicam baixa dispersão dos dados experimentais (CANTELLI et al., 2016).

Os valores estimados do coeficiente de herdabilidade ( $h^2$ ) variaram de 11,29% (PROL) a 89,86% (CZ), podendo indicar sucesso na seleção fenotípica, visando ganho genético com base na maioria dos caracteres (BALDISSERA et al., 2014). Entretanto, de acordo com Ramalho et al. (2012), nem todos os valores de  $h^2$  são considerados elevados, podendo, assim, serem considerados, apenas quando forem superiores a 70%.

Os valores considerados adequados para  $h^2$  são referentes aos caracteres que foram significativos à 1% de probabilidade. Vale ressaltar que a herdabilidade não é apenas a propriedade de um caráter, mas sim da população sob as condições ambientais a que ela foi exposta (BALDISSERA et al., 2014).

Já os valores de coeficiente de variação genético (CVg) variaram de 2,44% (PROL) a 25,08% (N). Este parâmetro é de extrema relevância, já que permite inferir sobre a dimensão da variabilidade genética presente na população (LEITE et al., 2015). Em milho verde, Rodrigues et al. (2011) consideram como um bom indicador do potencial genético do germoplasma para o melhoramento, valores de CVg acima de 7%.

A razão CVg/CVe pode ser empregada como indicativo do grau da facilidade de seleção dos genótipos para cada caráter. Quando o quociente estimado é maior ou igual a um, a variação genética disponível é a maior responsável pela variação estimada dos dados experimentais (LEITE et al., 2016). Dessa forma, no atual experimento, há possibilidade de identificação de genótipos superiores através dos seguintes caracteres: altura de inserção de espiga (1,15), número de folhas (1,61), florescimento feminino (1,44), florescimento masculino (1,44), ciclo (1,44), comprimento de espigas comerciais (1,31), diâmetro de espigas comerciais (1,13), rendimento industrial (1,10), umidade (1,60), matéria seca total (1,60), cinzas (1,72), nitrogênio (1,40), proteína bruta (1,16), lipídios (1,41) e carboidratos (1,65), uma vez que apresentam valores de CVg/CVe maiores que um.

A seleção direta baseia-se na obtenção de ganhos máximos em uma única característica. Entretanto, indiretamente, a associação desse caráter com os outros poderá

resultar em respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária, que não foram considerados no momento da seleção (CRUZ, 2013).

Os fatores mais importantes que interferem, direta ou indiretamente, no ganho com a seleção são: intensidade de seleção, propriedades genéticas da população e condições ambientais. O ganho está diretamente relacionado com a diferença da média do grupo selecionado e da média da população original. Quanto mais heterogênea for uma população, maiores serão as chances de ganho com seleção, uma vez que se baseia em diferenças genéticas. Contudo, alta pressão seletiva implica em risco maior de redução da variabilidade genética, o que pode comprometer o ganho em ciclos sucessivos (HAMAWAKI et al., 2012).

Ao adotar intensidade de seleção de 28%, selecionaram-se cinco genótipos para cada um dos caracteres avaliados. Os maiores ganhos totais foram obtidos para PB, PP e DE, com 42,94%, 38,38% e 37,6%, respectivamente (Tabela 2). Paralelamente, os maiores ganhos diretos foram encontrados para as características LIP, N e PP (25,55%, 23,21% e 21,23%, respectivamente). Porém, ao analisar a resposta indireta desses caracteres sob os demais, são observados valores insatisfatórios para a seleção. Como exemplo, verifica-se que a seleção direta para PP, reduziu o NF, CE, RI, N e CB e aumentou AP, o que é indesejável.

Considerando que as características AP devem apresentar valores baixos ou negativos, quando selecionam-se plantas pelos valores de PP, são selecionadas, indiretamente, aquelas com AP elevados, que são plantas que estarão mais propícias ao tombamento, o que não é desejável no melhoramento (FREITAS et al., 2013).

**TABELA 2.** Estimativas de ganhos genéticos em porcentagem, pelo método de seleção direta (valores na diagonal, em negrito) e indireta, para onze caracteres em dezoito genótipos de milho doce, no município de Monte Carmelo – MG, no ano agrícola 2018.

	AIE	AP	NF	FF	FM	CL	CE	DE	PP	PTC	RI	SS	UT	MST	CZ	N	PB	LIP	CB
<b>AIE</b>	<b>-9,77</b>	-6,67	5,24	-2,28	-2,28	-2,28	5,63	-0,20	-1,05	1,90	-4,97	-2,04	-4,7	-4,7	-3,72	0,16	-1,99	-4,37	-4,7
<b>AP</b>	-2,79	<b>-5,32</b>	0,35	-1,57	-1,57	-1,57	3,21	1,11	1,35	2,99	-2,23	0,7	-2,77	-2,77	-0,56	-0,84	-0,25	-0,03	-2,77
<b>NF</b>	-3,51	-3,40	<b>6,12</b>	-2,85	-2,85	-2,85	2,25	-0,74	-0,41	-0,19	-2,63	-3,51	-4,18	-4,18	0,36	-1,85	-2,63	-1,85	-4,18
<b>FF</b>	-2,11	-1,17	4,51	<b>-3,93</b>	-3,93	-3,93	2,86	-3,30	-3,14	-1,72	-2,11	-2,98	-2,82	-2,82	0,49	1,83	-1,88	-2,98	-2,82
<b>FM</b>	-2,13	-0,96	4,30	-3,96	<b>-3,96</b>	-3,96	2,96	-3,21	-3,29	-1,88	-2,13	-3,13	-2,54	-2,54	0,29	1,71	-1,63	-3,13	-2,54
<b>CL</b>	-1,48	-0,67	2,99	-2,76	-2,76	<b>-2,76</b>	2,06	-2,24	-2,29	-1,31	-1,48	-2,18	-1,77	-1,77	0,2	1,19	-1,13	-2,18	-1,77
<b>CE</b>	-3,24	-1,97	2,64	-3,14	-3,14	-3,14	<b>7,97</b>	-2,30	-0,54	1,47	-5,61	0,3	-4,15	-4,15	-4,21	-1,16	-2,27	-0,64	-4,15
<b>DE</b>	2,62	-1,87	-2,81	4,15	4,15	4,15	-1,63	<b>5,68</b>	5,45	3,09	0,49	2,62	1,55	1,55	0,37	-1,63	1,32	2,5	1,55
<b>PP</b>	4,62	-8,68	-5,35	7,94	7,94	7,94	-2,03	17,91	<b>21,23</b>	14,59	-8,68	4,62	-5,35	-5,35	4,62	-8,68	-2,03	11,26	-5,35
<b>PTC</b>	-3,14	-14,06	2,73	-0,22	-0,22	-0,22	9,26	10,06	14,81	<b>15,19</b>	-11,00	8,42	-9,43	-9,43	-3,76	-5,34	-2,46	7,6	-9,43
<b>RI</b>	4,75	6,26	<b>-10,84</b>	7,80	7,80	7,80	-5,53	0,68	-2,10	-3,64	<b>13,83</b>	3,99	7,85	7,85	-3,83	-4,33	1,32	3,94	7,85
<b>SS</b>	1,81	0,16	-3,69	1,26	1,26	1,26	-2,12	2,04	1,96	3,3	2,28	<b>5,5</b>	2,12	2,12	-0,94	-1,73	3,14	3,22	2,12
<b>UT</b>	-1,17	-1,55	2,12	-2,14	-2,14	-2,14	3,43	-1,03	-0,46	-0,31	-2,07	-0,65	<b>-4,08</b>	-4,08	-1,57	-2,2	-3,53	-0,95	-4,08
<b>MST</b>	3,84	5,08	-6,94	7,0	7,0	7,0	-11,24	3,36	1,52	1,01	6,8	2,13	13,37	<b>13,37</b>	5,13	7,23	11,57	3,11	13,37
<b>CZ</b>	6,88	-3,98	1,81	1,81	1,81	1,81	-14,12	1,81	3,98	0,36	6,16	-0,36	6,16	6,16	<b>17,74</b>	8,33	6,16	6,16	6,16
<b>N</b>	-5,54	13,63	4,05	4,05	4,05	4,05	2,13	-9,37	-13,2	-9,37	0,21	11,29	15,55	15,55	-3,62	<b>23,21</b>	7,88	17,04	15,55
<b>PB</b>	3,48	4,05	-11,16	6,19	6,19	6,19	-6,9	5,47	2,63	4,05	6,33	3,91	9,31	9,31	-1,21	-1,35	<b>10,31</b>	2,63	9,31
<b>LIP</b>	10,48	-4,35	-13,34	5,38	5,38	5,38	-16,5	9,99	12,43	8,78	13,4	17,04	6,59	6,59	8,29	-7,51	8,78	<b>25,55</b>	6,59
<b>CB</b>	2,64	7,04	-5,15	7,47	7,47	7,47	-11,13	1,88	-0,5	-0,82	5,67	-0,5	15,4	15,4	5,56	11,47	12,26	-0,46	<b>15,4</b>
<b>Total</b>	6,24	-18,43	-22,42	30,2	30,2	30,2	-29,44	37,6	38,38	37,49	12,26	22,59	36,11	36,11	19,63	18,51	42,94	32,34	36,11

