

**FONTES DE RESISTÊNCIA A DOENÇAS FOLIARES, PODRIDÕES  
DE ESPIGA E DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE  
MILHO PIPOCA**

**RAILAN DO NASCIMENTO FERREIRA KUROSAWA**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO - UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO – 2015**

**FONTES DE RESISTÊNCIA A DOENÇAS FOLIARES, PODRIDÕES  
DE ESPIGA E DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE  
MILHO PIPOCA**

**RAILAN DO NASCIMENTO FERREIRA KUROSAWA**

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

**Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
MARÇO - 2015**

FONTES DE RESISTÊNCIA A DOENÇAS FOLIARES, PODRIDÕES  
DE ESPIGA E DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE  
MILHO PIPOCA

**RAILAN DO NASCIMENTO FERREIRA KUROSAWA**

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Aprovada em 30 de março de 2015.

Comissão Examinadora:

---

Prof<sup>a</sup>. Ana Paula C. Gabriel Berilli (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) -  
IFES

---

Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

---

Dr. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF

---

Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento de  
Plantas) - UENF  
(Orientador)

*Aos meus eternos orientadores, minha querida mãe, Edite e ao meu padrasto Antônio Carlos, pela mui bela educação que me deram ao me ensinarem que, das muitas pedras no caminho da vida é feito o alicerce, sobre o qual se constrói a vida de um homem honrado;*

*Aos meus amigos Emerson, Arlen Júnior e Jaílton que ousaram sonhar comigo os sonhos mais desafiantes da minha vida;*

*À minha querida esposa, sobre os braços de quem, encontro conforto, paz e segurança.*

*Dedico*

## AGRADECIMENTO

A Yeshua Hamashia, que do pó levanta o necessitado e do monte de cinzas ergue o pobre e o faz assentar com príncipes, dando-lhe lugar de honra;

À CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), pela concessão de bolsa de estudo;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, pela oportunidade de realização do curso;

À Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF na pessoa da professora Rosana Rodrigues;

Ao meu prezado orientador, Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pela orientação, motivação e conselhos;

Aos professores Alexandre Pio Viana e Silvaldo Felipe da Silveira, pela co-orientação neste estudo;

Ao meu querido amigo Marcelo Vivas, pelas instruções nas avaliações experimentais desta pesquisa;

A toda equipe de melhoramento de milho pipoca pela união frente aos desafios que nos foi confiado;

Ao orientador de campo Geraldo Carvalho, por nos ajudar na condução à finalização dos experimentos;

Ao secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, José Daniel Valle de Almeida;

Aos colegas do curso de mestrado;

A todos, meu muito obrigado!

## SUMÁRIO

RESUMO .....	vi
ABSTRACT.....	viii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. OBJETIVOS.....	4
3. CAPÍTULOS.....	5
3.1. FONTES DE RESISTÊNCIA PARA DOENÇAS FOLIARES EM MILHO PIPOCA.....	5
3.1.1. INTRODUÇÃO .....	5
3.1.2. REVISÃO.....	7
3.1.2.1. Implicações do ambiente e da atividade agrícola sobre as doenças foliares do milho.....	7
3.1.2.2. Doenças na cultura do milho .....	10
3.1.2.3. Helminthosporiose comum .....	10
3.1.2.4. Helminthosporiose maidis.....	11
3.1.2.5. Ferrugem polissora.....	12
3.1.2.6. Épocas de cultivo e a ocorrência de doenças foliares .....	13
3.1.2.7. A resistência genética enquanto alternativa de controle de doenças.....	13
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS .....	15
3.1.3.1. Genótipos e condições de cultivo .....	15
3.1.3.2. Delineamento experimental e tratos culturais.....	18
3.1.3.3. Avaliação das variáveis.....	19
3.1.3.4. Análise estatística.....	21
3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	22

3.1.5.	CONCLUSÕES .....	43
3.2.	AVALIAÇÃO DA INTENSIDADE DE PODRIDÕES DE ESPIGA CAUSADA POR <i>Fusarium Spp.</i> EM GENÓTIPOS DE MILHO PIPOCA.....	44
3.2.1.	INTRODUÇÃO .....	44
3.2.2.	REVISÃO .....	46
3.2.2.1.	Podridões de espiga, causas e efeitos.....	46
3.2.3.	MATERIAL E MÉTODOS .....	52
3.2.3.1.	Genótipos e condições de cultivo .....	52
3.2.3.2.	Delineamento experimental e tratos culturais.....	52
3.2.3.3.	Identificação do agente etiológico.....	53
3.2.3.4.	Avaliação das variáveis.....	54
3.2.3.5.	Análise estatística.....	55
3.2.4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	55
3.2.5.	CONCLUSÕES .....	62
3.3.	DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MILHO PIPOCA.....	63
3.3.1.	INTRODUÇÃO .....	63
3.3.2.	REVISÃO .....	64
3.3.2.1.	Melhoramento genético de milho pipoca da UENF.....	64
3.3.2.2.	Importância da variabilidade genética e seus métodos de avaliação....	66
3.3.2.3.	Divergência genética e fontes de resistência.....	70
3.3.3.	MATERIAL E MÉTODOS .....	71
3.3.3.1.	Genótipos e condições de cultivo .....	71
3.3.3.2.	Delineamento experimental e tratos culturais.....	72
3.3.3.3.	Características quantitativas avaliadas .....	72
3.3.3.4.	Análise estatística.....	74
3.3.4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	74
3.3.5.	CONCLUSÃO.....	84
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	85
	APÊNDICES .....	104

## RESUMO

KUROSAWA, Railan do Nascimento Ferreira; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março de 2015. Fontes de resistência a doenças foliares, podridões de espiga e divergência genética entre genótipos de milho pipoca. Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior. Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Prof. Silvaldo Felipe da Silveira.

A cultura do milho pipoca no Brasil tem alcançado consideráveis avanços tecnológicos nos últimos anos, sobretudo em termos de produção e qualidade do produto ao final da cadeia produtiva. No entanto, a despeito das conquistas alcançadas, muitos desafios envolvendo o conhecimento do potencial da cultura ainda estão por serem vencidos. Nas Ciências Agrárias, dentre os principais embates, cita-se a exploração da variabilidade genética de genótipos de milho pipoca para utilização de segregantes em estudos dos atributos agronômicos que possuam importância econômica, os quais possam convergir para a expressão máxima da cultura em campos de produção. É inegável, no entanto, que o conjunto de variáveis que influenciam a capacidade produtiva das culturas é muito grande, o que torna ainda mais necessária à ampliação dos objetivos dos programas de melhoramento genético. No tocante à flexibilidade genética das plantas, em um contexto que envolva a exposição das mesmas às condições ambientais desfavoráveis, entende-se que, na busca por indivíduos geneticamente superiores, a pesquisa passa pelos elos dos estresses bióticos e abióticos, que incidem negativamente sobre as plantas. Outrossim, a variabilidade genética contida em bancos de germoplasma, bem como a correta interpretação



das variáveis acessadas, podem fornecer informações importantes para direcionar os trabalhos de programas de melhoramento genético vegetal e permitir êxito nos objetivos para os quais se aplicam. Esta pesquisa objetiva identificar o potencial dos genótipos de milho pipoca contidos no Banco de Germoplasma da UENF, quanto às principais doenças foliares da cultura; inferir sobre o potencial desses genótipos de milho pipoca quanto à incidência e severidade de podridão de espiga e grãos; estimar a distância genética dos acessos e possibilitar a seleção de genótipos promissores que possam ser utilizados em cruzamentos posteriores, para obtenção e lançamento de cultivares produtivas e resistentes a doenças. Para tanto, foram utilizados 37 genótipos de milho pipoca sob um delineamento experimental em blocos casualizados com 04 repetições nos períodos que compreendem a primeira e segunda safra. Por meio dos resultados obtidos neste estudo, foi possível distinguir diferentes reações de suscetibilidade e resistência dos genótipos avaliados, assim como, grande influência das épocas de cultivo sobre a severidade das principais doenças foliares que acometem a cultura do milho pipoca. Esta pesquisa também possibilitou verificar a capacidade de resistência dos genótipos à degradação de grãos acometidos pelas podridões de espiga avaliadas em pós-colheita. Ademais, verificou-se o desempenho agrônomo *per se* dos genótipos estudados, os quais variaram significativamente e que os fatores que os impeliram aos seus respectivos resultados estão em função de sua conformação genética e das condições ambientais a que foram submetidos. Por fim, a avaliação da divergência genética dos genótipos estudados, demonstrou grande variabilidade genética entre os acessos contidos no Banco de Germoplasma da UENF. Com base nos resultados foi possível indicar os cruzamentos P7 x L80 e P5 x L80, bem como a indicar a possibilidade de exploração da raça PARA 172, como boa fonte de resistência a doenças foliares.

## ABSTRACT

KUROSAWA, Railan do Nascimento Ferreira; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; 2015 March. Sources of resistance to foliar diseases, stalk rots and genetic divergence in popcorn maize genotypes. Adviser: Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior. Co-Adivers: Prof. Alexandre Pio Viana and Prof. Silvaldo Felipe da Silveira.

The culture of Popcorn in Brazil has achieved considerable technological advances in recent years, especially in terms of production and product quality at the end of the production chain. However, despite the conquests, many challenges involving the crop potential of knowledge yet to be overcome. In Agricultural Sciences, among the main challenges, cite the exploitation of the genetic variability of popcorn genotypes for use of segregating in studies of agronomic traits that have reasonable economic importance, which can converge to the maximum expression of culture in fields production. It is undeniable, however, that the set of variables that influence the productive capacity of crops is very large, which makes it even more necessary to expand the objectives of breeding programs. Regarding the genetic flexibility of the plants, in a context that involves exposure of the same to unfavorable environmental conditions, it is understood that, in the search for genetically superior individuals, the search goes through the links of biotic and abiotic stresses that adversely affect the plants. Furthermore, the genetic variability contained in genebanks, and the correct interpretation of the data accessed, can provide important information to direct the work of plant breeding programs and enable success in the objectives for which they apply. This study

attempts to identify the potential of popcorn genotypes contained in the Germplasm Bank of UENF, as the major foliar diseases of culture; inferences about the potential of popcorn maize genotype the incidence and severity of ear and kernel rot; estimate the genetic distance of access contained in the popcorn Germplasm Collection and enable the selection of promising genotypes that can be used in subsequent crosses to obtain and release productive cultivars with resistance to disease. Through this study, it was found different reactions of susceptibility and resistance of genotypes, as well as great influence growing seasons on the severity of the main leaf diseases that affect the popcorn maize. This research also enabled us to verify the resilience of genotypes to degradation affected by rotting grains of corn valued at post harvest. In addition, there was the agronomic performance of genotypes per se, which varied significantly and that the factors that drove their respective results are based on their genetic makeup and environmental conditions to which they were subjected. Finally, the evaluation of genetic divergence of genotypes showed high genetic variability among accessions contained in the Germplasm Bank of UENF. Based on the results it was possible to indicate the crossings such as P7 x L80 and P5 x L80 and to indicate the possibility of holding the race PARA 172, as good source of resistance to leaf diseases.

