BOLETIM DE PESQUISA E DESENVOLVIMENTO

246

ISSN *1679-0154*
Dezembro/ 2022

Linhagens-Elites de Milho Introgredidas com a Resistência ao Mosaico-Comum

Embrapa

ISSN *1679-0154*
Dezembro 2022

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Milho e Sorgo
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

BOLETIM DE PESQUISA E DESENVOLVIMENTO 246

Linhagens-Elites de Milho Introgredidas com a Resistência ao Mosaico-Comum

Isabel Regina Prazeres de Souza
Marcos de Oliveira Pinto
Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães
Lauro José Moreira Guimarães
Roberto dos Santos Trindade

Embrapa Milho e Sorgo
Sete Lagoas, MG
2022

Esta publicação está disponível no endereço:
https://www.embrapa.br/milho-e-sorgo/publicacoes

Embrapa Milho e Sorgo
Rod. MG 424 Km 45
Caixa Postal 151
CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG
Fone: (31) 3027-1100
Fax: (31) 3027-1188
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações
da Unidade Responsável

Presidente
Maria Marta Pastina

Secretário-Executivo
Elena Charlotte Landau

Membros
Cláudia Teixeira Guimarães, Mônica Matoso Campanha, Roberto dos Santos Trindade e Maria Cristina Dias Paes.

Revisão de texto
Antonio Claudio da Silva Barros

Normalização bibliográfica
Rosângela Lacerda de Castro (CRB 6/2749)

Tratamento das ilustrações
Márcio Augusto Pereira do Nascimento

Projeto gráfico da coleção
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Editoração eletrônica
Márcio Augusto Pereira do Nascimento

Foto da capa
Isabel Regina Prazeres de Souza

1ª edição
Publicação digital (2022): PDF

Todos os direitos reservados

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Embrapa Milho e Sorgo

Linhagens-elites de milho introgredidas com a resistência ao mosaico-comum / Isabel Regina Prazeres de Souza et al. – Sete Lagoas : Embrapa Milho e Sorgo, 2022.

PDF (22 p.) : il. color. – (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Milho e Sorgo, ISSN 1679-0154 ; 246).

1. *Zea mays*. 2. Doença de planta. 3. Vírus. 4. Melhoramento vegetal. I. Souza, Isabel Regina Prazeres de. II. Pinto, Marcos de Oliveira. III. Guimarães, Paulo Evaristo de Oliveira. IV. Guimarães, Lauro José Moreira. V. Trindade, Roberto dos Santos. VI. Série.

CDD (21.ed.) 633.15

Rosângela Lacerda de Castro(CRB 6/2749)

© Embrapa, 2022

Sumário

Resumo 5

Abstract 7

Introdução.....8

Material e Métodos. 9

Linhagens-Elites.....9

Inoculação e fenotipagem em casa de vegetação e campo...9

Extração de DNA, genotipagem e recuperação do genoma do parental recorrente.....10

Resultados e Discussão 10

Conclusões.....20

Referências.....20

Linhagens-Elites de Milho Introgredidas com a Resistência ao Mosaico-Comum

Isabel Regina Prazeres de Souza[1]

Marcos de Oliveira Pinto[2]

Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães[3]

Lauro José Moreira Guimarães[4]

Roberto dos Santos Trindade[5]

Resumo - No Brasil, a virose Mosaico-Comum, que afeta o milho, é causada pela espécie de potyvirus *Sugarcane mosaic virus* (SCMV). Os danos ocasionados por essa virose serão maiores quanto mais cedo a infecção se estabelecer, podendo atingir perdas consideráveis na produção em genótipos suscetíveis. Para um controle eficiente da doença, fazem-se necessários o desenvolvimento e a utilização de cultivares resistentes. O objetivo do presente trabalho foi a introgressão da resistência ao Mosaico-Comum em duas Linhagens-Elites de milho suscetíveis, 5100290-11, grupo heterótico Flint (F), e 5702955, grupo heterótico Dent (D), empregando, como fonte de resistência, linhagens dos respectivos grupos heteróticos. No processo de introgressão da resistência, os indivíduos da geração F1, resultantes do cruzamento entre o parental suscetível e o doador, foram resistentes, segregando nas etapas seguintes. Os indivíduos das gerações de retrocruzamento e das autofecundações subsequentes foram submetidos às inoculações com a estirpe brasileira de *Sugarcane mosaic virus* (SCMV), sempre selecionando as plantas fenotipicamente resistentes. A partir da segunda geração de retrocruzamento (RC_2), as plantas apresentando acima de 90% de recuperação do genoma foram selecionadas e submetidas a gerações de autofecundação para obtenção das respectivas linhagens na versão resistente. A versão resistente das Linhagens-Elites em RC_2F_4 foi testada em casa de vegetação