...continua...

**TABELA 2, Cont.**

Genótipos Selecionados	5; 4; 7; 13; 3	7; 5; 18; 8; 14	18; 1; 6; 17; 9	3; 2; 7; 8; 11	3; 2; 7; 11; 8	15; 9; 7; 11; 13	3; 2; 17; 16	3; 6; 11; 10; 13	13; 11; 6; 13; 2	8; 7; 4; 12; 2; 16	7; 13; 12; 2; 10	5; 10; 7; 8; 8; 10	5; 10; 7; 8; 4; 5;	1; 6; 5; 1; 2	8; 9; 5; 1; 2	10; 16; 5; 2	12; 6; 7; 13; 2	5; 8; 10; 7; 2
------------------------	----------------------	-----------------------	-----------------------	----------------------	----------------------	------------------------	--------------------	------------------------	------------------------	--------------------------	------------------------	--------------------------	--------------------------	---------------------	---------------------	--------------------	-----------------------	----------------------

AIE: altura de inserção de espiga (cm); AP: altura de planta (cm); DC: diâmetro de colmo (cm); NF: número de folhas; PROL: prolificidade; FF: florescimento feminino (dias); FM: florescimento masculino (dias); CL: ciclo (dias); CE: comprimento de espigas comerciais (cm); DE: diâmetro de espigas comerciais (cm); NG: número de grãos por espiga; PP: produção (kg); PTC: produtividade de espigas comerciais ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); RI: rendimento industrial ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); SS: sólidos solúveis totais ( $^{\circ}\text{Brix}$ ); UT: umidade total (%); MST: matéria seca total (%); CZ: cinzas (%); N: nitrogênio (%); PB: proteína bruta (%); LIP: lipídios (%); CB: carboidratos (%). 1: L1P9; 2: L2P1; 3: L2P11; 4: L2P14; 5: L2P33; 6: L2P37; 7: L2P45; 8: L3P27; 9: L4P5; 10: L4P19; 11: L5P3; 12: L5P5; 13: L5P18; 14: L5P34; 15: L5P37; 16: L5P42; 17: L7P8; 18: L7P9.

De acordo com Bizari et al. (2017), estudando a seleção direta na cultura da soja, os maiores ganhos para produtividade (35,70%) são em virtude da maior variação genética desse caractere.

Os resultados obtidos no presente estudo corroboram com os dados obtidos por Terres et al. (2015) com batata, e Santiago (2014) com milho, que observaram que todos os caracteres avaliados apresentaram elevados ganhos através da seleção direta, mas que, no entanto, obtiveram perdas indiretas em outros quesitos.

Na Tabela 3, encontram-se os resultados das estimativas de ganhos genéticos obtidos pelo uso dos diferentes índices de seleção. Verifica-se que todos os índices que propiciaram ganhos negativos em RI são considerados métodos ineficientes para seleção, dentre eles, índice base de Willians (1962), índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e índice dos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969).

**TABELA 3.** Estimativas de ganhos genéticos em porcentagem, pelo método de seleção por índices em dezoito genótipos de milho doce, no município de Monte Carmelo – MG, no ano agrícola 2018.

Variáveis	Índice de seleção				
	Mulamba e Mock (1978)	Willians (1962)	Smith (1936) e Hazel (1943)	Pesek e Baker (1969)	Cruz (2006)
<b>AIE</b>	-2,11	1,90	-0,44	0,11	3,06
<b>AP</b>	-0,54	2,99	0,29	0,93	2,57
<b>NF</b>	-0,14	-0,19	-1,19	1,03	1,25
<b>FF</b>	-3,3	-1,72	-0,14	-3,3	-1,88
<b>FM</b>	-3,29	-1,88	-0,46	-3,29	-1,88
<b>CL</b>	-2,29	-1,31	-0,32	-2,29	-1,31
<b>CE</b>	-3,86	1,47	0,14	-3,27	-1,26
<b>DE</b>	4,98	3,09	0,49	5,57	3,21
<b>PP</b>	11,26	14,59	1,29	17,91	11,26
<b>PTC</b>	2,84	15,19	6,54	9,18	9,56
<b>RI</b>	2,72	-3,64	-4,86	-0,7	-2,24
<b>SS</b>	2,04	3,3	0,71	1,1	2,44
<b>UT</b>	-3,03	-0,31	-0,48	-1,95	-1,8
<b>MST</b>	9,93	1,01	1,57	6,39	5,89
<b>CZ</b>	10,5	0,36	2,53	8,33	4,71
<b>N</b>	-5,54	-9,37	-1,7	-7,45	-3,62
<b>PB</b>	7,18	4,05	0,5	6,19	7,61
<b>LP</b>	18,26	8,78	8,54	11,45	7,81
<b>CB</b>	9,02	-0,82	0,73	5,45	5,13
<b>Total</b>	54,91	37,49	13,74	51,39	50,51
<b>Genótipos selecionados</b>	7; 10; 2; 6; 3	13; 11; 6; 2; 16	6; 9; 14; 12; 2	3; 10; 6; 2; 11	16; 2; 10; 6; 11

AIE: altura de inserção de espiga (cm); AP: altura de planta (cm); NF: número de folhas; FF: florescimento feminino (dias); FM: florescimento masculino (dias); CL: ciclo (dias); CE: comprimento de espigas comerciais (cm); DE: diâmetro de espigas comerciais (cm); PP: produção (kg); PTC: produtividade de espigas comerciais ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); RI: rendimento industrial ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); SS: sólidos solúveis totais (°Brix); UT: umidade total (%); MST: matéria seca total (%); CZ: cinzas (%); N: nitrogênio (%); PB: proteína bruta (%); LIP: lipídeos (%); CB: carboidratos (%). 1: L1P9; 2: L2P1; 3: L2P11; 4: L2P14; 5: L2P33; 6: L2P37; 7: L2P45; 8: L3P27; 9: L4P5; 10: L4P19; 11: L5P3; 12: L5P5; 13: L5P18; 14: L5P34; 15: L5P37; 16: L5P42; 17: L7P8; 18: L7P9.

O índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) apresentou o maior valor de ganho total (54,91%), seguido do índice dos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969) (51,39%) e índice baseado na distância genótipo-ideótipo de Cruz (2006) (50,51%). Porém, somente o índice de soma de “ranks” proporcionou distribuição equilibrada dos

ganhos de seleção para as características avaliadas, já que obteve ganhos negativos para as variáveis AIE, AP, FF, FM, CL e UT e pequenas perdas em caracteres secundários, NF, CE e N.