## 1. INTRODUÇÃO

O cenário produtivo de milho pipoca no Brasil, até pouco tempo atrás, era caracterizado por não atender a demanda de consumo nacional, exigindo importações de grãos (Leonello et al., 2009). No entanto, segundo Scapim et al. (2006), na safra 2004/2005, já houve importantes mudanças no panorama nacional em relação à importação de milho pipoca pelo Brasil. Ainda segundo esses autores, o consumo nacional de milho pipoca até o ano agrícola 2003/2004 estava em torno de 80 mil toneladas e que 75% deste montante correspondia ao milho pipoca americano, importado principalmente da Argentina.

O aumento da produção nacional foi atribuído à entrada, no país, do híbrido simples IAC-112 para cultivo, o que reduziu a taxa de importação para 20 mil toneladas. Rangel et al. (2008) acrescentam que, apesar das dependências de importações de milho pipoca ainda existentes, avanços na produção nacional contribuem cada vez mais para a autossuficiência do consumo de milho pipoca, sendo o emprego de híbridos nacionais e norte americanos nos campos de produção os principais meios que podem tornar isso possível.

O Brasil ocupa a segunda posição entre os maiores produtores mundiais de milho pipoca com uma produção anual estimada em 80.000 toneladas, das quais, apenas 13% são destinadas ao processamento em micro-ondas. Os Estados Unidos da América vêm despontando como o maior produtor mundial, com produção anual estimada de 500.000 toneladas, sendo 68% destinado ao segmento de micro-ondas (Miranda et al., 2011).

De acordo com o Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias (GCEA/IBGE/MT, 2013), o estado do Mato Grosso é o maior produtor nacional de milho pipoca. No ano de 2012, foi de aproximadamente 95 mil toneladas, no entanto, a estimativa para 2013, foi de uma produção de 195.000 toneladas, uma vez que a área de plantio foi de 47.379 hectares em 2013 e apenas 26.256 em 2012. Assim, em 2013 a produção ficou acima de 194 mil toneladas em uma área plantada de mais de 47 mil hectares.

O milho pipoca pertence à espécie *Zea mays* L., da família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae. As plantas de milho pipoca são anuais, monoicas e alotetraplóide ( $2n=4x=20$ ) (Gaut et al., 2000; Tenailon et al., 2004). A época de semeadura, germinação, crescimento, desenvolvimento e produção do milho pipoca são considerados variáveis dentro do manejo da cultura vez que, estes eventos estão em função das condições genéticas e ambientais (Freitas Júnior et al., 2009; Melo et al., 2012).

Estudos evidenciam que no Brasil, os fatores climáticos como temperatura e precipitação têm influência direta sobre a cultura do milho pipoca. Portanto, recomenda-se que não seja cultivado em localidades, cuja temperatura mínima seja menor que 10°C e a máxima não ultrapasse 40°C. Sendo as condições ideais para cultivo com temperatura em torno de 30°C, precipitação de 600 mm distribuídos nos períodos de maiores exigências ou quando a taxa de umidade do solo for menor a 40% (Sawazaki et al., 2003).

A capacidade de expansão é a principal característica que diferencia o milho pipoca do milho comum, uma vez que ambos pertencem à mesma espécie. Tal característica é explicada pela resistência do pericarpo à expansão do óleo e da umidade contidos no grão. Assim, a exposição do endosperma pelo rompimento do pericarpo caracterizando a pipoca, é resultado da pressão do óleo e da água ora contidos no grão exposto a temperatura específica (Silva et al., 1993).

Devido à capacidade de expansão, o milho pipoca tem sido considerado uma cultura de elevada rentabilidade, pois seu subproduto, a pipoca, tem grande aceitação no mercado consumidor e têm garantido elevados ganhos econômicos nos mais diversos estabelecimentos comerciais do setor alimentício (Rangel et al., 2011). Entretanto, em relação ao milho comum, além do porte menor, colmos mais finos, maior prolificidade, menor número de folhas e tamanho reduzido de grão, outro fator que diferencia as plantas de milho pipoca é a sua maior

susceptibilidade à ocorrência de doenças e pragas, em decorrência de menores níveis de resistência genética, fato este, que contribui para maior vulnerabilidade da cultura aos estresses bióticos (Zinsly e Machado, 1987).

Neste contexto, as implicações do ataque de doenças sobre a cultura do milho pipoca pode caracterizar, sobretudo, reduções drásticas de rendimento e da qualidade da capacidade de expansão dos grãos, culminando com a depreciação do valor comercial da pipoca pela presença de níveis acentuados de grãos avariados, agravado, dentre outras causas, pelo ataque de fungos causadores de podridões que afetam diretamente o pericarpo e o endosperma dos grãos (Sawazaki, 2001).

O emprego de cultivares com potencial de resistência genética frente às principais doenças do milho pipoca, consiste no método mais viável e econômico de controle, vez que, arraigado a este método, o conhecimento sobre o tipo de controle, bem como, da herança dos caracteres envolvidos é de suma importância no processo de desenvolvimento de cultivares resistentes. Pois permite nortear métodos de seleção mais eficientes em trabalhos subsequentes dos programas de melhoramento (Lima et al., 1996; Silva et al., 2003; Casela et al., 2006; Vieira et al., 2009a).

Neste sentido, os bancos de germoplasma assumem indispensável importância no que tange a congregação da variabilidade genética, sobretudo para subsidiar os programas de melhoramento de plantas na obtenção de genótipos superiores (Quintal et al., 2012; Alves et al., 2014). A capacidade de expansão, a produtividade e a resistência às doenças têm sido as características de maior interesse em programas de melhoramento de milho pipoca, sendo a avaliação da divergência genética, uma das opções exequíveis para a estimação de parâmetros genéticos visando à seleção, *a priori*, de genitores detentores de alelos importantes (Scapim et al., 2010; Rotili et al., 2012).

No que diz respeito, ao desenvolvimento de cultivares resistentes, bem como, o estudo de fontes de resistência às principais doenças foliares da cultura do milho pipoca, dentre os poucos trabalhos envolvendo a sanidade da cultura, destacam-se as pesquisas desenvolvidas por Andrade et al. (2002), Miranda et al. (2003), Arnhold (2008) e Vieira et al. (2009b). Cabe salientar que são inexistentes trabalhos visando resistência a podridões de espiga para a cultura do milho pipoca.

## 2. OBJETIVOS

- I.) Identificar o potencial dos genótipos de milho pipoca contidos no Banco de Germoplasma da UENF quanto às principais doenças foliares da cultura;
- II.) Inferir sobre o potencial de genótipos de milho pipoca quanto à incidência e severidade de podridão de espiga e grãos;
- III.) Estimar a distância genética de vinte e sete linhagens, nove raças e um híbrido triplo da Coleção de Germoplasma de milho pipoca com base em características morfológicas, de produção e de resistência a doenças; e
- IV.) Possibilitar a seleção de genótipos promissores que possam ser utilizados em cruzamentos para obtenção e lançamento de cultivares produtivas e resistentes a doenças.

### **3. CAPÍTULOS**

#### **3.1. FONTES DE RESISTÊNCIA PARA DOENÇAS FOLIARES EM MILHO PIPOCA**

##### **3.1.1. INTRODUÇÃO**

As doenças consistem em uma interação dinâmica entre três componentes básicos, o agente causal ou fitopatógeno, o hospedeiro e o ambiente. Assim, uma vez satisfeita essas condições, a interação ocorre, culminando no surgimento da doença (Brito, 2010). O impacto imediato das doenças foliares na cultura do milho está atrelado intimamente à capacidade do patógeno colonizar grandes áreas dos tecidos foliares das plantas causando morte prematura destes tecidos.

O dano imediatamente após o aparecimento dos sintomas é a redução da capacidade fotossintetizadora das plantas, levando-as a um ciclo de vida reduzido e à diminuição do potencial produtivo das lavouras (Brito et al., 2008). Em relação ao milho pipoca, os programas de melhoramento genético além de conviverem com o fato de que sua produção é menor em relação ao milho comum, ainda enfrentam a realidade de esta cultura ser mais suscetível às principais doenças foliares da cultura do milho. Isso contribui sobremaneira para menores produtividades com acréscimos aos riscos de produção (Arnhold, 2008).



No Brasil, dentre as doenças fúngicas foliares importantes do milho citam-se: as manchas foliares, como a helmintosporiose comum, causada pelo fungo *Setosphaeria sela* (Luttr.) KJ Leonard e Suggs (1974) [= *Exserohilum turcicum* (Pass) KJ Leonard e Suggs (1974)], e a helmintosporiose maidis, cujo agente causal é o fungo *Cochliobolus heterostrophus* (Drechsler) Drechsler (1934) [= *Bipolaris maydis* (Nisik. & Myiake) Shoemaker (1959)].

Tais doenças acometem as plantas de milho sobre diferentes níveis de resistência. Tendo, portanto, intensidades diversas sobre diferentes genótipos a depender inclusive do manejo da lavoura e das condições climáticas (Reis et al., 2004). Segundo Oliveira et al. (2004), a helmintosporiose maidis tem menor importância ao milho comum, contudo, necessita de maior atenção quando acomete lavouras de milho pipoca, porquanto possui menor resistência ao seu agente causal.

Outra doença foliar, a ferrugem polissora, causada pelo fungo *Puccinia polysora* (Underw., 1897) [= *Dicaeoma polysorum* (Underw.) Arthur (1906)], também tem importância na cultura do milho pipoca, uma vez que suas manchas foliares provocam danos indiretos que se caracterizam por reduzir a área foliar útil (Pinto, 2004; Jardine e Laca-Buendía, 2009; Vieira et al., 2009a).

A despeito dos meios de controle de doenças e da tecnologia disponível no setor agrícola, os danos em rendimentos e na qualidade dos grãos de milho têm sido cada vez mais significativos, principalmente em virtude do aumento das doenças de plantas. Tal acréscimo tem sido favorecido pelo aumento das fontes de inóculo e das condições ambientais favoráveis, além de conduções de práticas culturais favoráveis, tais como: o uso de semeadura de segunda safra e ausência de rotação de cultura (Vieira et al., 2009b).