1 Engenheira-agrônoma, PhD. em Plant Science, pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, isabel.prazeres@embrapa.br

2 Bioquímico, doutor em Genética e Melhoramento, analista da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, marcos.deoliveira@embrapa.br

3 Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, paulo.guimaraes@embrapa.br

4 Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, lauro.guimaraes@embrapa.br

5 Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, roberto.trindade@embrapa.br

e em campo, não mais apresentando segregação. A geração RC_2F_5 obtida da autofecundação dessas linhagens será utilizada no desenvolvimento de híbridos de milho.

Termos para indexação: potyvirus, *Zea mays* L., *Sugarcane mosaic virus* (SCMV), retrocruzamento assistido, marcadores SNP

Elite Maize Inbred Lines Introgressed with Resistance to Common Mosaic

Abstract- In Brazil, the potyvirus species Sugarcane mosaic virus (SCMV) causes the maize common mosaic disease. The damage caused by this virus disease will be greater the earlier the infection is established, reaching considerable losses in production in susceptible genotypes. For an efficient control of the disease, the development and use of resistant cultivars are the most efficient strategies. The objective of the present work was the introgression of resistance to maize common mosaic in two maize elite inbred lines susceptible to the disease, 5100290-11 heterotic group Flint (F), and 5702955 heterotic group Dent (D), using, as a source of resistance, lines of the respective heterotic groups. In the introgression resistance process, individuals of the F_1 generation, resulting from the crossing between the susceptible parent and the donor, were resistant, segregating in the following steps. Individuals from BC generations and subsequent self-fertilizations were submitted to inoculations with the Brazilian strain of Sugarcane mosaic virus (SCMV), always phenotypically selecting the resistant plants and conducting them individually. From the second generation of backcross (BC_2), the plants showing more than 90% of genome recovery were selected and submitted to generations of the self-fertilization, in order to obtain the respective lines in the resistant version. The resistant version of the elite lines in BC_2S_4 was tested in a greenhouse and at field, without showing segregation. The BC_2S_5 generation obtained from the self-pollination of these lines will be used in the development of maize hybrids.

Index terms: Potyvirus, *Zea mays* L., Sugarcane mosaic virus (SCMV), marker-assisted backcross, SNP markers

Introdução

A virose Mosaico-Comum tem sido verificada no Brasil em milho e em sorgo (Souza et al., 2012). E, mundialmente, essa virose tem como agente causal seis espécies de potyvirus: *Sugarcane mosaic virus* (SCMV), *Sorghum mosaic virus* (SrMV), *Maize dwarf mosaic virus* (MDMV), *Johnsongrass mosaic virus* (JGMV) (Shukla et al., 1994), *Zea mosaic virus* (ZeMV) (Sheifers et al., 2000), e *Pennisetum mosaic virus* (PenMV) (Deng et al., 2008). No País, até o presente, apenas o SCMV tem sido identificado como agente causal do mosaico em milho (Souza et al., 2012). Embora no Brasil tenha sido relatada a espécie *Johnsongrass mosaic virus* como um dos agentes causais de mosaico em sorgo (Souza et al., 2017), esse vírus não foi capaz de infectar os genótipos de milho testados.

Os danos ocasionados por essa virose estão diretamente relacionados à fase em que a infecção se estabelece: quanto mais cedo, maior as estimativas com perdas, podendo atingir 50% na produção em genótipos suscetíveis (Waquil et al., 1996). Para um controle eficiente da doença fazem-se necessários o desenvolvimento e a utilização de cultivares resistentes (Souza et al., 2008).

Estudos genéticos com milho tropical têm demonstrado que a resistência ao Mosaico-Comum é qualitativa (Schuelter et al., 2003). QTLs associados à resistência ao Mosaico-Comum-do-milho foram mapeados por Souza et al. (2008) nos cromossomos 1 e 3, sendo este último de efeito maior, 41,85%. Em outro estudo, Souza et al. (2019) mapearam apenas um QTL no cromossomo 3 apresentando efeito de 70%. Em ambos os estudos, o QTL no cromossomo 3 explicou grande proporção da variância genética.

