

## **AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO SUPER DOCE**

Robson Akira Matsuzaki (IC/CNPq/Uem), Amanda Tami Kuroda, Marcelo Akira Saito, Alex Viana Alves, Devanir de Oliveira Filho, Diego Yassuo Kuroda, Carlos Alberto Scapim (Orientador), e-mail: robsonmatsuzaki@hotmail.com

Universidade Estadual de Maringá / Centro de Ciências Agrárias / Maringá, PR.

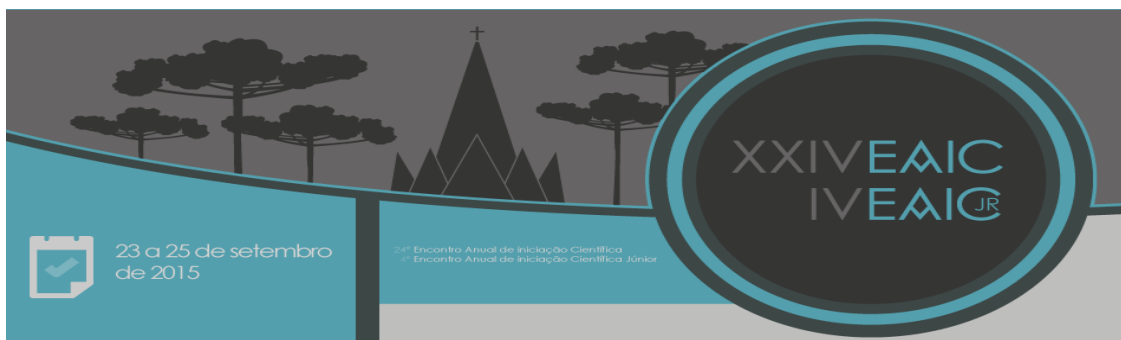
### **Agronomia – Melhoramento Vegetal**

**Palavras-chave:** milho super doce, sólidos solúveis totais, rendimento de espigas comerciais.

### **Resumo**

O milho doce é amplamente explorado em países de clima temperado, mas os cultivares dessa região, quando em condições de clima tropical, apresentam produção baixa e sérios problemas de sanidade de plantas e espigas. A cultura apresenta uma versatilidade de uso muito grande, além de agregar valor ao produto. No Brasil, o número de cultivares recomendado para o mercado ainda é pequeno. Em vista disso, iniciou-se um programa de melhoramento genético do milho super doce na Universidade Estadual de Maringá. O principal objetivo é a avaliação de híbridos simples de milho super doce apropriados para uso em consumo “in natura” e pela indústria de enlatamento. A metodologia para atingir esse objetivo consistiu no cruzamento de oito linhagens do grupo sh<sub>2</sub>-super doce formando 28 híbridos simples por meio de cruzamentos dialélicos. Os experimentos foram conduzidos em Iguatemi-PR e Umuarama (Campus da UEM), Cascavel, Ponta Grossa e Guarapuava, nos anos agrícolas 2012 e 2013. O delineamento foi o de blocos ao acaso com três repetições. Na comparação de médias foi utilizado o teste de Scott-Knott. Os híbridos simples (HS) de milho super doce 1, 9, 13, 18 e 19 foram superiores para a característica sólidos solúveis totais na maioria dos ambientes, e os HS 9, 13, 15, 23 e 21 foram os superiores para a característica rendimento de espigas comerciais em pelo menos quatro ambientes.

### **Introdução**



O milho doce padrão é homocigoto para o gene recessivo ( $su_1$ ), o qual resulta num grande aumento nos níveis de polissacarídeos solúveis em água em seu endosperma (primariamente fitoglicogênio) (WANN et alii, 1971). Vários mutantes como shrunken (sh) e brittle (bt) possuem duas vezes mais sacarose do que o gene sugary ( $su_1$ ), mas o fitoglicogênio não é acumulado em grandes quantidades em seus endospermas (CAMERON e TEAS, 1954; CREECH, 1965; HOLDER et alii, 1974).

O milho doce apresenta uma versatilidade de uso muito grande, além de agregar valor ao produto. Pode ser utilizado em conserva (enlatado), congelado na forma de espigas ou grãos, desidratado, consumido "in natura", colhido antes da polinização e usado como "baby corn" ou minimilho e, ainda, após a colheita, a palhada da cultura ser utilizada para ensilagem (SOUZA et.; 1990).

No Brasil, algumas empresas governamentais e particulares vêm desenvolvendo programas de melhoramento para produção de cultivares adaptadas as nossas condições. Entretanto, o número de cultivares recomendado para o nosso mercado ainda é pequeno em relação à crescente demanda (PARENTONI et al., 1991). Em vista disso, iniciou-se um programa de melhoramento genético do milho doce na Universidade Estadual de Maringá. O principal objetivo é a avaliação de híbridos simples de milho doce do grupo super doce ( $sh_2$ ) apropriados para uso em consumo "in natura" e pela indústria de enlatamento.