Apesar das mais variadas alternativas que podem ajudar no controle das doenças, como o plantio antecipado, rotação de culturas e uso de fungicidas, a medida mais eficiente e econômica é a utilização de cultivares com resistência genética (Lima et al., 1996; Schuelter et al., 2003).

De acordo com Silveira et al. (2006) um dos objetivos dos programas de melhoramento genético se aplica a obtenção de genótipos resistentes a doenças, as quais, limitam a expressão total da capacidade produtiva das plantas. Neste aspecto, em programas de melhoramento que visam à obtenção de genótipos promissores, informações genéticas do material vegetal estudado possibilitam

orientar as ações dos programas de melhoramento, sobretudo, na aquisição de maiores ganhos de seleção e na exploração da heterose expressa em combinações híbridas promissoras (Silva et al., 2001).

No que diz respeito ao desenvolvimento de cultivares resistentes, tendo como base investigações de fontes de resistência às principais doenças foliares da cultura do milho pipoca, as pesquisas realizadas são consideradas sobremaneira restritas. Podendo citar apenas os trabalhos desenvolvidos por Miranda et al. (2003), Arnhold (2008) e Vieira et al. (2009b).

Constata-se, dessa forma a necessidade inequívoca de implementação de pesquisas correlatas à identificação de fontes de resistência a doenças foliares em milho pipoca, a despeito das elevadas perdas provocadas pelos patógenos de folhas e da importância econômica da cultura.

Diante do exposto, julgou-se oportuno o desenvolvimento desta pesquisa, em que os objetivos deste capítulo foram: investigar a reação dos genótipos de milho pipoca contidos no Banco de Germoplasma da UENF em relação às doenças foliares causadas pelos fungos *Cochiobolus heterostrophus*, *Setosphaeria sela* e *Puccinia polysora*; e selecionar genótipos promissores com resistência genética às doenças foliares estudadas.

### 3.1.2. REVISÃO

#### 3.1.2.1. Implicações do ambiente e da atividade agrícola sobre as doenças foliares do milho

Na perspectiva que envolve a cadeia produtiva de alimentos, inúmeros fatores contribuem para o menor rendimento da cultura do milho. De forma geral, as doenças foliares têm provocado graves danos econômicos aos produtores, gerando reduções de até 40% na produtividade dos grãos (Casa e Reis, 2003). No entanto, esse valor poderá ser ainda maior, sobretudo no caso do milho pipoca, por ser mais suscetível às doenças foliares do que o milho comum (Arnhold, 2008). Tais perdas são resultado da ação indireta das doenças que reduzem a área foliar sadia e comprometem a interceptação da radiação solar

pelas folhas, causando menor eficiência do aparato fotossintético das plantas, com conseqüente redução no conteúdo de fotoassimilados, comprometendo assim, a demanda energética das plantas e por fim, afetando o desenvolvimento dos grãos (Brito, 2010; Schipanski, 2011).

A partir da década 90, se percebeu um grande aumento na frequência das doenças foliares do milho, com conseqüente redução na produção da cultura (Pinto, 2004). Várias hipóteses têm sido aventadas a respeito do que tem favorecido o aumento da incidência e severidade das principais doenças foliares do milho, tais como: as ferrugens e manchas foliares, ambas causadas por fungos fitopatogênicos. Para Vieira et al. (2009b), a ocorrência das doenças foliares no Brasil têm aumentado principalmente devido ao acréscimo de fontes de inóculo aliados às condições ambientais favoráveis, proporcionadas pela semeadura de segunda safra e pela ausência da rotação de culturas, característica do plantio direto.

Silva et al. (2002) acrescentam que as práticas de manejo, como a irrigação, proporciona um sistema de cultivo durante todo o ano, permitindo que em áreas de produção circunvizinhas coexistam plantas em variadas fases de desenvolvimento, o que contribui para maior flexibilidade na sobrevivência de fitopatógenos. Brito et al. (2012) justificam o aumento das doenças nas áreas de produção pela capacidade da cultura do milho em ser cultivada em ampla distribuição geográfica sob variadas condições de solos e climas, e portanto, mais sujeitas a várias doenças. Dentre outros fatores que podem contribuir para o aumento das doenças de milho, Santos et al. (2013) destacam o estado nutricional das plantas como componente primário para o controle do desenvolvimento das doenças, exigindo portanto, um equilíbrio nutricional para a cultura.

Segundo Juliatti e Souza (2005), o uso indiscriminado de cultivares suscetíveis está entre os fatores que acabam por aumentar a importância das doenças foliares da cultura do milho, bem como o acréscimo no consumo de fungicidas, com conseqüente decréscimo nos padrões de produtividade e elevação do custo de produção. Costa et al. (2008) acrescentam que a utilização precoce de cultivares com maior potencial de produção em detrimento da resistência às doenças foliares, tem contribuído para o aumento das incidências e severidades das doenças foliares do milho. De acordo com Nihei e Ferreira

(2012), no que diz respeito ao melhoramento genético de plantas, as ações cujo objetivo se restringe apenas aos padrões de produtividade e precocidade, sem lançar mão aos atributos de resistência genética às principais doenças foliares, também estão entre os fatores que foram decisivos para o aumento da frequência e severidade das doenças na cultura do milho.

Apesar dos diversos enfoques que podem justificar a causa do aumento das doenças na cultura do milho, uma conclusão acerca da medida mais aplicável e eficiente para se contornar o problema tem sido citada unanimemente pelos pesquisadores, qual seja, o emprego de cultivares com resistência genética face às perdas de produtividade acrescida do elevado custo de produção sempre atrelado ao controle de doenças (Lima et al., 1996; Costa, 2007; Brito et al., 2008). Na relação susceptibilidade a doenças *versus* custo de produção do milho, este último, é afetado diretamente no processo de controle convencional das doenças, vez que, ao orçamento de custo de produção é obrigatoriamente incluso o controle químico.

O IMEA (Instituto Mato-Grossense de Economia Agropecuária) estima o custo de produção total de milho comum, na safra 2014/2015, de alta e média tecnologia, em R\$1.355,74/ha e R\$ 1.034,33/ha, respectivamente, distribuídos entre sementes, fertilizantes, defensivos, operações com máquinas e mão de obra. Ainda segundo o IMEA, os defensivos em geral são responsáveis por 20,13% do custo de produção do milho entre os insumos supracitados ou R\$ 272,90/ha. Ainda neste contexto, os produtos fungicidas enquanto insumos defensivos correspondem sozinhos a R\$ 5,67%/ha do custo total de produção (Figura 1). No entanto, o custo de produção da cultura do milho pipoca é maior em relação ao custo de produção do milho comum, tendo em vista a maior predisposição às doenças ainda que não estejam disponíveis informações oficiais do custo de produção do milho pipoca.

Componentes do Custo	Alta Tecnologia											
	Nordeste		Médio-Norte		Oeste		Centro-Sul		Sudeste		Mato Grosso	
<b>I - DESPESAS DE CUSTEIO DA LAVOURA</b>												
<b>DESPESAS COM INSUMOS</b>	R\$	1.090,27	R\$	1.147,17	R\$	1.200,40	R\$	1.178,07	R\$	1.210,79	R\$	1.166,34
<b>Sementes</b>	R\$	345,84	R\$	365,00	R\$	351,62	R\$	345,90	R\$	359,00	R\$	358,55
Semente de Milho	R\$	345,84	R\$	365,00	R\$	351,62	R\$	345,90	R\$	359,00	R\$	358,55
Semente de Cobertura	R\$	-	R\$	-	R\$	-	R\$	-	R\$	-	R\$	-
<b>Fertilizantes</b>	R\$	577,46	R\$	503,21	R\$	622,38	R\$	618,49	R\$	578,89	R\$	553,22
Corretivo de Solo	R\$	-	R\$	-	R\$	-	R\$	-	R\$	-	R\$	-
Macronutriente	R\$	577,46	R\$	503,21	R\$	622,38	R\$	618,49	R\$	567,98	R\$	550,89
Micronutriente	R\$	-	R\$	-	R\$	-	R\$	-	R\$	10,90	R\$	2,32
<b>Defensivos</b>	R\$	166,96	R\$	278,97	R\$	226,40	R\$	213,68	R\$	272,90	R\$	254,58
Fungicida	R\$	45,78	R\$	54,62	R\$	71,01	R\$	35,84	R\$	76,79	R\$	60,13
Herbicida	R\$	39,70	R\$	121,56	R\$	104,39	R\$	130,09	R\$	111,24	R\$	109,50
Inseticida	R\$	71,29	R\$	84,05	R\$	30,80	R\$	32,47	R\$	73,40	R\$	68,51
Adjuvante	R\$	10,19	R\$	18,74	R\$	20,18	R\$	15,28	R\$	11,46	R\$	16,43
<b>Operação com Máquinas</b>	R\$	77,80	R\$	44,13	R\$	52,87	R\$	82,48	R\$	68,06	R\$	56,14
Manejo Pré Plantio	R\$	-	R\$	1,82	R\$	2,76	R\$	-	R\$	2,56	R\$	1,86
Adução e Plantio	R\$	47,44	R\$	18,36	R\$	23,93	R\$	48,54	R\$	19,33	R\$	24,02
Aplicações com Máquinas	R\$	9,38	R\$	3,64	R\$	8,27	R\$	5,24	R\$	10,23	R\$	6,45
Colheita	R\$	20,98	R\$	20,30	R\$	17,91	R\$	28,70	R\$	35,94	R\$	23,81
Manejo Pós Colheita	R\$	-	R\$	-	R\$	-	R\$	-	R\$	-	R\$	-
<b>Mão de Obra</b>	R\$	137,85	R\$	63,00	R\$	57,40	R\$	55,88	R\$	76,89	R\$	71,45
<b>TOTAL DAS DESPESAS DE CUSTEIO DA LAVOURA (A)</b>	R\$	1.305,92	R\$	1.254,31	R\$	1.310,67	R\$	1.316,43	R\$	1.355,73	R\$	1.293,93

Figura 1: Custo de produção do milho safra 2014/2015. Fonte: IMEA (Instituto Matogrossense de Economia Agropecuária)

### 3.1.2.2. Doenças na cultura do milho

Dentre as principais manchas foliares da cultura do milho, citam-se a helmintosporiose comum, causada pelo fungo *Setosphaeria sela* (Luttr.) KJ Leonard e Suggs (1974) [= *Exserohilum turcicum* (Pass) KJ Leonard e Suggs (1974)]; e a *helmintosporiose maidis*, cujo agente causal é o fungo *Cochliobolus heterostrophus* (Drechsler) Drechsler (1934) [= *Bipolaris maydis* (Nisik e Myiake) Shoemaker (1959)]. Tais doenças acometem as plantas de milho sob diferentes níveis de resistência, tendo, portanto, intensidades diversas sobre diferentes genótipos a depender inclusive do manejo da lavoura e das condições climáticas (Reis et al., 2004).