A introgressão da resistência ao mosaico em Linhagens-Elites de milho suscetíveis pode ser realizada de duas formas: (i) empregando fonte que possua marcador molecular associado a QTL de efeito maior conferindo resistência ao Mosaico-Comum, permitindo identificar os resistentes por meio da seleção assistida por marcador molecular (Souza; Pinto, 2020), ou (ii) empregando fonte de resistência sem associação a marcador e realizando a seleção fenotípica dos resistentes por meio da inoculação artificial em todos

os ciclos do processo (Souza et al., 2018). Entretanto, nos dois casos, as gerações de retrocruzamentos podem ser assistidas por marcadores moleculares visando selecionar os indivíduos com a maior percentagem do parental recorrente, permitindo reduzir etapas do processo.

O objetivo do presente trabalho foi a introgressão da resistência ao Mosaico-Comum, por meio da seleção fenotípica, em duas linhagens elites de milho suscetíveis ao mosaico, 5100290-11 do grupo heterótico Flint (F), e 5702955, do grupo heterótico Dent (D), empregando como fonte de resistência, linhagens dos respectivos grupos heteróticos. As Linhagens-Elites de milho, parentais recorrentes e fontes foram desenvolvidas dentro do Programa de Melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo.

Material e Métodos

Linhagens-Elites

Foram selecionadas para introgressão da resistência ao Mosaico-Comum duas Linhagens-Elites de milho, 5100290-11, do grupo heterótico Flint (F), e 5702955, do grupo heterótico Dent (D), ambas pertencentes ao Programa de Melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo. Entretanto, ambas as linhagens eram suscetíveis a essa virose. Para a introgressão da resistência ao Mosaico-Comum foram utilizadas duas Linhagens-Elites resistentes (doadoras) dos respectivos grupos heteróticos, 541145 F e 521236 D. Como controle de suscetibilidade e resistência ao Mosaico-Comum foram empregadas as linhagens L19 e L18, respectivamente.

Inoculação e fenotipagem em casa de vegetação e campo

Em cada uma das gerações do processo de introgressão da resistência ao Mosaico-Comum-do-milho em Linhagens-Elites de milho, foi realizada a inoculação mecânica empregando a estirpe brasileira do potyvirus *Sugarcane mosaic virus* (SCMV).

Todos os indivíduos das gerações F_1, RC_1F_1, RC_2F_1 a RC_2F_5, foram inoculados por três vezes, iniciando-se no estágio V_2 (duas folhas totalmente expandidas), com intervalo de uma semana da primeira para a segunda e inter-

valo de três dias desta para a terceira. O preparo do inóculo e a condução da experimentação foram em casa de vegetação, conforme descrito por Souza et al. (2008, 2019). A análise fenotípica foi realizada semanalmente até o período de um mês, empregando-se suscetível para qualquer nível de sintoma foliar, e resistente para ausência de sintomas, selecionando-se sempre para a etapa seguinte somente as plantas resistentes. Finalizadas as etapas de casa de vegetação, plantas em RC_2F_4, fase de TRL4, foram levadas a campo. Na safra 2021/2022, essas linhagens introgredidas foram semeadas em condições de campo para confirmação da resistência e submetidas à autofecundação, avançando-se ciclos, alcançando a fase de TRL5. Todas as etapas de casa de vegetação e campo foram conduzidas na estação experimental na Embrapa Milho e Sorgo, em Sete Lagoas-MG, Brasil.

Extração de DNA, genotipagem e recuperação do genoma do parental recorrente

O DNA genômico foi extraído de discos foliares, conforme descrito por Lana et al. (2010). Previamente foi realizada genotipagem dos pares de linhagens, 5100290-11 com 541145 e 5702955 com 511236, empregando marcadores microssatélite (SSR) e polimorfismos de nucleotídeos únicos (SNP), distribuídos ao longo do genoma do milho, para detecção de marcadores polimórficos nos parentais das populações de retrocruzamentos. Nas gerações RC_1F_1 e RC_2F_1 os indivíduos foram genotipados com 16 e 31 SNPs, respectivamente. Para cálculo da porcentagem de recuperação do genoma (%RG) empregou-se a fórmula: % RG= ((N°A + 1/2 N°H)/(N°A + N°H))x 100, onde N° A = número de locos igual ao genoma recorrente 5100290-11 ou 5702955 e N° H = número de locos em heterozigose.