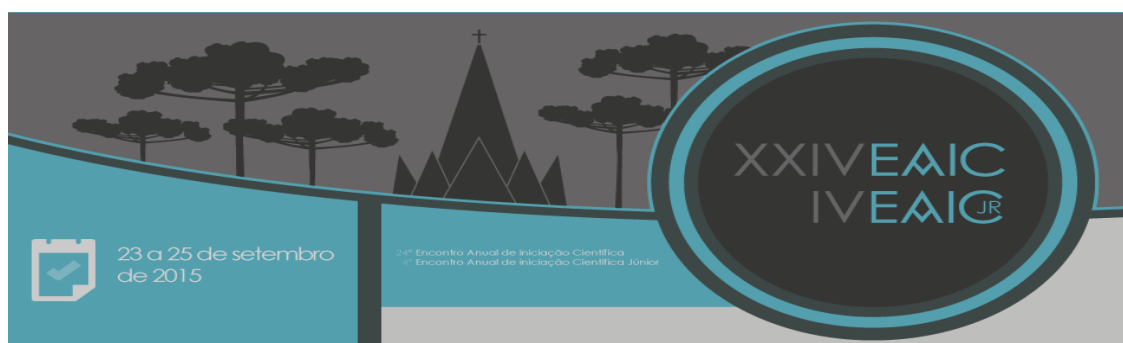
### **Materiais e métodos**

Foram instalados 11 experimentos em dois anos agrícolas, 2012 e 2013. Os experimentos foram conduzidos em Iguatemi-PR e Umuarama (Campus da UEM), Cascavel, Ponta Grossa e Guarapuava.

O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições. A parcela experimental foi composta de uma fileira de 5 m, com espaçamento entre parcelas de 0.9 m com 5 plantas/m após o desbaste.

Foram utilizados 28 híbridos simples do grupo genético  $sh_2$  (superdoce) obtido por meio de cruzamentos dialélicos de oito linhagens, e um híbrido comercial Tropical Plus (testemunha), totalizando 29 tratamentos. Todos os tratamentos culturais e fitossanitários seguiram as recomendações para a cultura do milho doce. As características avaliadas foram: a) Massa das espigas comerciais (kg/parcela), avaliado por meio da pesagem das espigas comerciais e b) Sólidos Solúveis ( $^{\circ}$ Brix) obtido por meio do refratômetro.

### **Resultados e Discussão**



O teste de agrupamento de médias SCOTT-KNOTT (Tabela 1), aplicado nos híbridos simples (HS) de milho superdoce, para a característica sólidos solúveis – SS, demonstra que os genótipos 1, 9, 13, 18 e 19 foram os superiores em pelo menos quatro ambientes, e obtiveram valores semelhantes ou até mesmo superiores em alguns ambientes quando comparado com a testemunha comercial Tropical Plus. Os híbridos 5 e 10 foram os piores na maioria dos ambientes. Estes híbridos com teores alto de SS oferecem maior período de colheita, uma vez que a perda de água dos grãos é mais lento, devido ao maior potencial osmótico concedido pela alta concentração de açúcares no endosperma do grão / semente (TRACY, 2001). Para o rendimento de espigas - RE, os HS 9, 13, 15, 21 e 23 foram os superiores em pelo menos quatro ambientes, e genótipo 10 foi inferior em 4 ambientes.

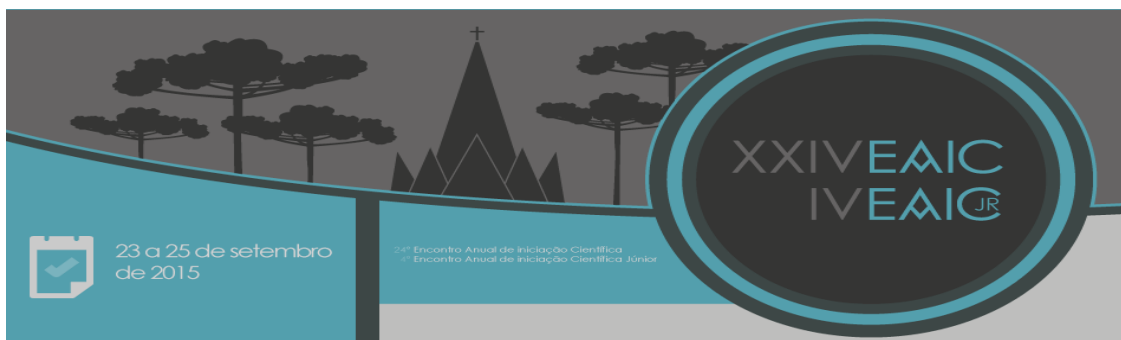
**Tabela 1.** Médias dos principais genótipos para as características Sólidos solúveis - SS ( $^{\circ}$ Brix) e Rendimento de espiga - RE ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) para milho do grupo superdoce em cinco ambientes do estado do Paraná (A1-Iguatemi, A2-Umuarama, A3-Cascavel, A4-Ponta Grossa e A5-Guarapuava).