Outra doença foliar, a ferrugem polissora, causada pelo fungo *Puccinia polysora* (Underw., 1897) [= *Dicaeoma polysorum* (Underw.) Arthur (1906)] também tem importância na cultura do milho pipoca, pois, suas manchas foliares provocam danos indiretos que se caracterizam por reduzir a área foliar útil (Pinto, 2004; Jardine e Laca-Buendía, 2009; Vieira et al., 2009a).

### 3.1.2.3. Helmintosporiose comum

A helmintosporiose comum, causada por *S. seta*, é um dos principais problemas fitossanitários que afetam a cultura do milho, particularmente as cultivares de milho pipoca, por serem suscetíveis ao patógeno. Sendo os prejuízos mais severos quando a doença se estabelece antes do florescimento. Pode, neste caso, comprometer o rendimento da cultura em mais de 50% (Pinto, 1980; Perkins e Pedersen, 1987).

Guiomar (2011) relata que uma vez liberados durante um período quente e úmido, os conídios são transportados pelo vento ou chuva para as folhas inferiores das plantas jovens de milho, nas quais, a infecção ocorre por meio da germinação dos conídios na presença de água livre presente na superfície das folhas durante 6 às 18h e com temperatura amena entre 18-27°C.

Um estudo do efeito de épocas de plantio na severidade de *S. seta* em milho realizado por Juliatti e Souza (2005), concluíram que períodos de alta umidade propiciam o surgimento da doença. Os sintomas característicos da helmintosporiose comum aparecem como: lesões necróticas, de formato elíptico, com dimensões de 2,5 a 15 cm de comprimento, apresentam coloração intervalar de cinza a marrom que aparecem inicialmente nas folhas inferiores do tecido (Bleicher e Baumer, 1993; Casela et al., 2006).

No que diz respeito aos estudos de fontes de resistência envolvendo a doença, a pesquisa de Vieira et al. (2009b) identificou híbridos de milho pipoca com níveis de resistência genética à helmintosporiose comum por meio de estimativas da evolução da doença utilizando a área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD). Contudo, estudos envolvendo fontes de resistência à helmintosporiose comum na cultura do milho pipoca ainda são escassos.

#### **3.1.2.4. Helmintosporiose maidis**

A mancha de helmintosporiose maidis é uma doença de distribuição mundial, ocorrendo principalmente em regiões úmidas. O fungo possui duas raças distintas, sendo denominadas “0” e “T” (Burnette e White, 1985). O agente causal da mancha por helmintosporiose maidis é o fungo *C. heterostrophus*. Em milho, o fungo tem provocado prejuízos consideráveis, ainda que valores de perdas não tenham sido quantificados (Pereira et al., 2005).

Segundo Casela et al. (2006) a sobrevivência do fungo *C. heterostrophus* é favorecida pelas fontes de inóculo, como os restos de cultura ora infectados, sendo o vento e os respingos de chuva os principais vetores dos conídios. Adicionalmente, temperaturas entre 22-30°C e alta umidade favorece o desenvolvimento da helmintosporiose maidis. Os sintomas da doença diferenciam-se por lesões alongadas entre as nervuras das folhas com tamanhos variáveis, sendo coalescentes quando atingem áreas grandes do limbo foliar (Casela et al., 2006; Martinez et al., 2010).

Um fato histórico envolvendo a doença ocorreu em 1970, nos Estados Unidos da América, quando a doença tomou proporções epidêmicas. Isto ocorreu devido à utilização de macho-esterilidade em larga escala. Por quase duas décadas como medida de redução de mão-de-obra e, principalmente dar garantia de cruzamentos seguros entre genótipos para obtenção de híbridos de milho. Pois, apesar do gene *T-urf13* conferir macho-esterilidade pelo abortamento do grão de pólen a fertilidade feminina não é suprimida.

Essa característica é condicionada por um gene de herança materna de origem mitocondrial. Contudo, o mesmo gene que condiciona macho-esterilidade, também condiciona susceptibilidade à *C. heterostrophus* da raça T, fato que, na época, acabou por inviabilizar a utilização do citoplasma T, pois a doença causou graves danos aos produtores (Sekine et al., 2000).

### **3.1.2.5. Ferrugem polissora**

No Brasil, a ferrugem polissora é considerada uma importante doença da cultura do milho. Os fatores ambientais são determinantes no seu desenvolvimento, em condições propícias pode reduzir a produtividade em até 50%, pois os danos incluem a diminuição da área foliar, bem como, o vigor, o peso dos grãos, a senescência precoce e o acamamento de plantas (Ferreira, 2002; Costa et al., 2010; ).

A ferrugem polissora é causada pelo fungo *Puccinia polysora*. Na safra 2009/2010, causou severas epidemias em diversas regiões produtoras de milho nos estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul, causando aumento do custo de produção (Costa et al., 2010). Segundo Casela et al. (2006),

temperaturas baixas entre 16 a 23°C e alta umidade relativa do ar favorecem o desenvolvimento da doença. Os autores descrevem os sintomas como sendo pústulas circulares a ovais, marrons claras com maiores severidades na face adaxial das folhas e menos severa na face abaxial. Brunelli et al. (2002) mapearam genes de resistência quantitativa à *P. polyssora* em milho comum, associando os resultados à diferença significativa de número de lesões foliares entre genótipos estudados.

#### **3.1.2.6. Épocas de cultivo e a ocorrência de doenças foliares**

A época de plantio do milho pipoca influencia sobremaneira a severidade das doenças. Sawazaki (2001) recomenda-se que para cultivares muito suscetível a doenças e pragas, bem como podridões de grãos, o plantio de milho pipoca deve ser limitado a épocas de menor incidência de chuvas, principalmente no período de pós-maturação. Sendo o espaçamento na ordem de 50 a 55 mil plantas/hectare correspondendo a um espaçamento de 80-90cm entre linhas e 20 cm entre plantas, porém dependem do tipo de cultivar. Ainda segundo o pesquisador, cultivares com maior resistência às doenças e pragas e podridões de grãos, o cultivo pode ser conduzido entre outubro/novembro com colheita em fevereiro/março.

Juliatti e Souza (2005) ao estudarem o efeito de épocas de plantio na severidade de doenças foliares e produtividade de híbridos de milho concluíram que, para ferrugem polissora (*P. polyssora*) e para helmintosporiose comum (*S. seta*) apenas o efeito da época de plantio foi determinante para influenciar as reações dos genótipos, sendo os maiores índices de severidades observados na primeira época de plantio para ambas as doenças. O estudo revelou, ainda, que para helmintosporiose maidis (*C. heterostrophus*) tanto o fator época quanto o fator híbridos apresentaram diferenças estatísticas e que a suscetibilidade de genótipos a *C. heterostrophus* sob condições favoráveis afetam sua produtividade.

#### **3.1.2.7. A resistência genética enquanto alternativa de controle de doenças**



A resistência genética é definida como a capacidade do hospedeiro em impedir e, ou atrasar o desenvolvimento e o crescimento do agente causal ou patógeno (Parlevliet, 1997). Particularmente, no caso das doenças foliares a resistência tem importância fundamental na cultura do milho pipoca, face às perdas de produtividade que acompanham o cultivo. Tais perdas são principalmente advindas do grande número de doenças que acometem as lavouras, sendo, portanto, necessário o emprego de cultivares com potencial de resistência genética frente às principais doenças foliares, pois este é o método mais viável e econômico. Adicionalmente, o conhecimento sobre a herança dos caracteres envolvidos é de suma importância na obtenção de cultivares resistentes por tornar os métodos de seleção mais eficientes em programas de melhoramento (Lima et al., 1996; Silva et al., 2003; Casela et al., 2006).

Entre outros objetivos dos programas de melhoramento genético vegetal, o desenvolvimento de cultivares resistentes constitui um trabalho intenso, envolvendo, *a priori*, identificação de fontes de resistência com posterior elucidação do tipo de controle genético, culminando com a elaboração e execução de medidas estratégicas eficientes como a introgressão de alelos de resistência para genótipos elites (Schuelter et al., 2003). Segundo Silva et al. (2001) a disponibilidade de uma grande diversidade genética contribui fundamentalmente no processo de busca pela resistência genética.

Estudo de herança, envolvendo a natureza e amplitude em que os efeitos gênicos que controlam determinada característica estão envolvidos é de notável importância no contexto da seleção e predição do comportamento de populações híbridas e/ou segregantes. Os programas de melhoramento imbuídos do conhecimento das estimativas e proporções dos efeitos gênicos aditivos, dominantes e epistáticos possuem relativa orientação em estratégias de trabalhos de melhoramento genético (Cruz et al., 2012).

Van der Plank (1963) introduziu o conceito de resistência vertical como a que confere resistência contra um ou alguns espectros de raças patogênicas e a resistência horizontal como a resistência contra todas as raças de um determinado patógeno. A resistência vertical é conhecida como característica governada por um ou poucos genes, em que prevalecem poucos genes de grande efeito e, portanto, tradicionalmente tem sido empregada em programas de

melhoramento genético devido a sua relativa facilidade de introgressão gênica (Chaves et al., 2003).

No entanto, a resistência vertical também é conhecida por condicionar resistência temporária (Parlevliet, 1988) e assim a resistência horizontal, ou poligênica tem sido alvo cada vez mais das pesquisas em resistência genética (Brunelli et al., 2002; Wesp, 2008; Brito et al., 2008; Vieira et al., 2009b; Juliatti et al., 2013; Colombo et al., 2014). Adicionalmente a resistência vertical é, geralmente, de raça-específica sendo controlada por um ou poucos genes, este fato implica em pressão de seleção muito elevada sobre os agentes causais das doenças, impelindo-os a mutações mais frequentes que posteriormente poderá inviabilizar as cultivares ora consideradas resistentes (Ogliari et al., 2005).

Em sua revisão, Vale et al. (2001) atentam para o fato de que apesar da resistência horizontal (poligênica) ter sido muito menos empregada nos programas de melhoramento, esta, encontra-se em maior disponibilidade nos cultivares. Sendo reportada como resistência duradoura caracterizando-se pela ação conjunta de vários genes aditivos e não aditivos (Vieira et al., 2009b; Juliatti et al., 2013). A resistência horizontal é capaz de reduzir a taxa de desenvolvimento da doença pela combinação de diversos componentes como longo período latente, curto período infeccioso, baixa eficiência de infecção e pústulas com tamanho reduzido (Wesp, 2005).