Resultados e Discussão

A análise fenotípica, realizada em todas as etapas do processo de introgressão, teve a periodicidade semanal após a inoculação, até o período de um mês, empregando-se presença e ausência, isto é, suscetível para qualquer nível de sintoma foliar, e resistente para ausência de sintomas, selecionando-se sempre para a etapa seguinte, somente as plantas resistentes. As versões resistentes das linhagens introgredidas foram obtidas as partir das

plantas resistentes em RC_2F_4 que mantinham a resistência nos respectivos indivíduos em RC_2F_5, isto é, não apresentando segregação na progênie para a resistência. Os resultados para resistência ao Mosaico-Comum obtidos em casa de vegetação foram confirmados no campo. Os resultados de campo foram apresentados para as duas linhagens recorrentes 5100290-11 F e 5702955 D, as versões introgredidas, as respectivas linhagens-fonte, 541145 F e 521236 D, e as linhagens-padrões, L18 (resistente) e L19 (suscetível) (Tabela 1).

Tabela 1. Resultado da avaliação fenotípica em campo das Linhagens-Elites, 5702955 e 5100290 introgredidas com a resistência ao mosaico, após inoculação com a estirpe brasileira do *Sugarcane mosaic virus* (SCMV). A avaliação das linhagens a campo demonstrou ausência de segregação para a resistência. Foram ao mesmo tempo avaliadas em conjunto as linhagens originais na versão suscetível, as linhagens fontes de resistência, 541145 e 521236, e os padrões de resistência, L18, e suscetibilidade, L19. *As identificações RC_2F_4 5702955 D e RC_2F_4 5100290 F, seguidas dos números das plantas (PL) em cada ciclo de autofecundação, correspondem às linhagens introgredidas 5702955 D e 5100290-11 F, respectivamente.

Linhagens	Nota da doença
*RC_2F_4 5702955-PL43-PL06-PL44-PL05-PL01	RESISTENTE
RC_2F_4 5702955-PL43-PL06-PL44-PL23-PL 02	RESISTENTE
RC_2F_4 5702955-PL43-PL06-PL44-PL05-PL03	RESISTENTE
RC_2F_4 5702955-PL43-PL06-PL44-PL05-PL05	RESISTENTE
RC_2F_4 5702955-PL43-PL06-PL44-PL05-PL08	RESISTENTE
RC_2F_4 5702955-PL43-PL06-PL44-PL11-PL01	RESISTENTE
RC_2F_4 5702955-PL43-PL06-PL44-PL11-PL15	RESISTENTE
RC_2F_4 5702955-PL43-PL06-PL44-PL11-PL 07	RESISTENTE
RC_2F_4 5702955-PL43-PL06-PL44-PL23-PL 18	RESISTENTE
RC_2F_4 5702955-PL43-PL06-PL44-PL23-PL 12	RESISTENTE
RC_2F_4 5702955-PL43-PL06-PL44-PL23-PL 07	RESISTENTE
*RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL04-PL03- PL 03	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL04-PL03- PL 16	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL04-PL03- PL 06	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL04-PL04-PL 02	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL04-PL04-PL 01	RESISTENTE

Linhagens (continuação)	Nota da doença
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL04-PL04-PL 07	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL04-PL05-PL19	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL04-PL05-PL06	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL04-PL05-PL16	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL32-PL04-PL02	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL32-PL04-PL05	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL32-PL04-PL07	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL32-PL05- PL04	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL32-PL05-PL15	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL32-PL05-PL13	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL32-PL12-PL18-PL14	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL32-PL12-PL14	RESISTENTE
RC_2F_4 5100290-PL44-PL02-PL32-PL12-PL15	RESISTENTE
521236 LINHAGEM-ELITE	RESISTENTE
5702955 LINHAGEM-ELITE	SUSCETÍVEL
541145 LINHAGEM-ELITE	RESISTENTE
5100290-11 LINHAGEM-ELITE	SUSCETÍVEL
L18 LINHAGEM	PADRÃO DE RESISTÊNCIA
L19 LINHAGEM	PADRÃO DE SUSCETIBILIDADE

Estudo de herança da resistência ao mosaico tem apresentado segregação monogênica dominante (Schuelter et al., 2003), o que contribui para o processo de introgressão desta característica em linhagens de milho suscetíveis empregando a fenotipagem. As linhagens empregadas como fontes de resistência ao Mosaico-Comum-do-milho foram previamente selecionadas e confirmadas para a característica em questão (Souza et al., 2018), e foram utilizadas as do mesmo grupo heterótico do parental recorrente. Na introgressão da resistência, uma etapa importante é a recuperação da linhagem recorrente, que pode ser acelerada por meio da seleção assistida por marcadores moleculares, permitindo verificar e selecionar os indivíduos com a maior percentagem de recuperação do genoma.