Genótipos	Ambientes										
	A1		A2		A3		A4		A5		
	SS*	RE*	SS	RE	SS	RE	SS	RE	SS	RE	
1	21,3	a 16552,5	c 20,8	a 17025,0	b 18,3	b 15514,8	c 20,0	a 14746,5	d 20,0	a 16351,8	c
2	13,5	e 14295,0	e 13,5	d 14506,0	d 14,3	d 13836,3	d 16,8	b 15194,3	d 14,3	d 14731,3	d
3	20,5	a 16869,8	c 19,5	b 18128,8	b 19,3	b 16937,0	b 20,0	a 15527,8	d 21,3	a 17597,8	b
5	14,0	e 19145,0	a 13,8	d 20150,5	a 13,8	d 20152,3	a 12,8	c 19666,3	b 14,0	d 19804,8	a
8	16,5	d 14037,5	e 18,5	b 13777,3	d 16,5	c 13388,0	d 17,0	b 14475,0	d 17,0	c 14465,8	d
9	20,8	a 19220,0	a 20,8	a 20733,8	a 21,0	a 19130,0	a 20,8	a 20451,0	a 20,5	a 20582,3	a
10	14,0	e 12407,5	f 14,8	d 13071,5	d 12,0	d 12521,0	d 14,8	c 13424,8	d 13,3	d 13097,8	d
11	17,0	c 15017,3	d 17,0	c 15625,8	c 16,0	c 14324,8	c 19,0	a 16682,8	c 18,0	b 16073,0	c
13	21,5	a 18894,0	a 21,8	a 21450,0	a 21,0	a 20201,3	a 20,8	a 19393,8	b 20,8	a 19108,0	b
15	18,5	b 19301,0	a 18,0	b 19676,8	a 16,3	c 17749,3	b 19,5	a 20646,3	a 19,5	a 20063,5	a
17	16,3	d 14543,5	e 14,5	d 14065,8	d 16,5	c 14622,5	c 16,5	b 16812,5	c 14,5	d 14372,5	d
18	21,5	a 15457,5	d 21,8	a 15756,3	c 19,8	a 16630,5	b 20,3	a 15194,8	d 21,5	a 16163,8	c
19	21,3	a 17887,0	b 20,8	a 18653,5	b 20,3	a 17294,3	b 18,5	a 17307,0	c 18,3	b 18027,5	b
21	18,3	b 19868,8	a 18,5	b 20629,0	a 19,8	a 19992,0	a 21,5	a 21589,8	a 18,5	b 21208,8	a
22	15,8	d 13844,0	e 15,5	c 13838,3	d 16,0	c 13134,0	d 16,3	b 13799,5	d 16,0	c 14361,0	d
23	19,0	b 20100,0	a 19,5	b 21025,5	a 21,5	a 20048,8	a 20,0	a 21360,8	a 20,0	a 20599,0	a
27	16,5	d 13897,3	e 17,0	c 14451,5	d 16,8	c 13946,3	d 18,5	a 14862,5	d 18,3	b 14920,8	d
28	18,8	b 16960,8	c 19,5	b 17361,5	b 20,5	a 17992,3	b 20,3	a 17572,3	c 19,3	b 17092,0	c
29(testemunha)	21,5	a 18165,5	b 19,3	b 17587,5	b 19,8	a 16773,8	b 21,3	a 19698,5	b 19,8	a 18063,5	b

Letras diferentes indicam diferenças significativas pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade.

## Conclusões

Os genótipos 9, 13 e 18 foram os superiores para a característica sólidos solúveis totais nos cinco ambientes, e os genótipos 1 e 19 foram superiores



em quatro ambientes. Para rendimento de espigas comerciais os genótipos que apresentaram potencial foram 9, 13, 15, 21 e 23, igualando e/ou superando a testemunha em determinados ambientes.

### **Agradecimentos**

Ao CNPq pela bolsa concedida e a Universidade Estadual de Maringá pela disponibilidade da infraestrutura.

### **Referências**

CAMERON, J. W. & TEAS, H. J. Carbohydrate relationships in developing and mature endosperms of brittle and related maize genotypes. *Amer. J. Bot.*, 41: 50-55, 1954.

CREECH, R. G. Genetic control of carbohydrate synthesis in maize endosperm. *Genetics*, 52: 1175-1186, 1965

HOLDER, D. G.; GLOVER, D. V.; SHANNON, J. C. Interaction of shrunken-2 with five other carbohydrate genes in (*Zea mays* L.) *Crop Sci.*, 14: 643-646, 1974.

PARENTONI, S. N.; GAMA, E. E. G.; REIFSCHNEIDER, F. J. B.; GUIMARÃES, P. E. O. Avaliação da capacidade combinatória de dez linhagens de milho doce. *Hort. bras.*, 9: 71-73, 1991.

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-CNPAL, 1990. 7p. (EMBRAPA-CNPAL. Pesquisa em Andamento, 3).

TRACY, W.F. Sweet corn. In: HALLAUER, A.R. Specialty corn. Boca Raton, 2001. p.155-198.

WANN, E. V.; BROWN, G. B.; HILLS, W. A. Genetic modifications of sweet corn quality. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.*, 96: 441-444, 1971.