### **3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1.3.1. Genótipos e condições de cultivo**

Para avaliação de possíveis fontes de resistência a *Cochliobolus heterostrophus*, *Setosphaeria seta* e *Puccinia polysora* em condições naturais de infecção, foram utilizados 37 genótipos de milho pipoca, contidos no Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (Tabela 1). A avaliação da reação dos genótipos foi realizada no campo experimental do Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes, região Norte do estado do Rio de Janeiro, situado a 21° 45' latitude

sul e 41° 20' longitude oeste e 11 m de altitude, com precipitação média anual de 1023 mm e temperatura média anual de 23°C.

A reação dos genótipos às doenças foliares supracitadas foi investigada em duas estações anuais distintas, correspondentes a primeira safra que ocorre entre os meses de outubro a março (época preferencial da cultura) e segunda safra que ocorre entre os meses de maio a setembro (época não preferencial da cultura). As principais variáveis meteorológicas em ambas as épocas de cultivo foram coletados diariamente a partir do Banco de dados do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET) e calculada a média mensal referente a cada época de cultivo. Por conseguinte, foram confeccionados gráficos no programa Microsoft Excel<sup>®</sup> 2010, os quais constam na Figura 2.

Tabela 1. Descrição de genótipos de milho pipoca do Banco de Germoplasma da UENF.

Genótipos	Tipo	Variedade Originária	Ano de obtenção	Adaptação Climática	Instituição de Desenvolvimento
L 88	Linhagem S7-2009	Viçosa: UFV	2009	Temperado/Tropical	UENF
L 70	Linhagem S7-2009	Ângela: EMBRAPA	2009	Tropical	UENF
L 65	Linhagem S7-2009	Ângela: EMBRAPA	2009	Tropical	UENF
L 80	Linhagem S7-2009	Viçosa: UFV	2009	Temperado/Tropical	UENF
L51	Linhagem S7-2009	Beija-flor: UFV	2009	Temperado/Tropical	UENF
L 77	Linhagem S7-2009	Viçosa: UFV	2009	Temperado/Tropical	UENF
L 76	Linhagem S7-2009	Beija-flor: UFV	2009	Temperado/Tropical	UENF
L 75	Linhagem S7-2009	Viçosa: UFV	2009	Temperado/Tropical	UENF
L 66	Linhagem S7-2009	Ângela: EMBRAPA	2009	Tropical	UENF
L 53	Linhagem S7-2009	Beija-flor: UFV	2009	Temperado/Tropical	UENF
L 52	Linhagem S7-2009	Beija-flor: UFV	2009	Temperado/Tropical	UENF
L 55	Linhagem S7-2009	Beija-flor: UFV	2009	Temperado/Tropical	UENF
L 54	Linhagem S7-2009	Beija-flor: UFV	2009	Temperado/Tropical	UENF
L 61	Linhagem S7-2009	Ângela: EMBRAPA	2009	Tropical	UENF

Tabela 1 – Cont.

Genótipos	Tipo	Variedade Originária	Ano de obtenção	Adaptação Climática	Instituição de Desenvolvimento
L63	Linhagem S7-2009	Ângela: EMBRAPA	2009	Tropical	UENF
L 59	Linhagem S7-2009	Beija-flor: UFV	2009	Temperado/ Tropical	UENF
L 71	Linhagem S7-2009	Ângela: EMBRAPA	2009	Tropical	UENF
P9	Linhagem	-Híbrido IAC112	2006	Temperado/ Tropical	UEM
P5	Linhagem	-Híbrido Zaeli	2006	Temperado/ Tropical	UEM
P2	Linhagem	-Composto CMS-42	2006	Temperado/ Tropical	UEM
P1	Linhagem	--Híbrido Zélia	2006	Temperado/ Tropical	UEM
P3	Linhagem	- Composto CMS-42	2006	Temperado/ Tropical	UEM
P10	Linhagem	--Híbrido IAC112	2006	Temperado/ Tropical	UEM
P7	Linhagem	--Híbrido Zaeli	2006	Temperado/ Tropical	UEM
P8	Linhagem	-Híbrido IAC112	2006	Temperado/ Tropical	UEM
P6	Linhagem	--Híbrido Zaeli	2006	Temperado/ Tropical	UEM
P4	Linhagem	-Raças Sul- Americanas	2006	Temperado/ Tropical	UEM
BOYA 462	Raça	Desconhecida	2006	Temperado/ Tropical	CIMMYT
URUG 298 Roxo	Raça	Desconhecida	2008	Temperado/ Tropical	CIMMYT
URUG 298 Amarelo	Raça	Desconhecida	2008	Temperado/ Tropical	CIMMYT
BOZM 260	Raça	Desconhecida	2008	Temperado/ Tropical	CIMMYT
ARZM 07- 49	Raça	Desconhecida	2008	Temperado/ Tropical	CIMMYT
CHZM 13-0134	Raça	Desconhecida	2008	Temperado/ Tropical	CIMMYT
ARZM 13- 050	Raça	Desconhecida	2008	Temperado/ Tropical	CIMMYT
ARZM 05-083	Raça	Desconhecida	2008	Temperado/ Tropical	CIMMYT
PARA 172	Raça	Desconhecida	2008	Temperado/ Tropical	CIMMYT
IAC 125	Híbrido Triplo	Desconhecida		Temperado/ Tropical	IAC

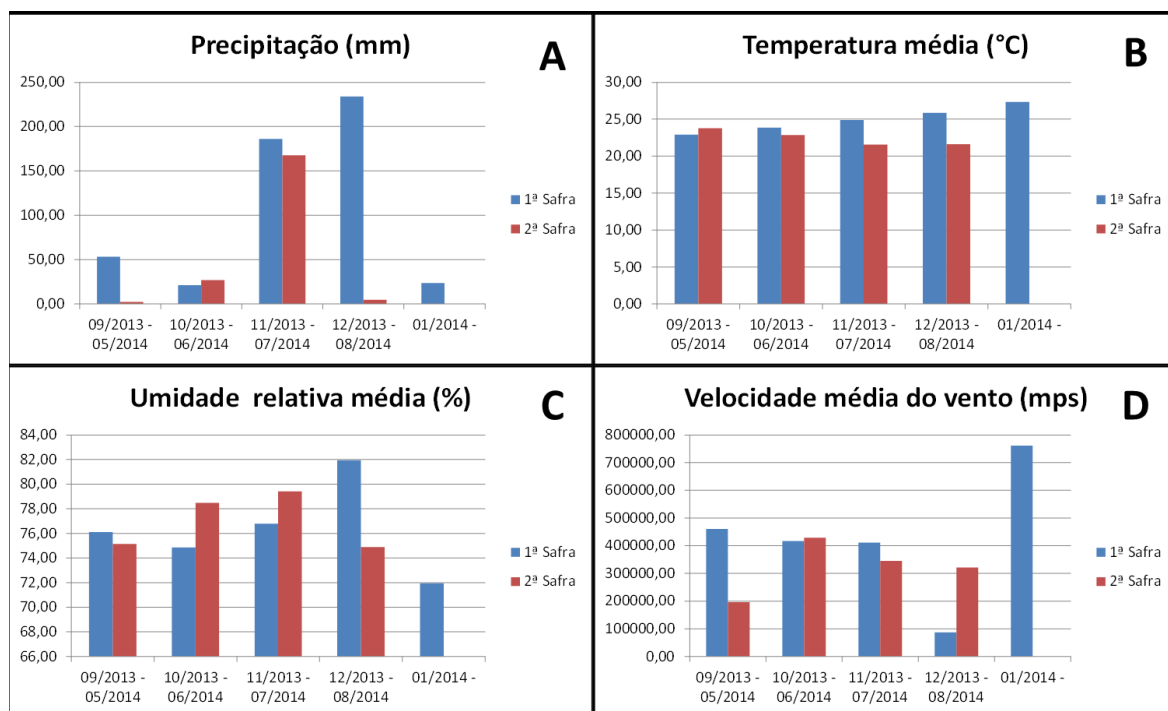


Figura 2: Variáveis meteorológicas coletadas a partir da estação de Campos dos Goytacazes (OMM: 83698) e processados pelo Banco de dados do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET)

### 3.1.3.2. Delineamento experimental e tratos culturais

O campo experimental foi preparado mecanicamente via gradagem, com posterior sulcagem e adubação de fundação conforme indicações técnicas sob formulação 04-14-08 de NPK. Ambos os experimentos foram implantados em blocos casualizados, entretanto, devido restrições de área o experimento de primeira safra teve tamanho das unidades experimentais menores quando comparado ao experimento de segunda safra, ou seja, na primeira safra os genótipos foram casualizados em linhas simples de 2 metros com 4 repetições totalizando 148 unidades experimentais.

As sementes foram semeadas manualmente de forma que se obtiveram 11 plantas/linha com espaçamento de 0,2 x 0,9 metros entre plantas e linhas respectivamente. Os tratos culturais incluíram desbastes das plântulas 15 dias após emergência, controle de plantas espontâneas via capina, irrigação periódica com manutenção do solo sob capacidade de campo e adubações de cobertura a 30 e 45 dias após emergência segundo a formulação N-P-K = 20-0-20, com 300 kg/ha e 200 kg/ha de ureia, respectivamente. No experimento de segunda safra

as unidades experimentais foram compostas de linhas de 3 metros com 16 plantas/linha semeadas manualmente sob espaçamento, adubação e demais tratos iguais ao experimento de primeira safra.

### 3.1.3.3. Avaliação das variáveis

A reação dos genótipos às doenças foliares foi monitorada por meio da estimativa da severidade dos sintomas, para tanto, adotou-se dois modos de estimativa: Pela aferição da porcentagem dos sintomas ao longo da planta e pela aferição da porcentagem dos sintomas ao longo da folha imediatamente abaixo a primeira espiga, compreendendo, severidade na planta e severidade na folha, respectivamente. Faz-se necessário informar que, as doenças foliares estudadas manifestaram seus respectivos sintomas através da infecção natural dos agentes causais a campo.

A severidade com base na planta para as três doenças foliares foi estimada com auxílio de escala de notas adotada pela Agroceres (1996), a escala apresenta intervalo entre 1 a 7, em que nota 1: 0% de incidência; nota 2: 0,5% de incidência; nota 3: 10% de incidência; nota 4: 30% de incidência; nota 5: 50% de incidência; nota 6: 70% de incidência; nota 7: 80% de incidência; nota 8: 90% de incidência e nota 9: 100% de incidência (Figura 3). A frequência das avaliações foi a cada 07 dias após o florescimento das plantas até a senescência das parcelas.