A seleção do genoma do parental recorrente foi realizada com base em fenotipagem por meio de inoculações artificiais. A tecnologia KASP (Semagn et al., 2014) foi eficiente na genotipagem empregando marcadores SNPs, permitindo identificar nas gerações iniciais de retrocruzamento os indivíduos com maior porcentagem de recuperação do genoma. Dos 85 indivíduos da população RC_1 (5702955 x 521236), 41 foram resistentes ao SCMV, indicando segregação 1:1, que sugere tratar-se de característica monogênica, e genotipados com 17 marcadores moleculares SNP. A porcentagem de recuperação do genoma variou de 63% a 91% com média de 78% (Figura 1). O genótipo com 91% de recuperação do genoma do parental recorrente (5702955) foi selecionado para a realização do segundo retrocruzamento, obtendo-se a população RC_2. Com a seleção desse indivíduo RC_1 tem-se um ganho considerável em relação ao que seria obtido por meio do RC convencional, 75%.

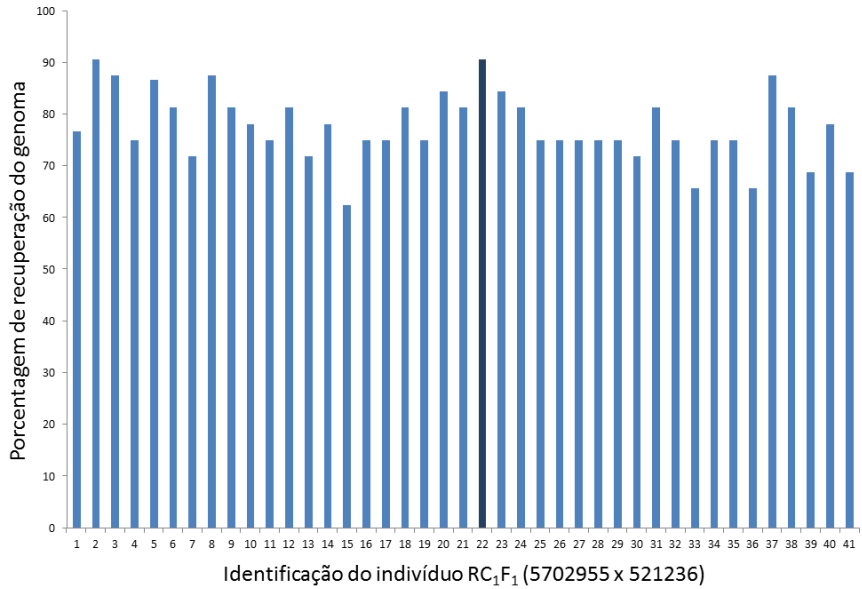

Figura 1. Porcentagem de recuperação do genoma na população RC_1(5702955X521236). A maior percentagem de recuperação do genoma do parental recorrente, 91%, é apresentada pelo genótipo 22.

Na população RC_2, cinco indivíduos foram resistentes ao SCMV e genotipados com 25 marcadores moleculares. A porcentagem de recuperação do genoma variou de 89% a 96% com média de 92% (Figura 2), sendo selecionado o indivíduo com 96%. Essa elevada percentagem de recuperação verificada no RC_2, assistido por marcadores, corresponde ao que seria obtido no RC_4 convencional. Isso perfaz um ganho de dois ciclos, com considerável redução de custos e tempo, demonstrando a eficiência da técnica e marcadores moleculares empregados. O indivíduo RC_2 selecionado com 96% de recuperação do genoma do parental recorrente (5702955) foi autofecundado para obtenção da população segregante, a qual foi submetida à avalição fenotípica quanto à resistência ao Mosaico-Comum nos ciclos subsequentes de autofecundação.