Terres et al. (2015), trabalhando com estimativas de ganhos genéticos por diferentes índices de seleção em três populações híbridas de batata, verificaram que o uso de índices resultou em maiores estimativas de ganhos de seleção, sendo o proposto por Mulamba e Mock (1978) um dos melhores índices encontrados para serem utilizados em programas de melhoramento da batata, concordando, assim, com os resultados encontrados no presente trabalho. Da mesma forma, Teixeira et al. (2012), no cultivo do açaí; Leite et al. (2016), no cultivo de soja; e Rosado et al. (2012), no cultivo de maracujá, verificaram que o índice de Mulamba e Mock foi mais eficiente para estimar ganhos nos componentes de produção.

Dessa forma, no presente estudo, baseado no índice de “ranks” de Mulamba e Mock, os genótipos L2P1, L2P11, L2P37, L2P45 e L4P19 apresentaram desempenho superior para o conjunto de caracteres. Entretanto, analisando todos os índices de seleção, os genótipos L2P1, L2P11, L2P37, L2P45, L4P5, L4P19, L5P3, L5P5, L5P18, L5P34, L5P42 foram selecionados, de acordo com a quantidade de sementes disponíveis, para avaliar a reação à *Dickeya ziae*.

## 6 CONCLUSÃO

Os parâmetros genéticos para todos os caracteres foram de médio a alto, sendo estas condições satisfatórias para obtenção de ganhos genéticos significativos com a seleção de genótipos superiores.

O método de seleção direta e indireta não foi satisfatório para a predição de ganho genético analisando todas as características.

O índice de soma de “ranks” pode aumentar a eficiência da seleção para características múltiplas em programas de melhoramento de milho doce.

Os genótipos mais promissores para futuros cruzamentos com base em características agronômicas e organolépticas foram L2P1, L2P11, L2P37, L2P45 e L4P19.

## 7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DO COMÉRCIO DE SEMENTES E MUDAS.

**Pesquisa de mercado.** Campinas: ABCSEM, 2014. Disponível em:  
<<http://www.abcsem.com.br>>. Acesso em: 02 jun. 2019.

BALDISSERA, J.N.C.; VALENTINI, G.; COAN, M.M.D.; GUIDOLIN, A.F.; COIMBRA, J.L.M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, [s.l.], v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.

BIZARI, E.H.; VAL, B.H.P.; PEREIRA, E.M.; DI MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, [s.l.], v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>

CAMARGO, L.K.P.; RESENDE, J.T.V.; MÓGOR, A.F.; CAMARGO, C.K.; KURCHAITD, S.M. Uso de índice de seleção na identificação de genótipos de batata doce com diferentes aptidões. **Horticultura Brasileira**, [s.l.], v.34, n.4, p.514-519, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0102-053620160410>

CANTELLI, D.A.V.; HAMAWAKI, O.T.; ROCHA, M.R.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAKI, R.L.; SOUSA, L.B.; HAMAWAKI, C.D.L. Analysis of the genetic divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetics and molecular research**, [s.l.], v. 15, n. 4, 2016. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr.15048836>

CARVALHO, A.D.F.; NOGUEIRA, M.T.M.; SILVA, G.O.; LUZ, J.M.Q.; MACIEL, G.M.; RABELO, P.G. Seleção de genótipos de cenoura para caracteres fenotípicos de raiz. **Horticultura Brasileira**, [s.l.], v.35, n.1, p.97-102, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0102-053620170115>

CRUZ, C.D. **Genes:** biometria. Viçosa: UFV, 2006. 302p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, C.D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, [s.l.], v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>

FREIRE, F.M.; FRANÇA, G.E.; VASCONCELLOS, C.A.; PEREIRA FILHO, I.A.; ALVES, V.M.C.; PITTA, G.V.E. Milho Verde. In: RIBEIRO, A.C.; GUIMARÃES, P.T.G.; ALVAREZ, V.H. **Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais – 5<sup>a</sup> aproximação.** Viçosa MG: UFV, 1999. p. 195-196.

FREITAS, I.L.J.; AMARAL JUNIOR, A.T.; VIANA, A.P.; PENA, G.F.; CABRAL, P.S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T.R.C. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa agropecuária brasileira**, [s.l.], v.48, n.11, p.1464-1471, 2013.

DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013001100007>

HAMAWAKI, O.T.; SOUSA, L.B.; ROMANATO, F.N.; NOGUEIRA, A.P.O.; SANTOS JÚNIOR, C.D.; POLIZEL, A.C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, [s.l.], v.3, p.76-83, 2012.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, [s.l.], v.28, p.476-490, 1943.

INSTITUTO ADOLFO LUTZ. **Métodos físico-químicos para análise de alimentos**. 4. ed. São Paulo: Instituto Adolfo Lutz, 2008. 1020p. Primeira edição digital.

LEITE, W.S.; PAVAN, B.E.; MATOS FILHO, C.H.A.; FEITOSA, F.S.; OLIVEIRA, C.B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. **Nativa**, Sinop, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015. DOI: <https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n04a03>

LEITE, W.S.; PAVAN, B.E.; MATOS FILHO, C.H.A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C.B.; FEITOSA, F.S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, [s.l.], v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LUZ, J.M.Q.; CAMILO, J.S.; BARBIERI, V.H.B.; RANGEL, R.M.; OLIVEIRA, R.C. Produtividade de genótipos de milho doce e milho verde em função de intervalos de colheita. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.32, n.2, p.163-167, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-05362014000200007>

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays L.*) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal Genetics and Cytology**, [s.l.], v.7, p.40-51, 1978.

PEREIRA FILHO, I.A.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do milho doce**. Brasília, DF: Embrapa, 2016.

PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, [s.l.], v.49, p.803-804, 1969. DOI: <https://doi.org/10.4141/cjps69-137>

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012, 522 p.

RESENDE, M.A.V.; FREITAS, J.A.; LANZA, M.A.; RESENDE, M.D.V.; AZEVEDO, C.F. Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 44, n. 3, p. 334-340, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1983-40632014000300006>

RODRIGUES, F.; VON PINHO, R.G.; ALBUQUERQUE, C.J.B.; VON PINHO, É.V.R. Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características

relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 2, p. 278-286, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1413-70542011000200007>

ROSADO, L.D.S.; SANTOS, C.E.M.; BRUCKNER, C.H.; NUNES, E.S.; CRUZ, C.D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 59, p. 95-101, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000100014>

SANTIAGO, S. **Predição de ganho genético utilizado índice de seleção em linhagens de milho**. 2014. 31p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agronômicas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2014.

SMIDERLE, E.C.; FURTINI, I.V.; SILVA, C.S.C.; BOTELHO, F.B.S.; RESENDE, M.P.M.; BOTELHO, R.T.C.; COLOMBARI FILHO, J.M.; CASTRO, A.P.; UTUMI, M.M. Index selection for multiple traits in upland rice progénie. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v.42, n. 1, p. 4-12, 2019.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, [s.l.], v.7, p.240-250. 1936. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>

TEIXEIRA, D.H.L.; OLIVEIRA, M.S.P.; GONÇALVES, F.M.A.; NUNES, J.A.R. Índices de seleção no aprimoramento simultâneo dos componentes da produção de frutos em açaizeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 2, p. 237-243, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000200012>

TERRES, L.R.; LENZ, E.; CASTRO, C.M.; PEREIRA, A.S. Estimativas de ganhos genéticos por diferentes índices de seleção em três populações híbridas de batata. **Horticultura Brasileira**, [s.l.], v.33, n.3, p. 305-310, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-05362015000300005>

VASCONCELOS, E.S.; FERREIRA, R.P.; CRUZ, C.D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J.B.; FREITAS, A.R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 57 p. 205-210, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>

VENDRUSCOLO, E.P.; SIQUEIRA, A.P.S.; RODRIGUES, A.H.A.; OLIVEIRA, P.R.; CORREIA, S.R.; SELEGUINI, A. Viabilidade econômica do cultivo de milho doce submetido à inoculação com Azospirillum brasiliense e soluções de tiamina. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 61, n.8, p. 327- 345, 2018. DOI: <https://doi.org/10.22491/rca.2018.2674>