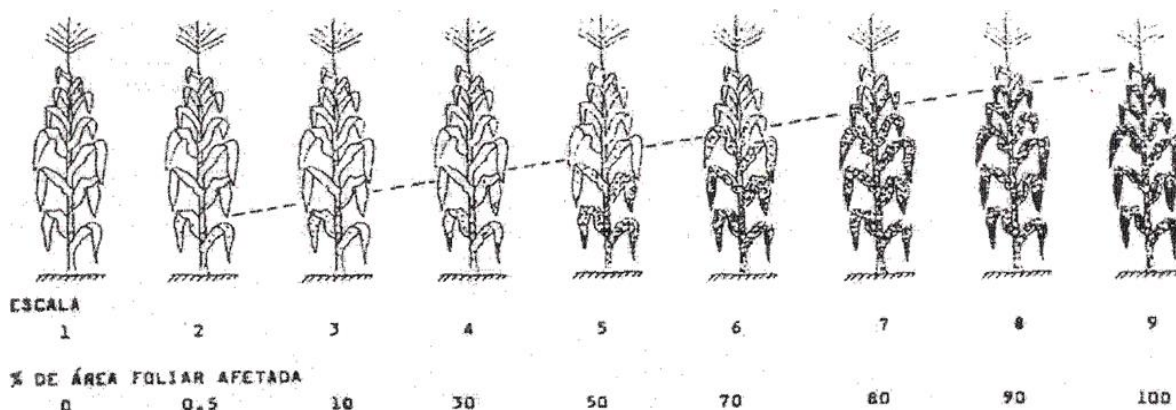


Figura 3: Escala diagramática para avaliação de severidade de moléstias com base na planta adotada pela Agroceres (1996).

A avaliação da severidade foliar da helmintosporiose comum causada por *S. seta*, foi realizada em ambas as épocas de primeira e segunda safra, tomando-se 6 plantas competitivas por parcelas a cada 7 dias após o florescimento das plantas até a senescência das parcelas, para tanto, foi utilizada a escala diagramática proposta por Lazaroto et al. (2012) contendo os intervalos de severidade em porcentagem correspondentes a: 0,5%; 1,0%; 2,5%; 6,5%; 15,5%; 30,0% e 54,0% indicada na Figura 4, através da qual fez-se a estimativa da porcentagem da área foliar comprometida pela doença.

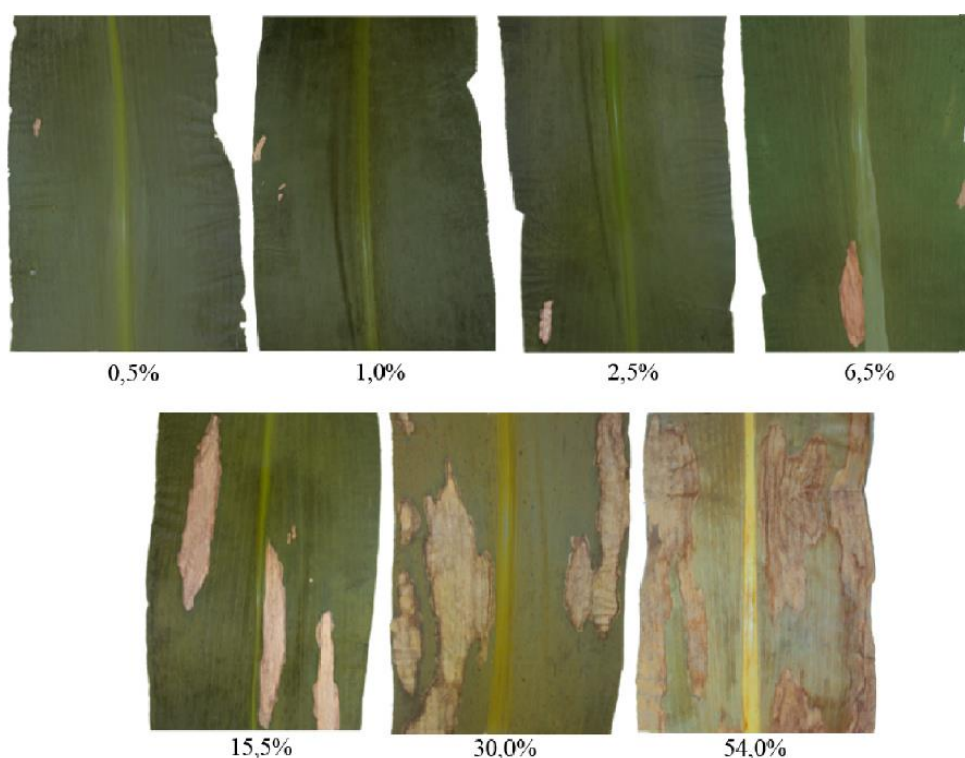


Figura 4: Escala diagramática para avaliação da severidade foliar de helmintosporiose comum do milho, proposta por Lazaroto et al. (2012).

Quanto à severidade da helmintosporiose maidis causada por *C. heterostrophus*, foi utilizada a escala proposta por James (1971) na estimativa da área foliar comprometida pelos sintomas da doença, sendo o intervalo de severidade expressos pela escala: 0%; 1%; 5%; 25% e 100% (Figura 5). A mesma escala foi utilizada em ambos os períodos de produção.



Figura 5: Representação diagramática para avaliação de severidade de helmintosporiose maidis em folhas de milho, proposta por James (1971).

Na avaliação da severidade da ferrugem polissora (*P. polysora*) foi adotada a escala de Chester (1950) segundo a qual foi realizada a estimativa da severidade foliar das plantas, de acordo com os valores delimitados pela escala representada pela Figura 6. Os valores de severidade variam 5 a 100%.

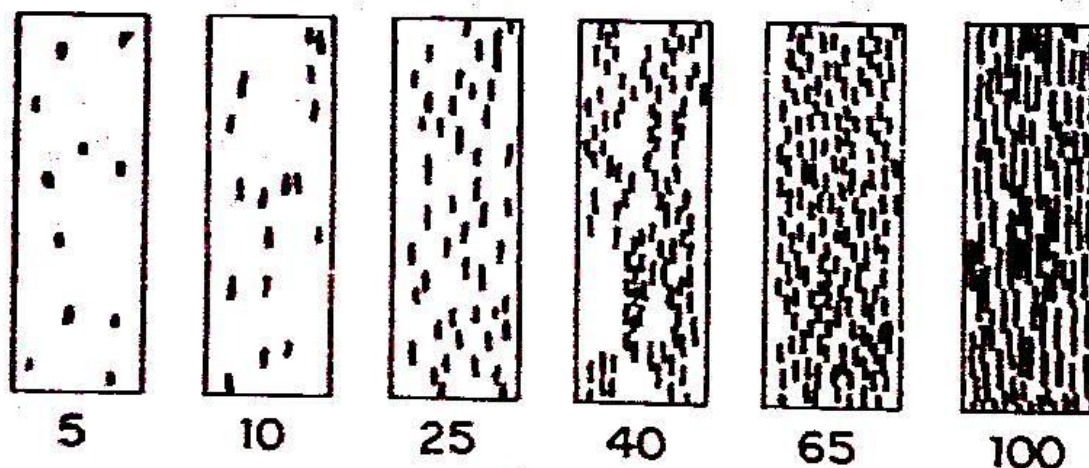


Figura 6: Escala diagramática para avaliação da severidade foliar causada por *Puccinia polysora* proposta por Chester (1950).

#### 3.1.3.4. Análise estatística

As informações obtidas das avaliações ao longo do tempo foram convertidas em severidade média e, também, integralizadas em uma única variável, AACPD. A determinação da área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD), segundo a equação de Shanner e Finney (1977), corresponde



a interações numéricas da proporção de doenças em relação ao tempo. Assim, nesta estimativa, considerou-se a AACPD igual a:

$$\sum_{i=1}^{n-1} \frac{(Y_{i+1} + Y_i)x(T_{i+1} - T_i)}{2}$$

Em que:

$n$  - é o número de observações;

$Y_i$  - é a severidade da doença na “ $i$ ”-ésima observação; e

$T_i$  - é o tempo em dias na “ $i$ ”-ésima observação.

Com as estimativas da severidade média e da AACPD, procedeu-se à análise de variância conjunta considerando dos dois experimentos; quando constatado efeito significativo, efetuaram-se testes de comparações de médias (Scott-Knott, 0,05 de probabilidade) utilizando o programa Genes (Cruz, 2013).

### 3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados relativos à severidade da helmintosporiose maidis causada por *C. heterostrophus*, indicaram diferenças quanto aos métodos empregados, isto é, a discriminação da reação dos genótipos, pelo método de avaliação com base na planta foi diferente daquela obtida pelo método de avaliação da severidade com base na folha, tornando ainda mais rígida a seleção de genótipos promissores.

Adicionalmente, a aplicação dos diferentes métodos permitiu discriminar diferentes épocas de maior severidade da doença entre os genótipos, o que tornou as estimativas obtidas inversamente proporcionais em relação ao método empregado. A avaliação por meio do método com base na planta para helmintosporiose maidis revelou diferença estatística entre os genótipos estudados para as variáveis severidade média e área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) como se observa na Tabela 2. No entanto, pela análise conjunta do desempenho dos acessos em detrimento das épocas de

cultivo, não foi observado significância na interação genótipo *versus* época de cultivo em relação às variáveis estudadas (Apêndice 1A) o que torna dispensável a discussão dos resultados separadamente em função das épocas. Sendo assim, os resultados para Severidade e AACPD passaram a ser discutidos em termos de média das duas épocas (Tabela 2).

A análise de severidade com base na planta apresentou diferenças significativas, ocorrendo efeito de genótipos a um nível probabilístico de 1% pelo teste F para ambas as épocas de cultivo (Apêndice 1A). A diferença entre o genótipo mais resistente, a raça ARZM 07083, e o genótipo mais suscetível, a linhagem L52, ficou em torno de 20,42%. Adicionalmente, em termos de severidade, houve a formação de dois grupos estatisticamente distintos, o grupo de genótipos mais resistentes contemplou 62,16% dos acessos estudados, entre os quais, destacam-se: a linhagem L70 as raças ARZM 07049, ARZM 05083, PARA 172 e URUG 298 Amarelo, os quais, no grupo de genótipos resistentes não diferiram estatisticamente do híbrido triplo IAC125 (Tabela 2).

Para os resultados referentes à área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD), a análise conjunta para as épocas de cultivo (1ª e 2ª safra), considerando o método de avaliação da severidade na planta revelou diferenças significativas entre os acessos, sendo o efeito de genótipos significativo ao nível probabilístico de 1% pelo teste F (Apêndice 1A). Portanto, pelo teste de médias houve a formação de três grupos estatisticamente distintos, o grupo de genótipos mais resistentes contemplou 67,57% dos acessos estudados, entre os quais é possível destacar as linhagens L70 e L65, bem como as raças ARZM 07049, PARA 172 e URUG 298 Amarelo.