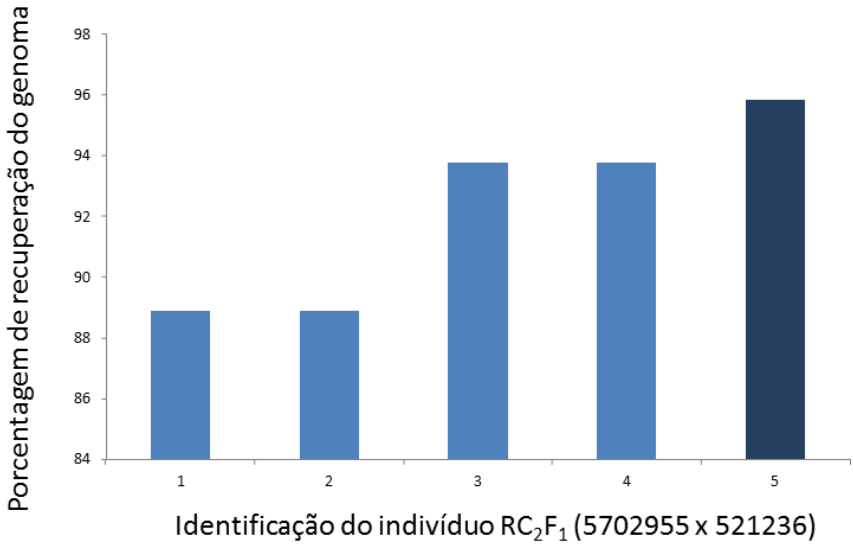

Figura 2. Porcentagem de recuperação do genoma na população RC_2 F_1 (5702955 X 521236), destacando o genótipo 5 com 96% de recuperação do genoma do parental recorrente.

Em relação à população RC_1 5100290-11x541145, 27 indivíduos foram resistentes ao SCMV e genotipados com 16 marcadores (Figura 3). Foi selecionado o genótipo com 87,5% de recuperação do genoma do parental recorrente (5100290-11) e submetido ao RC_2. Nessa população foi também obtido um elevado ganho correspondendo ao que seria alcançado em RC_4 pelo método tradicional, 75%, perfazendo um ganho de dois ciclos. Isto traduz-se em redução de custos e tempo, o que demonstra a eficiência da técnica empregando marcadores SNPs.

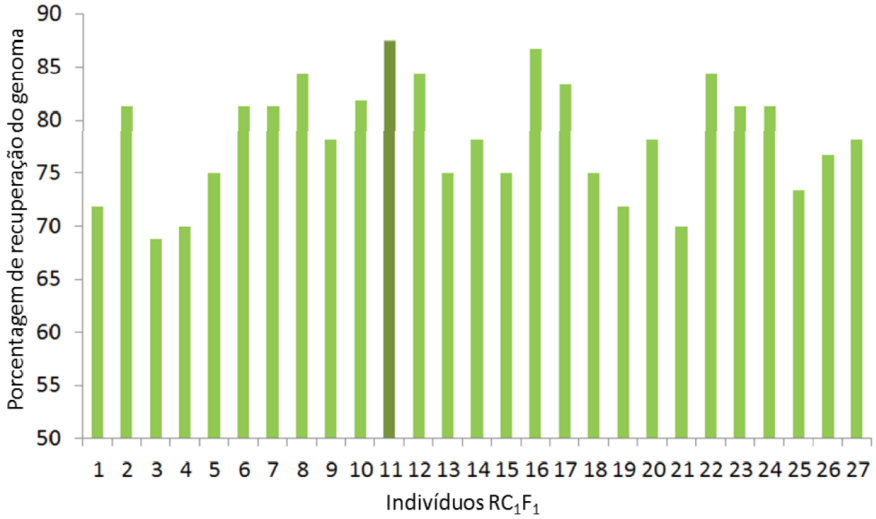

Figura 3. Porcentagem de recuperação do genoma na população RC_1 5100290-11x541145. A maior percentagem de recuperação do genoma do parental recorrente, 87,50%, é apresentada pelo genótipo 11.

Vinte indivíduos da população RC_2 foram resistentes ao SCMV e genotipados com 31 marcadores, apresentando porcentagem de recuperação do genoma variando de 88,7% a 96,8%, média de 93,2% (Figura 4), selecionando-se o indivíduo com 96,8%. O indivíduo RC_2 com 96,8% de recuperação do genoma do parental recorrente (5100290-11) foi selecionado e autofecundado para obtenção da população segregante, a qual foi submetida à avaliação fenotípica quanto à resistência ao mosaico nos ciclos subsequentes de autofecundação.