WILLIANS, J.S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, [s.l.], v.18, p.375-393, 1962. DOI: <https://doi.org/10.2307/2527479>

## CAPÍTULO 3. Reação de genótipos de milho doce à *Dickeya zae*

### 1 RESUMO

O milho doce é uma hortaliça utilizada tanto industrializada como *in natura*. Com a expansão das áreas cultivadas no Brasil, o aumento de doenças que afetam a planta foi inevitável. Uma dessas doenças é a podridão bacteriana do colmo, causada por *Dickeya zae*. Assim sendo, buscar fontes de resistência é importante. O objetivo desse trabalho foi avaliar a reação de genótipos de milho doce à *Dickeya zae*. O experimento foi conduzido no Laboratório de Bacteriologia Vegetal e em casa de vegetação, do Instituto de Ciências Agrárias, da Universidade Federal de Uberlândia. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, em esquema fatorial 11 x 2, totalizando 22 tratamentos, com quatro repetições. Os tratamentos consistiram de 10 genótipos de milho doce da geração F<sub>3</sub>, pertencentes ao Banco de Germoplasma de Horticulas da UFU, Campus Monte Carmelo, e um híbrido de milho comum comercial suscetível à *Dickeya zae* (L2P1, L2P11, L2P33, L2P37, L2P45, L3P27, L4P19, L5P3, L5P18, L5P42 e o híbrido AS1633), e dois isolados de *Dickeya zae* (UFU J23 e UFU H113). Após 45 dias da semeadura, os isolados foram inoculados, por meio do método da seringa. Aos 4, 8, 12 e 16 dias após a inoculação, classificou-se os sintomas das plantas de acordo com a escala de 1 a 5 e, determinou-se o período de incubação, severidade da doença, área abaixo da curva de progresso da doença e resistência dos genótipos. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott. O aparecimento da doença ocorreu entre 96 e 204 horas após a inoculação. Os genótipos L2P33 e L2P37 apresentaram elevados valores de área abaixo da curva de progresso da doença e severidade da doença, independente do isolado. Nenhum genótipo avaliado foi resistente à *Dickeya zae*. Porém, alguns foram classificados como moderadamente suscetível. No entanto, a pesquisa deve continuar através do teste de resistência com outros acessos do banco de germoplasma de milho doce da UFU.

Palavras-chave: Podridão bacteriana; resistência; *Zea mays* L. subsp. *saccharata*

## 2 ABSTRACT

Sweet corn is a vegetable used both industrialized and fresh. With the expansion of cultivated areas in Brazil, the increase in diseases that affect the plant was inevitable. One such disease is bacterial stem rot, caused by *Dickeya zeae*. Therefore, it is important to look for sources of resistance. The objective of this work was to evaluate the reaction of sweet corn genotypes to *Dickeya zeae*. The experiment was carried out at the Plant Bacteriology Laboratory and in a greenhouse, at the Institute of Agricultural Sciences, at the Federal University of Uberlândia. The experimental design was in randomized blocks, in the factorial scheme 11 x 2, totaling 22 procedures, with four repetitions. The controls consisted of 10 genotypes of F<sub>3</sub> generation sweet corn, belonging to the UFU Vegetable Germplasm Bank, Monte Carmelo Campus, and a corn hybrid commercially susceptible to *Dickeya zeae* (L2P1, L2P11, L2P33, L2P37, L2P45, L3P27, L4P19, L5P3, L5P18, L5P42 and hybrid AS1633), and two different temperature levels (UFU J23 and UFU H113). After 45 days of sowing, the results were inoculated using the syringe method. At 4, 8, 12 and 16 days after inoculation, the symptoms of the plants were classified according to a scale of 1 to 5 and were determined the incubation period, disease severity, area below the disease progress curve and genotype resistance. The data collected were analyzed by analysis of variance and the media were compared using the Scott-Knott test. The disease occurred between 96 and 204 hours after inoculation. The genotypes L2P33 and L2P37 showed high values of area below the disease progress curve and disease severity, regardless of the isolate. No genotype evaluated was resistant to *Dickeya zeae*. But some were classified as moderately susceptible. However, the research should continue through the resistance test with other accessions from the UFU sweet corn germplasm bank.

Keywords: Bacterial rot; Resistance; *Zea mays* L. subsp. *saccharata*.

### **3 INTRODUÇÃO**

O melhoramento genético do milho doce (*Zea mays* L. subsp. *saccharata*) tem muitas semelhanças com o melhoramento do milho comum. Entretanto, devido ao fato de o milho doce ser considerado uma olerícola, as características estéticas são mais relevantes. Dessa forma, fatores bióticos e/ou abióticos que interfiram nos caracteres relacionados a aparência, bem como no sabor e na textura, como o ataque de pragas e doenças, afetam diretamente o produto final (PEREIRA FILHO; TEIXEIRA, 2016), reduzindo o valor comercial ou tornando inviável para a comercialização.

Em razão do crescente número de indústrias processadoras de vegetais instaladas, principalmente, nos estados de Goiás, São Paulo, Rio Grande do Sul e Minas Gerais, bem como a identificação da cultura de milho doce como uma excelente alternativa para áreas irrigadas com pivô-central, tal hortaliça vem ganhando espaço nestes estados brasileiros (PEREIRA FILHO; TEIXEIRA, 2016). No entanto, juntamente com a expansão das áreas de cultivo, tem aumentado também a dificuldade de produção, devido ao aparecimento de inúmeras doenças, que podem causar danos significativos no rendimento e na qualidade dos grãos.

No Brasil, estas doenças apresentam relevância devido ao incremento de inóculo e das condições ambientais favoráveis, proporcionada, principalmente, por semeaduras em segunda safra e pela ausência de rotação de culturas (VIEIRA et al., 2009). Dentre as doenças que ocorrem no milho doce, a Podridão bacteriana do colmo, cujo agente causal é *Dickeya zeae* é considerada uma doença severa para a cultura. Apesar disso, atualmente, não há disponível híbridos de milho doce tropicalizados com resistência à *Dickeya zeae* (PEREIRA FILHO; TEIXEIRA, 2016).

A podridão bacteriana do colmo é de grande importância econômica para a cultura do milho doce, uma vez que os sintomas característicos são a seca prematura e o tombamento das plantas. O patógeno também pode atingir as espigas, causando podridão mole (MARIANO et al., 2005).

A bactéria tem sido relatada como altamente variável em relação às características fisiológicas, possuindo ampla gama de hospedeiros, rápida disseminação e multiplicação, o que dificulta o seu manejo (KUMAR et al., 2015). Vários compostos químicos são utilizados para controle, não sendo, entretanto, eficientes (SOLEIMANI-DELFAN et al., 2015).

A variação genética que ocorre nas bactérias patogênicas das plantas devido a mutações, rearranjos intra-genômicos e mecanismos horizontais de transferência de genes, pode resultar em alterações de certas atividades fisiológicas da bactéria. Devido a essa variação, os isolados do mesmo patovar podem exibir diversidade considerável em suas propriedades fisiológicas ou bioquímicas (BARTOLI; ROUX; LAMICHHANE, 2016).

Pelo fato de ser uma doença com perdas significativas, difícil controle e as condições climáticas brasileiras serem benéficas para seu desenvolvimento, é preciso expandir os estudos sobre resistência de milho doce à *Dickeya zeae*. Dessa forma, o presente trabalho teve por objetivo avaliar a reação de genótipos de milho doce à *Dickeya zeae*.

#### 4 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em casa de vegetação e no Laboratório de Bacteriologia Vegetal (LABAC), do Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Uberlândia - MG, no período de outubro a dezembro de 2018.

Para o teste de resistência ou suscetibilidade utilizou-se os isolados de *Dickeya zeae* UFU J23 e UFU H113, pertencentes à coleção de trabalho do LABAC, provenientes de colmos de plantas de milho infectadas.