Considerando o desempenho dos genótipos para ambas as variáveis estudadas, 62,16% dos acessos estudados foram promissores. Entre os acessos desenvolvidos na UENF destacam-se as linhagens L55, L63, L65, L66, L70, L71 e L88; entre os acessos provenientes da UEM foi possível apontar como promissores as linhagens P10, P2, P3, P4, P6, P7, P8 e P9. Quanto ao material vegetal proveniente do CIMMYT, as raças ARZM 05083, ARZM 07049, BOYA 462, BOZM 260, PARA172, URUG 298 Amarelo e URUG 298 Roxo, ficaram entre os genótipos resistentes. O híbrido triplo IAC 125, proveniente do Instituto Agrônomo de Campinas, não apresentou diferença estatística daqueles resistentes (Tabela2).

Tabela 2. Severidade na planta e Área abaixo da curva do progresso da doença de helmintosporiose maidis (*C. heterostrophos*) em primeira e segunda safra de milho pipoca.

Genótipos	Severidade		AACPD	
L51	73,95	a	956,89	b
L52	81,73	a	1084,78	a
L53	71,95	a	940,41	b
L54	69,55	a	919,41	b
L55	66,35	b	862,43	c
L59	68,42	a	882,44	c
L61	68,81	a	890,55	c
L63	66,95	b	880,56	c
L65	64,02	b	836,71	c
L66	65,04	b	838,48	c
L70	61,93	b	805,88	c
L71	66,62	b	857,76	c
L75	71,74	a	931,73	b
L76	70,13	a	909,68	b
L77	69,73	a	913,69	b
L80	72,98	a	982,84	b
L88	66,50	b	874,31	c
P1	70,78	a	930,76	b
P10	66,33	b	869,15	c
P2	65,18	b	858,96	c
P3	66,45	b	876,72	c
P4	64,17	b	838,54	c
P5	71,20	a	929,93	b
P6	65,92	b	868,45	c
P7	65,29	b	861,83	c
P8	65,57	b	868,56	c
P9	66,25	b	869,62	c
ARZM05083	63,02	b	837,40	c
ARZM07049	61,31	b	809,55	c
ARZM13050	68,78	a	906,00	b
BOYA462	66,49	b	882,73	c
BOZM260	65,53	b	862,63	c
CHZM13134	68,97	a	929,50	b
PARA172	62,17	b	824,09	c
URUG 298 Amarelo	63,15	b	831,51	c
URUG 298 Roxo	65,05	b	854,08	c
IAC125	66,93	b	860,15	c

\* Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott Knott.

A análise estatística conjunta de avaliação da severidade foliar para ambas as épocas de cultivo (1ª e 2ª safra) demonstrou interação significativa entre Genótipo X Ambiente a 1% de probabilidade pelo teste F para as variáveis Severidade média e AACPD (Apêndice 1A). Portanto, os resultados serão discutidos em relação às duas épocas, a fim de apontar as implicações de diferentes épocas sobre a resistência dos genótipos.

A partir da análise de variância individual, verificou-se que a aplicação do método com base na folha para a variável severidade média, não revelou efeitos de genótipos na primeira safra (Apêndice 3A), indicando que nas condições de cultivo da época, todos os genótipos foram estatisticamente iguais para suscetibilidade à helmintosporiose maidis, em função das pequenas variações entre genótipos, pois a variação entre o genótipo menos suscetível URUG298 amarelo e o genótipo mais suscetível L51 foi de apenas 3,32% (Tabela 3).

Segundo Vieira et al. (2009b) a eficiência da discriminação da resistência está atrelada aos níveis da intensidade da doença, os quais, devem ser suficientes para diferenciar os genótipos. Neste caso, a severidade da helmintosporiose maidis na folha imediatamente abaixo da primeira espiga não foi suficientemente intensa para possibilitar a discriminação fidedigna entre os genótipos mais resistentes e suscetíveis.

Pode-se inferir que os resultados estão, principalmente, em função das condições ambientais de cada época de cultivo, sendo os fatores temperatura média e umidade relativa, as variáveis que podem explicar os resultados obtidos, vez que, quando comparado a segunda safra, a temperatura média ocorreu de forma progressiva desde o plantio à colheita (Figura 2B) e os níveis de umidade relativa, os quais, entre os meses de transição de desenvolvimento vegetativo e floração das plantas permaneceram menores na primeira safra quando comparadas a segunda safra (Figura 2C).

Os resultados obtidos foram esperados tendo em vista a recomendação de plantio de Sawazaki (2001) para cultivo em meados de agosto-setembro em relação à pré-disposição das plantas às doenças do milho pipoca, ainda que exista algum risco à produtividade e decorrência de chuvas no fim do ciclo da cultura. Em relação à segunda safra os resultados da análise de variância individual apontaram a influência significativa do fator Genótipo ao nível probabilístico de 1% pelo teste F (Apêndice 3A). Portanto, o teste de médias

apresentou diferença estatística entre os genótipos, formando grupos com diferentes reações à helmintosporiose maidis, em que, o grupo dos genótipos resistentes incluiu 45,94% dos genótipos estudados, entre os quais merecem destaque os acessos PARA 172, que apresentou o menor índice de severidade foliar, P4, ARZM 07049, L70 e URUG 298 amarelo (Tabela 3).

A AACPD estimada em folha não demonstrou efeito de genótipo significativo por ocasião da primeira safra (Apêndice 3A) como observado no teste de médias (Tabela 3). Entretanto, na segunda safra houve diferença significativa do fator Genótipo. Assim, pelo teste de médias, houve a formação de 04 grupos estatisticamente distintos, no grupo de acessos resistentes o genótipo PARA172 seguido dos acessos P4, L63, ARZM 07049 e BOYA 462 estão entre aqueles que apresentaram maiores resistências à helmintosporiose maidis.

Considerando o desempenho dos melhores acessos para as variáveis estudadas, simultaneamente, bem como para as épocas e métodos de avaliação da severidade, pode-se indicar de forma mais precisa 11 genótipos como fontes de resistência à helmintosporiose maidis: Dos acessos provenientes do CIMMYT, as raças ARZM 07049, ARZM 05083, PARA 172, URUG 298 amarelo e BOYA 462, de genealogia desconhecida. Dos acessos provenientes da UEM destacam-se as linhagens: P2, P4 e P7. Dos acessos desenvolvidos na UENF é possível apontar as linhagens L70, L71 e L63. O híbrido triplo IAC 125 demonstrou suscetibilidade à infecção natural da helmintosporiose maidis.; as linhagens P4 e P7 são provenientes da UEM.

É importante ressaltar que as linhagens L63, L70 e L71 são provenientes da variedade de polinização aberta BRS Ângela, desenvolvida pela EMBRAPA Milho e Sorgo e fruto de seis ciclos de seleção recorrente intrapopulacional (Pacheco et al., 2005). Segundo Parteniani e Miranda Filho (1978), o melhoramento genético do milho visa à obtenção de populações melhoradas que detenham genes favoráveis e a seleção de linhagens endogâmicas. O trabalho de Arnhold (2008) atestou a possibilidade da congregação de alelos favoráveis à resistência de três doenças foliares, entre elas, helmintosporose maidis e helmintosporiose comum através do melhoramento intrapopulacional. Desta forma, o desempenho demonstrado pela Linhagem L70 pode ser creditado ao processo de congregação de alelos favoráveis de resistência via seleção recorrente sobre sua variedade originária BRS Ângela.

As raças PARA 172, ARZM 07049, BOYA 462, URUG 298 Amarelo e ARZM 05083 são provenientes do CIMMYT e de genealogia desconhecida sobre as quais estudos envolvendo os acessos supracitados não abordam a capacidade de resistência genética à helmintosporiose maidis. As linhagens P4 e P7, provenientes da UEM, sendo a primeira de genealogia e estudo de resistência desconhecidos. A linhagem P7 é proveniente do híbrido triplo 'Zaeli' (Silva et al., 2011), contudo, no que se refere a resistência à helmintosporiose maidis não foi possível encontrar relatos sobre a capacidade das linhagens extraídas do híbrido 'Zaeli'.

Tabela 3. Severidade na folha e Área abaixo da curva do progresso da doença de helmintosporiose maidis (*C. heterostrophos*) em primeira e segunda safra de milho pipoca.

Genótipos	Severidade média		AACPD	
	Primeira safra	Segunda safra	Primeira safra	Segunda safra
L51	4,97Ba	45,43Ab	82,25Ba	822,57Ab
L52	4,82Ba	55,29Aa	74,17Ba	918,83Aa
L53	3,24Ba	55,05Aa	47,31Ba	927,97Aa
L54	2,35Ba	56,13Aa	37,48Ba	936,47Aa
L55	1,86Ba	46,09Ab	26,71Ba	816,48Ab
L59	2,55Ba	45,33Ab	39,14Ba	815,79Ab
L61	1,84Ba	33,87Ad	28,47Ba	698,35Ac
L63	3,01Ba	31,06Ad	44,89Ba	616,28Ad
L65	2,25Ba	38,62Ac	37,25Ba	704,48Ac
L66	2,40Ba	34,24Ad	38,56Ba	681,77Ac
L70	1,88Ba	30,73Ad	27,59Ba	642,04Ad
L71	3,21Ba	32,89Ad	45,01Ba	651,54Ad
L75	2,82Ba	38,66Ac	42,94Ba	726,70Ac
L76	2,70Ba	33,29Ad	43,69Ba	686,35Ac
L77	2,46Ba	45,47Ab	36,69Ba	815,81Ab
L80	2,18Ba	56,13Aa	35,64Ba	934,36Aa
L88	2,60Ba	40,92Ac	37,02Ba	766,53Ab
P1	3,16Ba	43,20Ab	50,25Ba	783,14Ab
P10	1,96Ba	40,80Ac	29,49Ba	743,40Ac
P2	1,70Ba	31,12Ad	26,49Ba	646,15Ad
P3	2,20Ba	34,38Ad	35,23Ba	686,22Ac
P4	1,82Ba	29,57Ad	25,87Ba	599,26Ad
P5	2,41Ba	42,04Ab	35,88Ba	781,19Ab
P6	1,94Ba	39,42Ac	30,22Ba	749,31Ac
P7	2,16Ba	32,22Ad	32,41Ba	667,85Ad
P8	2,61Ba	37,43Ac	37,22Ba	709,47Ac
P9	1,97Ba	39,20Ac	29,84Ba	738,23Ac
ARZM05083	2,25Ba	32,51Ad	32,79Ba	656,32Ad
ARZM07049	2,04Ba	30,10Ad	32,17Ba	629,61Ad
ARZM13050	2,15Ba	37,72Ac	32,93Ba	740,19Ac
BOYA462	3,16Ba	32,07Ad	44,69Ba	637,14Ad
BOZM260	1,94Ba	34,69Ad	28,99Ba	683,64Ac
CHZM13134	3,75Ba	48,59Ab	59,04Ba	854,37Ab
PARA172	1,97Ba	26,92Ad	27,45Ba	559,72Ad
URUG 298 Amarelo	1,65Ba	31,00Ad	25,40Ba	643,40Ad
URUG 298 Roxo	1,77Ba	36,32Ac	26,19Ba	712,40Ac
IAC125	2,19Ba	34,93Ad	31,30Ba	683,17Ac

\*Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal constituem grupo estatisticamente homogêneo; \* Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott Knott.