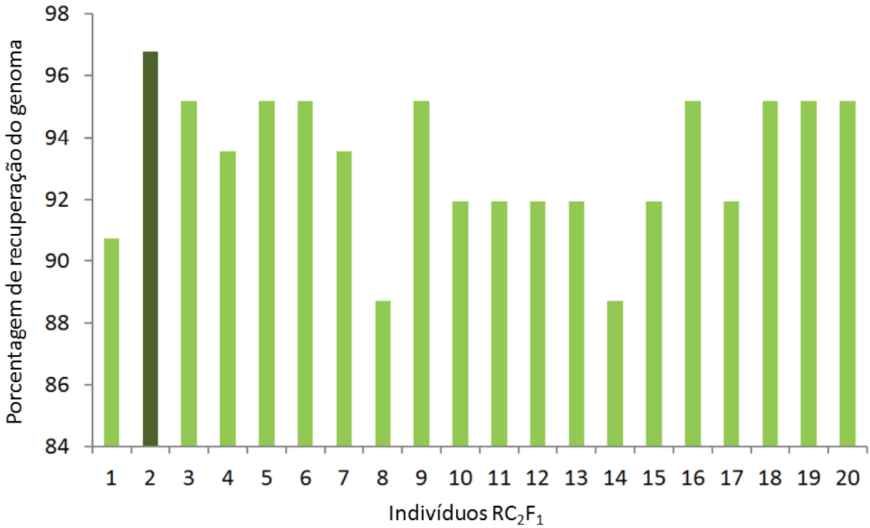

Figura 4. Porcentagem de recuperação do genoma na população RC_2(5100290-11x541145). A maior percentagem de recuperação do genoma do parental recorrente, 96,8%, é apresentada pelo genótipo 2.

A fase final do processo de introgressão da resistência ao Mosaico-Comum-do-milho, causado pela estirpe brasileira do *Sugarcane mosaic virus* (SCMV), foi a obtenção das versões resistentes das linhagens 5100290-11 do grupo heterótico Flint (F) e 5702955 do grupo heterótico Dent (D). Nesta fase, foram obtidas as plantas resistentes em RC_2F_4 que mantiveram em campo a resistência nos respectivos indivíduos em RC_2F_5, isto é, não apresentavam segregação para a resistência (Figura 5). Nessa fase em campo, TRL5, em relação à fase TRL4, as linhagens introgredidas tiveram a resistência confirmada e foram submetidas à autofecundação com avanço de endogamia.

Figura 5. Indivíduos resistentes em RC_2F_5 e na fase de pré-florescimento, descendentes de plantas selecionadas como resistentes. Estes foram inoculados artificialmente com a estirpe brasileira de *Sugarcane mosaic virus*, quando se apresentavam na fase de V2.

Conclusões

A introgressão da resistência ao Mosaico-Comum-do-milho em Linhagens-Elites, empregando a seleção do genoma do parental recorrente por meio de marcadores moleculares SNPs e do gene de resistência por meio da seleção fenotípica, apresentou-se como um processo confiável.

O retrocruzamento assistido por marcadores SNPs permitiu identificar e selecionar indivíduos com elevada percentagem de recuperação de genoma recorrente, nas duas gerações de retrocruzamentos (RC_1 e RC_2) das populações, (5100290- 11x541145) e (5702955 x 521236). Face ao exposto, em RC_2 obteve-se o que seria alcançado em RC_4 empregando-se o retrocruzamento convencional. A redução em ciclos permite diminuir custos e tempo, com consequente ganho em eficiência.

A introgressão da resistência, em Linhagens-Elites suscetíveis, 5100290-11F e 5702955D, empregando fontes de resistência de mesmo grupo heterótico, associada à seleção em casa de vegetação, permitiu obter linhagens resistentes à virose Mosaico-Comum-do-milho, causada pela versão brasileira do *Sugarcane mosaic viru*s (SCMV), que mantiveram a resistência em campo.