Os dois isolados foram recuperados da preservação em água e papel, pelo cultivo em meio 523 por 48 horas a temperatura de 28° C. As colônias puras foram transferidas para tubos de ensaio contendo o mesmo meio e, após 48 horas, procedeu-se ao teste de patogenicidade em frutos de batata, conforme descrito por Hyman et al. (2002). Os tubérculos de batata foram colocados em câmara úmida e incubados a 28° C, por 24-48 horas, quando, então, verificou-se o tamanho das lesões, e selecionou-se os isolados UFU J23 e UFU H113, os quais apresentaram-se como os mais virulentos.

Após a seleção, os isolados foram cultivados em meio de cultura 523 (KADO; HESKETT, 1970) por 48h à temperatura de 28°C. Após esse período, adicionou-se água filtrada esterilizada à placa de Petri contendo o crescimento bacteriano, e ajustou-se a concentração da suspensão em espectrofotômetro para 600 nm ( $D_{600} = 1,5$ ) correspondendo a aproximadamente,  $9 \times 10^{13}$  UFC mL<sup>-1</sup>.

O delineamento experimental foi em blocos casualizados, em esquema fatorial 11 x 2, com quatro repetições. Os tratamentos consistiram de genótipos de milho doce da geração F<sub>3</sub>, pertencentes ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFU, Campus Monte Carmelo, (L2P1, L2P11, L2P33, L2P37, L2P45, L3P27, L4P19, L5P3, L5P18, L5P42), e um híbrido de milho comum comercial (AS1633) suscetível à *Dickeya zaeae*, e dois isolados de *Dickeya zaeae* (UFU J23 e UFU H113).

A semeadura foi realizada em bandejas de poliestireno expandido de 200 células, preenchidas com substrato comercial à base de fibra de coco. As mudas foram mantidas em casa de vegetação (7 m x 4 m), coberta com plástico transparente anti UV de 150 micra. Decorridos cerca de 20 dias da semeadura, as mudas foram transplantadas para vasos plásticos com capacidade de cinco litros, contendo solo, areia e vermiculita, na proporção de 3:1:1 (v/v).

Cada parcela experimental foi constituída por um vaso, contendo quatro plantas cada, e um vaso contendo outra variedade, sendo este utilizado como controle (sem aplicação da suspensão bacteriana), a fim de confirmar a desinfestação do solo e se os sintomas apresentados pelas plantas inoculadas realmente se deram devido à inoculação da bactéria. Considerou-se para avaliação uma planta por vaso.

Aos 25 dias após o transplantio, quando as plantas apresentavam-se no estádio V4 (estádio vegetativo em que a planta apresenta a quarta folha totalmente expandida), realizou-se a inoculação, por meio do método da seringa, depositando 0,02 mL da suspensão contendo espalhante adesivo Tween 80 (0,05%) no segundo internódio, contando a partir da base do pedúnculo do milho (RANGARAJAN; CHAKRAVARTI, 1967). As plantas foram submetidas à câmara úmida 24 h antes e 24 h após a inoculação. A irrigação foi frequente, a fim de manter a umidade do solo, o que é importante para o desenvolvimento da doença.

Os comprimentos das lesões foram medidos, cortando-se os caules longitudinalmente e classificando a planta infectada numa escala de 1 a 5 (LAL, 1981), aos 4, 8, 12 e 16 dias após a inoculação, para se determinar os seguintes componentes epidemiológicos:

- a) Período de incubação da doença (PI), que corresponde ao período entre a inoculação e o início dos sintomas, em horas;
- b) Severidade da doença (SEV), mensurada aos 16 dias após a inoculação, respectivo a escala descritiva de 1 a 5 (LAL, 1981), em que 1 = o sintoma é limitado a um ponto muito pequeno no colmo no local da inoculação; 2 = o sintoma da doença se

espalha pela metade do comprimento do internódio inoculado e a parte externa do colmo não é afetada; 3 = o sintoma da doença cobre todo o comprimento do internódio inoculado, mas não atravessa o nó, sendo que os sintomas não são visíveis externamente; 4 = o nó é ultrapassado e o aumento da infecção também atinge o entrenó adjacente, os sintomas externos são visíveis e ocorre a murcha da planta; 5 = a doença se espalha por três ou mais entrenós, os feixes vasculares apodrecem, a planta murcha e pode tombar;

c) Área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), calculada pela expressão:

$$\text{AACPD} = \sum[((y_1 + y_2)/2) \times (t_2 - t_1)]$$

Onde,  $y_1$  e  $y_2$  referem-se a duas avaliações sucessivas da proporção de tecido lesionado realizadas nos tempos  $t_1$  e  $t_2$ , respectivamente.

A reação dos dez genótipos de milho doce à *Dickeya zae* foi classificada em níveis de resistência com base em intervalo de nota proposta por Kumar et al. (2017a), com adaptação, associado com a escala de LAL (1981), em que 0 = Resistente; 0-1 = Moderadamente resistente; 1,1-3 = Moderadamente suscetível; 3,1-5 = Suscetível.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott a 0,05 de probabilidade, utilizando os programas R (R Development Core Team, 2011). Para a confecção das figuras de progresso da doença e do gráfico bidirecional utilizou-se o Programa SigmaPlot® versão 10 (SYSTAT SOFTWARE Inc., 2006).

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve interação entre os genótipos e isolados à 1% de probabilidade pelo teste F para as variáveis AACPD e SEV. O comportamento dos isolados, assim como a interação, não diferiu estatisticamente pelo teste F a 5% de probabilidade quanto ao PI e, dessa forma, o componente genótipo foi avaliado isoladamente (Tabela 4).

**TABELA 4.** Resumo da análise de variância dos dados referentes à período de incubação (PI), severidade da doença (SEV) e área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) de onze genótipos de milho doce e dois isolados de *Dickeya zeae*. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, 2018.

FV	GL	Quadrados Médios		
		PI	SEV	AACPD
<b>Bloco</b>	3	3770,20	0,80	80,06
<b>Genótipos (G)</b>	10	13153,70**	8,58**	1046,30**
<b>Isolados (I)</b>	1	6702,50 <sup>ns</sup>	3,28**	8,91 <sup>n</sup>
<b>G x I</b>	10	5320,10 <sup>ns</sup>	1,96**	222,61**
<b>Resíduo</b>	63	3185,0	0,67	75,81
<b>CV (%)</b>		43,84	30,70	27,64
<b>Média</b>		128,73	2,67	31,50

FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CV: Coeficiente de variação; \*,\*\* = significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F; ns – não significativo pelo teste F.

Como a análise para PI é destrutiva, considerou-se faixas de tempo, ou seja, os genótipos L2P1, L2P33, L2P45, L4P19 e L5P18, por exemplo, apresentaram início dos sintomas da doença na faixa de 0 a 96 h após a incubação e não necessariamente somente após 96 h (Tabela 5). Esse período pode ser considerado longo quando comparado ao período de aparecimento dos sintomas em couve-chinesa e pimentão (MELO et al., 2017; SILVA et al., 2014), após inoculação com *Pectobacterium carotovorum* subsp. *carotovorum* (Jones) Hauben et al. (1998) (sin. *Erwinia carotovora* subsp. *carotovora*). Tais autores observaram aparecimento dos sintomas em couve-chinesa de 15,6 a 23,7 horas após a inoculação e em pimentão de 14,62 a 51,37 horas.

Já Rangarajan e Chakravarti (1967), avaliando milho demonstraram que as plantas inoculadas com *Pseudomonas lapsa* começaram a apresentar sintomas de 2 a 4 dias após a inoculação e, no final do 6º dia ocorreu o tombamento, exatamente no local de inoculação, atingindo o máximo de severidade da doença.

O híbrido utilizado como testemunha suscetível apresentou sintomas 204 horas após a inoculação. Embora o período para aparecimento dos sintomas tenha sido maior do que dos demais genótipos, Ferreira-Pinto, Cruz e Oliveira (1994), inoculando milho com *Erwinia chrysanthemi*, utilizando o método da seringa, observaram o aparecimento de sintomas somente 12 dias após a inoculação.

**TABELA 5.** Médias dos dados relativos à área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), severidade (SEV) e período de incubação (PI) dos onze genótipos de milho doce e dois isolados de *Dickeya zeae*. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, 2018.

Genótipo	AACPD		SEV		PI	
	Isolado					
	UFU J23	UFU H113	UFU J23	UFU H113		
<b>L2P1</b>	37,5 Aa	39,5 Ab	3,0 Ab	2,5 Ab	96 b	
<b>L2P11</b>	17,5 Ab	16,5 Ac	2,0 Ab	1,5 Ac	192 a	
<b>L2P33</b>	43,0 Ba	57,5 Aa	4,25 Aa	4,0 Aa	96 b	
<b>L2P37</b>	45,0 Aa	40,0 Ab	4,5 Aa	3,5 Aa	108 b	
<b>L2P45</b>	44,0 Aa	22,0 Bc	4,75 Aa	2,75 Bb	96 b	
<b>L3P27</b>	18,5 Ab	24,5 Ac	1,75 Ab	1,75 Ac	156 a	
<b>L4P19</b>	31,5 Aa	39,0 Ab	4,75 Aa	2,75 Bb	96 b	
<b>L5P3</b>	36,5 Aa	40,5 Ab	1,75 Ab	1,75 Ac	132 b	
<b>L5P18</b>	38,5 Aa	25,5 Bc	2,0 Ab	2,25 Ac	96 b	
<b>L5P42</b>	24,0 Ab	28,0 Ac	1,5 Bb	2,75 Ab	144 a	
<b>AS1633</b>	7,0 Ac	17,0 Ac	1,25 Ab	1,75 Ac	204 a	

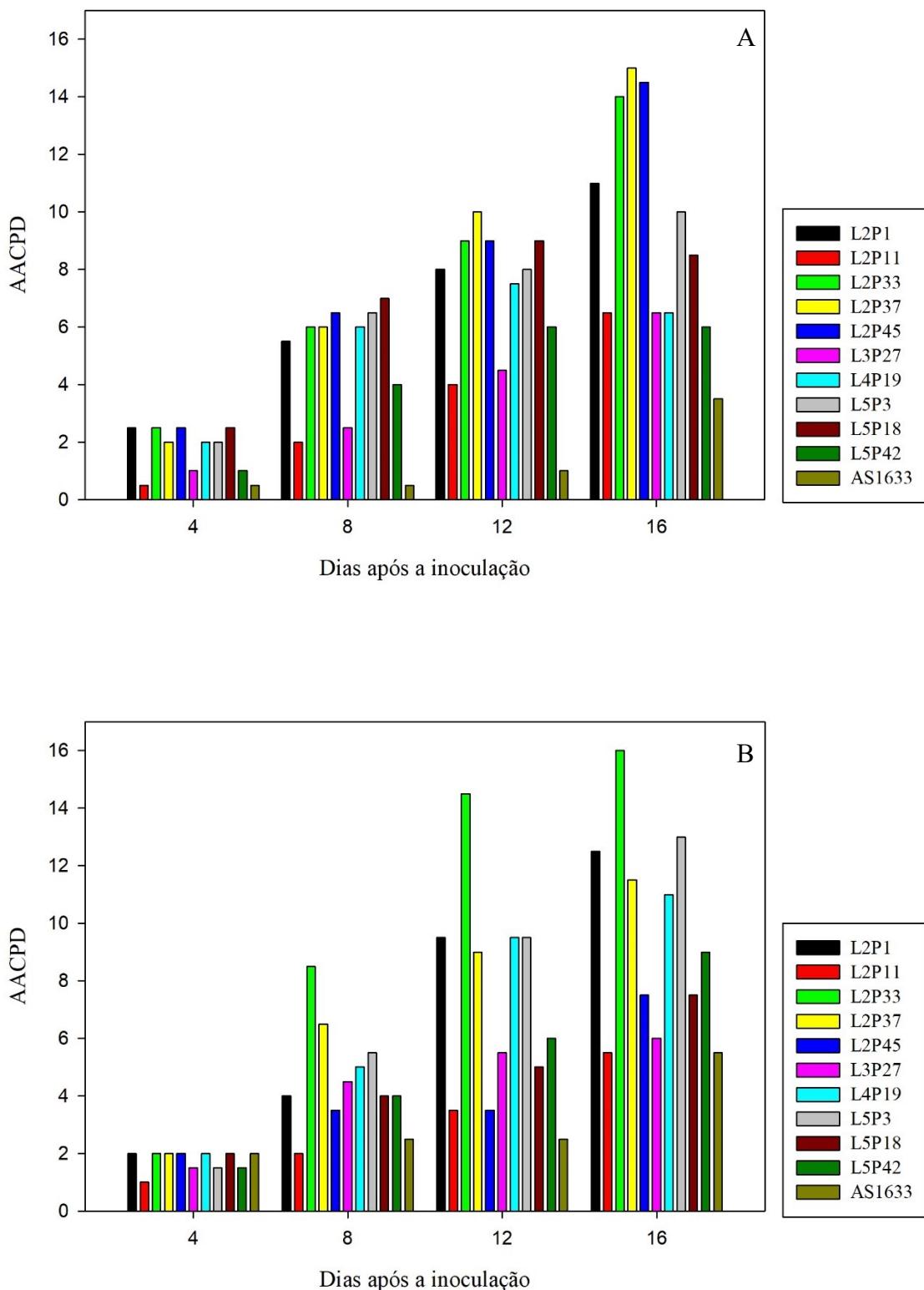
\*Médias seguidas de mesma letra pertencem ao mesmo grupo, maiúscula na linha e minúscula na coluna, pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

O isolado UFU H113, ocasionou maior AACPD no genótipo L2P33, porém, menores valores do que o isolado UFU J23 nos genótipos L2P45 e L5P18. O mesmo não ocorreu quando se observa a severidade da doença (Tabela 5). Isso demonstra que a agressividade dos isolados é variável conforme o genótipo estudado. O termo agressividade é utilizado para caracterizar os isolados quanto à capacidade de causar mais ou menos doença (VAN DER PLANK, 1968, citado por FRY, 1982).

Observou-se diferenças entre os genótipos para os dois isolados avaliados, o que pode ser resultado da alta agressividade destes. Verificou-se que os genótipos são tão ou mais suscetíveis aos isolados avaliados quanto o híbrido AS1633, pois todos apresentaram maior ou igual AACPD ou SEV que este último (Tabela 5).

Todos os genótipos tiveram evolução da doença ao longo dos 16 dias de avaliação para o isolado UFU J23, exceto os genótipos L4P19, L5P18 e L5P42, que apresentaram evolução da doença somente até 12 dias após a inoculação (Figura 2A). O mesmo não

ocorreu para o isolado UFU H113, uma vez que todos os genótipos apresentaram aumento de sintomas ao longo de todos os dias de avaliação (Figura 2B).