Referências

DENG, C. L.; WANG, W. J.; WANG, Z. Y.; JIANG, X.; CAO, Y.; ZHOU, T.; WANG, F. R.; LI, H. F.; FAN, Z. F. The genomic sequence and biological properties of Pennisetum mosaic virus, a novel monocot-infecting potyvirus. **Archives of Virology**, v. 153, n. 5, p. 921-927, 2008. DOI: https://doi.org/10.1007/s00705-008-0068-z

LANA, U. G. P.; GOMES, P. C.; TINOCO, C. F. S.; SILVA, B. C. F.; GUIMARÃES, C. T.; MAGALHÃES, J. V. **Procedimento da Embrapa Milho e Sorgo para extração de DNA de tecido vegetal em larga escala**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2010. 19 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 104).

SCHUELTER, A. R.; SOUZA, I. R. P. de; OLIVEIRA, E. de; GUIMARÃES, C. T. Controle genético da resistência ao mosaico comum em linhagens de milho

tropical. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 2, n. 3, p. 103-110, set./dez. 2003.

SEMAGN, K.; BABU, R.; HEARNE, S.; OLSEN, M. Single nucleotide polymorphism genotyping using Kompetitive Allele Specific PCR (KASP): overview of the technology and its application in crop improvement. **Molecular Breeding**, v. 33, p. 1-14, 2014. DOI: https://doi.org/10.1007/s11032-013-9917-x

SHEIFERS, D. L.; SALOMON, R.; MARIE-JEANNE, V.; ALLIOT, B.; SIGNORET, P.; HABER, S.; LOBODA, A.; ENS, W.; SHE, Y. M.; STANDING, K. G. Characterization of a novel potyvirus isolated from maize in Israel. **Phytopathology**, v. 90, n. 5, p. 505-513, 2000. DOI: https://doi.org/10.1094/phyto.2000.90.5.505

SHUKLA, D. D.; WARD, C. W.; BRUNT, A. A. **The potyviridae**. Wallingford: CAB International, 1994. 516 p.

SOUZA, I. R. P. de; BARROS, B. de A.; XAVIER, A. da S.; CARVALHO, S. G. M.; SABATO, E. de O.; GONÇALVES, I. A. M.; NODA, R. W.; RODRIGUES, J. A. S. Johnsongrass mosaic virus infecting sorghum in Brazil. **International Journal of Current Research**, v. 9, n. 12, p. 63415-63422, 2017.

SOUZA, I. R. P.; GIOLITTI, F.; CARNEIRO, N. P.; LENARDON, S. L.; OLIVEIRA, E.; GOMES, E. A.; NODA, R. W.; SOUZA, F. A. de. Sequence diversity in the coat protein of SCMV infecting maize and sorghum in Brazil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 11, n. 2, p. 120-136, 2012.

SOUZA, I. R. P. de; GUILHEN, J. H. S.; ANDRADE, C. de L. T. de; PINTO, M. de O.; LANA, U. G. de P.; PASTINA, M. M. Major effect qtl on chromosome 3 conferring maize resistance to Sugarcane mosaic virus. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 18, n. 3, p. 322-339, 2019. DOI: https://doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v18n3p322-339

SOUZA, I. R. P.; SCHUELTER, A. R.; GUIMARÃES, C. T. M.; SCHUESTER, I.; OLIVEIRA, E.; REDINBAUGH, M. Mapping QTL contributing to SCMV resistance in tropical maize. **Hereditas**, v. 145, n. 4, p. 167-173, 2008. DOI: https://doi.org/10.1111/j.0018-0661.2008.02006.x

SOUZA, I. R. P. de; PINTO, M. de O. **Marcador SNP associado ao QTL de efeito maior conferindo resistência ao Mosaico-Comum-do-milho**.

Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2020. 14 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 213).

SOUZA, I. R. P. de; PINTO, M. de O.; PAULA, A. L. S. P. de; GUIMARÃES, P. E. de O.; GUIMARÃES, L. J. M.; TRINDADE, R. dos S. **Seleção e introgressão da resistência ao Mosaico-Comum em milho via retrocruzamento assistido por marcadores moleculares**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2018. 20 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 174).

WAQUIL, J. M.; OLIVEIRA, E.; PINTO, N. F. J. A.; FERNANDES, F. T.; CORREA, L. A. Efeito na produção e incidência de viroses em híbridos comerciais de milho. **Fitopatologia Brasileira**, v. 21, n. 4, p. 460-463, 1996.

Embrapa Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

CGPE 017856