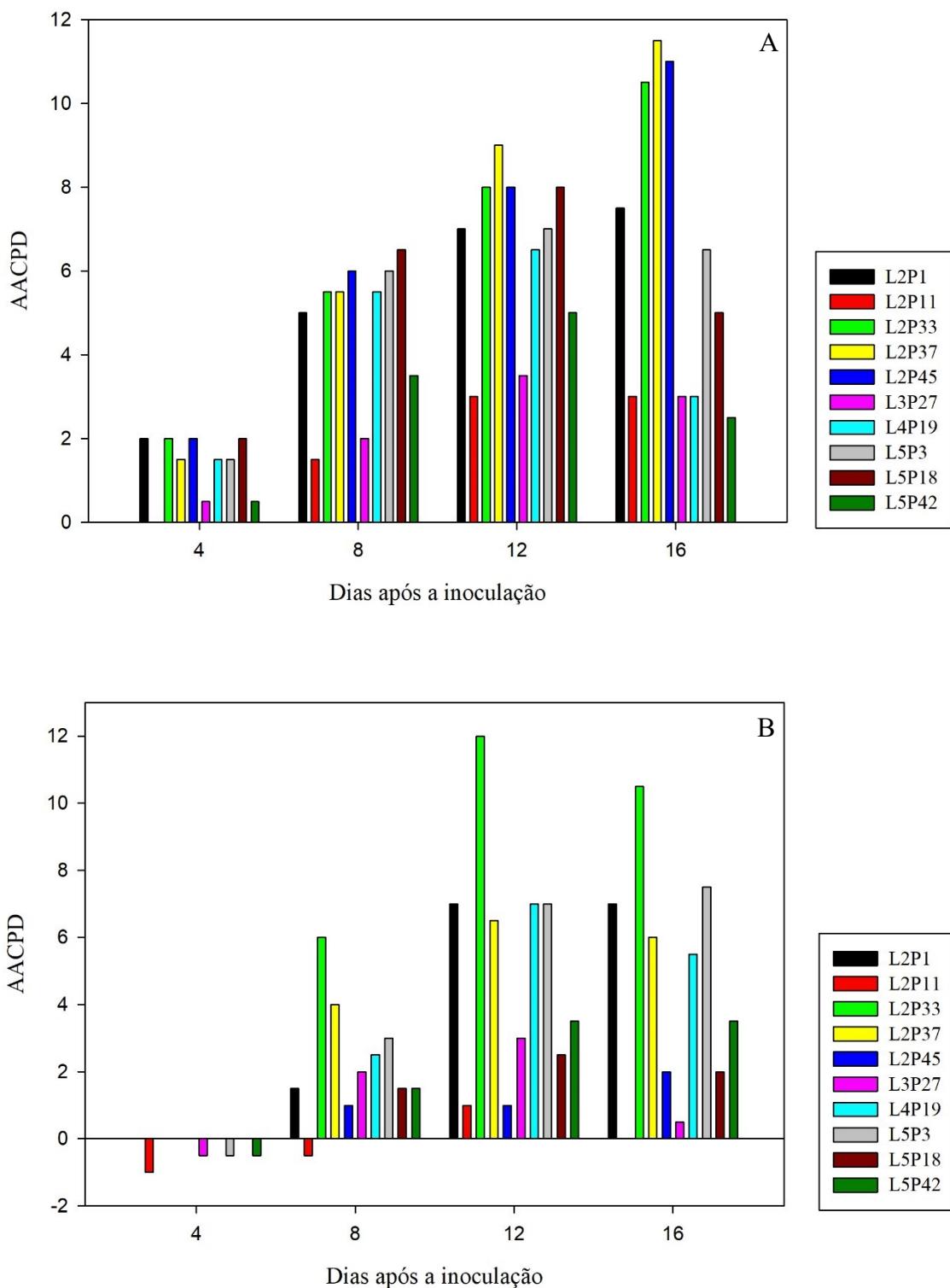


**FIGURA 2.** Área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) ao longo dos dias de avaliação, para onze genótipos de milho doce e dois isolados de *Dickeya zeae*. A: isolado UFU J23; B: isolado UFU H113.

Os dados obtidos no presente trabalho corroboram com os dados obtidos na pesquisa de Kumar et al. (2015), quando ambos ressaltaram ocorrer variação significativa da agressividade em diferentes isolados de *Dickeya zae* em milho. Isso ocorre, pois a podridão causada por diferentes espécies de bactérias pectolíticas, depende de diversos fatores, tais como, concentração do inóculo, temperatura do ambiente, cultivar utilizada, idade fisiológica da planta e virulência do patógeno (BENELLI et al., 2004).

Da mesma forma, Benelli et al. (2004), avaliando a AACPD produzida por cultivares de batata inoculadas com *Pectobacterium chrysanthemi*, evidenciaram que, em condições favoráveis, a severidade da doença foi muito elevada.

Na Figura 3A e 3B são apresentados os incrementos relativos de AACPD para os genótipos avaliados em cada um dos dias de avaliação, com base no valor de referência da AACPD obtida pelo híbrido suscetível AS1633. Verifica-se que com a inoculação do isolado UFU J23, todos os tratamentos testados tiveram AACPD superiores à testemunha (Figura 3A). Por outro lado, a inoculação com o isolado UFU H113 demonstrou que todos os genótipos tiveram AACPD igual ou inferior ao híbrido, aos quatro dias após a inoculação. Nos demais dias de avaliação, a área com doença nos genótipos ultrapassou o dimensionamento de doença no híbrido, exceto para L2P11, aos oito e dezesseis dias após a inoculação.



**FIGURA 3.** Gráfico bidirecional de comparação de todos os tratamentos com a testemunha suscetível (AS1633) pela variável AACPD nos dias das avaliações. A: isolado UFU J23; B: isolado UFU H113.

Em contrapartida, os materiais AS1633, L3P27 e L2P11 expressaram os menores valores estatisticamente das variáveis AACPD e SEV em ambos os isolados (Tabela 5). Contudo, mesmo apresentando a menor severidade da doença aos 16 dias após a inoculação, nenhum desses genótipos foi classificado como resistente (Tabela 6). A alta frequência de genótipos moderadamente ou altamente resistentes contra esse patógeno é rara (KUMAR et al., 2017a).

**TABELA 6.** Reação dos dez genótipos de milho doce aos isolados de *Dickeya zeae*, classificando-os em níveis de resistência com base em intervalo de nota, proposta por Kumar et al. (2017a) com adaptação

	R	MR	MS	S
<b>Número de genótipos<sup>1</sup></b>	0	0	6	4
<b>Número de genótipos<sup>2</sup></b>	0	0	8	2
<b>Severidade da doença<sup>1</sup></b>	-	-	2,00	4,56
<b>Severidade da doença<sup>2</sup></b>	-	-	2,25	3,75
<b>Intervalo (nota da doença)</b>	0	0-1	1,1-3	3,1-5

R: Resistente; MR: Moderadamente resistente; MS: Moderadamente suscetível; S: Suscetível. 1 Isolado UFU J23; 2 Isolado UFU H113.

A resistência da planta hospedeira é a abordagem mais econômica e eficaz para controlar esta doença (KUMAR et al., 2017b). A resistência completa a esse patógeno ainda não foi relatada, mas vários autores tentaram identificar características qualitativas que conferem resistência multigênica à bactéria da podridão mole (CANAMA; HAUTEA, 2010).

Sinha e Prasad (1975) relataram resistência parcial das linhagens de milho CM 600, CM 104 e CM 105 e seus cruzamentos no campo contra *E. chrysanthemi* pv. *Zeae*, enquanto que, Thind e Payak (1978) avaliaram 32 cultivares de milho contra *E. chrysanthemi* pv. *zeae* e identificaram apenas quatro cultivares como tolerantes contra *E. chrysanthemi* pv. *zeae*.

Avaliando a reação de 107 e 208 acessos de milho à podridão bacteriana do colmo, em dois anos consecutivos, Ebron, Tolentino e Lantin (1987) classificaram, no primeiro ano, apenas 7% dos acessos como resistentes. A suscetibilidade das variedades de milho pode ser derivada do aumento da atividade da enzima proteolítica e alteração no conteúdo

de proteínas e aminoácidos totais dos caules e tecidos foliares das plantas jovens e velhas (SINHA; PRASAD, 1981).

Encontrar genótipos resistentes no banco de germoplasma possibilita o estudo aprofundado do fator de resistência daquele genitor, através da análise do genoma e identificação de enzimas relacionadas com a produção de fitoalexinas. Nesse estudo, foi possível encontrar genótipos moderadamente suscetíveis, o que já é um avanço a ser explorado, podendo estes serem utilizados em futuros testes.

## 6 CONCLUSÃO

O aparecimento da doença bacteriana do colmo ocorreu entre 96 e 204 horas após a inoculação.

Os genótipos L2P33 e L2P37 apresentaram elevados valores de AACPD e severidade da doença, independente do isolado, sendo altamente suscetíveis aos isolados de *Dickeya zaeae*.

Nenhum genótipo avaliado foi resistente à *Dickeya zaeae*. Porém, alguns foram classificados como moderadamente suscetível, o que já é um avanço a ser explorado.

A pesquisa deve continuar através do teste de resistência com outros acessos do banco de germoplasma de milho doce da UFU.

## 7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BENELLI, A.I.H.; DENARDIN, N.D.; FORCELINI, C.A.; DUARTE, V. Reação de cultivares de batata à podridão mole causada por *Pectobacterium carotovorum* subsp. *atrosepticum*, por *P. carotovorum* subsp. *carotovorum* e por *P. chrysanthemi*.

**Fitopatologia Brasileira**, [s.l.], v.29, p.155-159, 2004. DOI:  
<https://doi.org/10.1590/S0100-41582004000200006>

BARTOLI, C.; ROUX, F.; LAMICHHANE, J.R. Molecular mechanisms underlying the emergence of bacterial pathogens: an ecological perspective. **Molecular Plant Pathology**, [s.l.], v.17, n.2, p.303–310, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1111/mpp.12284>

CANAMA, A.O.; HAUTEA, D.M. Molecular mapping of resistance to bacterial stalk rot (*Pectobacterium chrysanthemi* pv. *zeae* Burk., McFad. and Dim.) in tropical white maize (*Zea mays* L.). **Philippine Agricultural Scientist**, [s.l.], v.93, n.4, p.429-438, 2010.

EBRON, L.A.; TOLENTINO, M.S.; LANTIN, M.M. Screening for bacterial stalk rot resistance in corn. **Philippine Journal of Crop Science**, [s.l.], v.12, n.1, p.31-32, 1987.

FERREIRA-PINTO, M.M.; CRUZ, M.L.; OLIVEIRA, H. The occurrence in Portugal of the bacterial disease of maize crops caused by *Erwinia chrysanthemi*. **Plant Disease**, [s.l.], v.43, p.1050-1054, 1994. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.1994.tb01657.x>

FRY, W.E. **Principles of plant disease management**. Academic Press: Orlando, 1982. 378p. DOI: <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-091830-3.50018-6>

KADO, C.I.; HESKETT, M.G. Selective media for isolation of *Agrobacterium*, *Corynebacterium*, *Erwinia*, *Pseudomonas* and *Xanthomonas*. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 60, p. 969-976. 1970. DOI: <https://doi.org/10.1094/Phyto-60-969>

KUMAR, A.; HUNJAN, M.S.; KAUR, H.; RAWAL, R.; KUMAR, A.; SINGH, P.P. A review on bacterial stalk rot disease of maize caused by *Dickeya zeae*. **Journal of Applied and Natural Science**, [s.l.], v.9, n.2, p. 1214 – 1225, 2017b. DOI: <https://doi.org/10.31018/jans.v9i2.1348>

KUMAR, A.; HUNJAN, M.S.; KAUR, H.; DHILLON, H.K.; SINGH, P.P. Biochemical responses associated with resistance to bacterial stalk rot caused by *Dickeya zeae* in maize. **Journal of Phytopathology**, [s.l.], v. 165, p.822-832, 2017a. DOI: <https://doi.org/10.1111/jph.12622>

KUMAR, A.; HUNJAN, M.S.; KAUR, H.; SINGH, P.P. Characterization of *Dickeya zeae* isolates causing stalk rot of maize based on biochemical assays and antibiotic sensitivity. **Indian Phytopathology**, [s.l.], v. 68, n. 4, p.375-379, 2015.

LAL, S. Bacterial stalk rot of maize. In: **Techniques of scoring for resistance to important diseases of maize**. All India co-ordinated maize improvement project. IARI, New Dehli, 1981. p. 82-86.

MARIANO, R.L.R.; SILVEIRA, E.B.; ALVARADO, I.C.M.; SILVA, A.M.F. Bactérias fitopatogênicas pectinolíticas dos gêneros *Pectobacterium* e *Dickeya*. **Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agronômica**, Recife, v. 2, p.121-153, 2005.

MELO, M.R.F.; SOUZA, E.B.; PINTO, K.M.S.; GAMA, M.A.S.; MARIANO, R.L.R. Redução da podridão mole em couve-chinesa mediada por indutores de resistência. **Revista CIENTEC**, [s.l.], v. 9, n. 2, p.15–24, 2017.

PEREIRA FILHO, I.A.; TEIXEIRA, F.F. **O cultivo do milho-doce**. Brasília, DF: Embrapa, 2016. 298p.

RANGARAJAN, M.; CHAKRAVARTI, B.P. A strain of *Pseudomonas lapsa* isolated from corn seed causing stalk rot in India. **Plant Disease Reporter**, [s.l.], v. 51, p. 764-766, 1967.

SAMSON, R.; LEGENDRE, J.B.; CHRISTEN, R.; ACHOUAK, W.; GARDAN, L. Transfer of *Pectobacterium chrysanthemi* (Burkholder et al. 1953) Brenner et al. 1973 and *Brenneria paradisiaca* to the genus *Dickeya* gen. nov. as *Dickeya chrysanthemi* comb. nov. and *Dickeya paradisiaca* comb. nov. and delineation of four novel species, *Dickeya dadantii* sp. nov., *Dickeya dianthicola* sp. nov., *Dickeya dieffenbachiae* sp. nov. and *Dickeya zeae* sp. nov. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, [s.l.], v. 55, p. 1415-1427, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02791-0>

SILVA, M.S.; CARVALHO, F.C.Q.; SILVA, J.R.; LINS, S.R.O.; OLIVEIRA, S.M.A. Uso de antagonistas e produtos alternativos no manejo pós-colheita de podridão mole em pimentão. **Revista Ciência Agronômica**, [s.l.], v. 45, n. 4, p. 718-725, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1806-6690201400040009>

SINHA, S.K.; PRASAD, M. Varietal screening of maize germplasm against stalk rot pathogen *Erwinia carotovora* f. sp. *zeae*. **Labdev Journal of Science and Technology**, [s.l.], v.13, 128-133, 1975.

SINHA, S.K.; PRASAD, M. Proteolytic enzyme activity in maize *Erwinia carotovora* var. *chrysanthemi* system. **Proc 3rd International Symp 14-18 December, 1981**. pp 120. Indian Phytopathological Society, New Delhi, 1981.

SOLEIMANI-DELFAN, A.; ETEMADIFAR, Z.; EMTIAZI, G.; BOUZARI, M. Isolation of *Dickeya dadantii* strains from potato disease and biocontrol by their bacteriophages. **Brazilian Journal of Microbiology**, [s.l.], v. 46, n. 3, p.791-797, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1517-838246320140498>

SYSTAT SOFTWARE Inc. – **SSI. Sigmaplot for Windows, version 10**. 2006. Disponível em: <http://www.systat.com/products/sigmaplot/>. Acesso em: 10 nov. 2019.

THE R FOUNDATION. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2011. ISBN 3-900051-07-0. Disponível em: <http://www.R-project.org/>.

THIND, B.S.; PAYAK, M.M. Evaluation of maize germplasm and estimation of losses to *Erwinia* stalk rot. **Plant Disease Reporter**, [s.l.], v. 62, 319-323, 1978.

VIEIRA, R.A.; TESSMANN, D.J.; HATA, F.T.; SOUTO, E.R. de; MESQUINI, R.M. Resistência de híbridos de milho-pipoca a *Exserohilum turcicum*, agente causal da Helmintosporiose do milho. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 10, n. 5, p. 391-395, 2009. DOI: <https://doi.org/10.5380/rsa.v10i5.15196>