As observações da severidade da helmintosporiose comum (*S. seti*) revelaram grande variação entre os genótipos estudados. No que diz respeito ao método de avaliação com base na planta, considerando a interação Genótipo X Ambiente, verificou-se diferenças significativas ao nível probabilístico de 5% pelo teste F na análise conjunta de épocas de cultivo apenas para a variável Severidade média (Apêndice 1B). Portanto, os resultados para Severidade média passaram a ser discutidos em detrimento de cada época em separado.

Para a severidade média com base na planta, por ocasião da primeira safra, a análise de variância individual demonstrou significância a 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 2B). Assim, considerando o teste de médias, observaram-se diferenças significativas entre os genótipos avaliados. Os resultados da Tabela 4 indicam a formação de grupos estatisticamente distintos. O grupo dos genótipos resistentes contemplou 56,75% dos acessos estudados, entre os quais, a raça PARA 172, e as linhagens P7, L61, P8 e P3 apresentaram menores médias de severidade, diferindo estatisticamente do grupo de acessos suscetíveis que engloba as linhagens L65, L70, P6, P4 e a raça URUG 298 roxo. A variação mais marcante, de 39,73%, ocorreu entre os genótipos PARA 172 e L65, ranqueados estatisticamente, como mais resistentes e mais suscetíveis, respectivamente. Em relação ao híbrido triplo IAC 125, este também compôs o grupo dos genótipos mais resistentes.

Para a variável severidade média em relação à segunda safra de cultivo, a análise de variância individual apontou efeito significativo para genótipo a 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 2B). Pelo teste de médias, verificou-se que houve diferença estatística entre os genótipos com discriminação contundente de grupos estatisticamente distintos em reação à helmintosporiose comum. Os resultados demonstram que 78,37% dos genótipos avaliados apresentaram severidade média abaixo de 44% na planta e, portanto, pertencentes ao grupo daqueles mais resistentes. O genótipo L55, mais suscetível, apresentou cerca de 53% de severidade acima do genótipo mais resistente L71. Adicionalmente, o híbrido triplo IAC 125 não diferiu estatisticamente do grupo de genótipos resistentes (Tabela 4).

Em relação ao efeito de épocas de cultivo sobre a média de severidade da helmintosporiose comum, este fator teve pouco efeito para discriminar os genótipos mais resistentes dos mais suscetíveis, a primeira safra, por exemplo,



favoreceu o desenvolvimento da doença em 97,29% dos genótipos, sendo o genótipo L55 a única exceção, o qual veio a diferir estatisticamente em relação à segunda safra onde apresentou a maior média de severidade. A segunda safra desfavoreceu a severidade da helmintosporiose comum em 10,81% dos genótipos envolvidos, sendo, a linhagem L66 e as raças ARZM 05083, ARZM 07049, e URUG 298 roxo, que passaram de 45%; 48,33%; 55% e 56% de severidade na primeira safra para 24,45%; 25,87%; 26,29% e 33,36% na segunda safra (Tabela 4). As variáveis meteorológicas obtidas na primeira safra (Figura 2A e 2D) podem explicar a maior severidade nas plantas em virtude da disseminação do patógeno estar em função da maior precipitação e ocorrência de ventos (Guiomar, 2011).

Para a variável AACPD, observou-se ausência de significância pela análise conjunta de épocas (Apêndice 1B). Tal fato implica, necessariamente, que a discussão dos resultados seja em função das médias entre épocas, visto que, a reação dos genótipos à helmintosporiose comum com base na planta, não sofreu influência de épocas. No entanto, pelo teste de médias não houve diferença estatística entre os genótipos estudados para a variável AACPD (Tabela 04).

Na avaliação estatística conjunta de épocas, para a intensidade da helmintosporiose comum em folha, os resultados permitiram definir reações de resistência e suscetibilidade claras em ambas as épocas de cultivo, bem como para as variáveis severidade média e AACPD. Portanto, a interação Genótipo X Ambiente, foi significativa ao nível probabilístico de 1% para ambas as variáveis estudadas (Apêndice 1B). Desta forma, a discussão das variáveis passou a ser discutida em detrimento de cada época de cultivo. Por outro lado, a análise conjunta não revelou efeito de genótipo, o que pressupõe que as variações das reações à helmintosporiose foliar estejam em função do ambiente (Apêndice 1B).

Tabela 4. Severidade na planta e Área abaixo da curva do progresso da doença para helmintosporiose comum (*S. seti*) em primeira e segunda safra de milho pipoca.

Genótipos	Severidade média		AACPD
	Primeira safra	Segunda safra	
L51	31,98Ab	37,26Ac	551,06 a
L52	40,02Ab	43,63Ac	635,86 a
L53	33,38Ab	46,96Ab	659,53 a
L54	42,52Aa	56,93Ab	759,86 a
L55	46,15Ba	72,38Aa	853,46 a
L59	34,72Ab	46,55Ab	630,22 a
L61	26,70Ab	31,70Ac	473,76 a
L63	46,99Aa	52,37Ab	757,86 a
L65	62,52Aa	71,11Aa	988,09 a
L66	45,00Aa	24,45Bc	560,00 a
L70	58,10Aa	49,05Ab	786,48 a
L71	33,06Ab	19,46Ac	423,06 a
L75	33,09Ab	21,54Ac	448,73 a
L76	34,17Ab	23,49Ac	469,00 a
L77	38,89Ab	34,18Ac	600,98 a
L80	37,22Ab	42,24Ac	656,47 a
L88	31,27Ab	35,51Ac	524,20 a
P1	40,00Ab	42,17Ac	642,50 a
P10	33,61Ab	38,39Ac	584,39 a
P2	41,58Ab	40,72Ac	637,29 a
P3	28,63Ab	37,26Ac	532,73 a
P4	55,86Aa	47,93Ab	782,65 a
P5	36,68Ab	34,20Ac	576,41 a
P6	57,28Aa	39,05Ac	703,43 a
P7	23,63Ab	21,97Ac	386,09 a
P8	28,33Ab	36,95Ac	523,62 a
P9	31,14Ab	36,41Ac	530,47 a
ARZM05083	48,33Aa	25,87Bc	585,89 a
ARZM07049	55,00Aa	26,29Bc	604,08 a
ARZM13050	53,66Aa	37,30Ac	653,66 a
BOYA462	49,46Aa	39,51Ac	685,71 a
BOZM260	46,41Aa	29,38Ac	565,25 a
CHZM13134	47,22Aa	41,96Ac	676,74 a
PARA172	22,79Ab	23,34Ac	361,16 a
URUG 298 Amarelo	44,47Aa	29,19Ac	563,28 a
URUG 298 Roxo	56,96Aa	33,36Bc	681,34 a
IAC125	33,64Ab	38,64Ac	585,99 a

\*Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal constituem grupo estatisticamente homogêneo; \* Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott Knott.

Por conseguinte, em relação à severidade média, para a primeira safra, não houve efeito de genótipo pela análise individual (Apêndice 3B), tal fato refletiu em ausência de diferença estatística no teste de médias entre os genótipos estudados (Tabela 5). No entanto, o genótipo numericamente mais promissor foi o PARA 172 que apresentou valores de severidade média 8,59% inferior ao genótipo L65, mais suscetível.

Para a mesma variável, mensurada em segunda safra, observou-se efeitos significativos ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 3B). Assim, verificaram-se pelo teste de médias, diferenças significativas entre os genótipos estudados, onde houve a formação de grupos estatisticamente distintos em reação ao patógeno causador da helmintosporiose comum. O grupo de genótipos resistentes comportou 51,35% dos genótipos estudados, sendo a raça PARA 172, mais uma vez, a que, do grupo de genótipos mais resistentes, apresentou o menor valor numérico seguido das raças ARZM 05083, URUG 298 amarelo, URUG 298 roxo e da linhagem L61, os quais, juntamente com o híbrido triplo IAC 125, apresentaram as menores médias de severidade. Em relação aos genótipos mais suscetíveis citam-se as linhagens L55, L65, L52, L53, L80 e L54 que juntas representaram 16,21% dos genótipos avaliados (Tabela 5).

Para fins de comparação entre as épocas 01 e 02 para severidade média da helmintosporiose comum, tem-se que o fator época discriminou poucos genótipos que responderam positivamente à ocorrência da doença como ocorreu na primeira safra em que 24,32% dos genótipos avaliados tiveram as melhores médias de severidade. Observa-se, portanto, que os genótipos L88, L59, CHZM 13134, L54 e L80, por exemplo, que apresentavam 3,90%; 2,82%; 4,88%; 6,31% e 5,32% de severidade média na primeira safra passaram para 13,64%; 14,33%; 13,92%; 21,12% e 21,52% de severidade média na segunda safra (Tabela 5).

No que se refere AACPD da helmintosporiose comum estimada na folha, a análise de variância conjunta apontou ausência de efeito de genótipo, mas denotou interação significativa de Genótipos X Ambientes (Apêndice 1B). Devido à falta de efeito de genótipos, não houve diferença significativa entre os genótipos estudados na primeira safra (Tabela 5). Já em relação a segunda safra, os resultados apresentaram diferenças significativas entre os genótipos estudados com formação de dois grupos de reação à helmintosporiose comum, estatisticamente distintos. O grupo de genótipos mais resistentes incluiu 83,78%

dos acessos estudados em que a raça PARA172 apresentou, numericamente, a menor AACPD, diferindo estatisticamente do grupo de genótipos mais suscetível. Quanto ao híbrido triplo IAC 125, os resultados demonstram que não houve diferença significativa quando comparado ao grupo de genótipos mais resistentes (Tabela 5).

Para constatação do efeito de épocas de cultivo sobre a AACPD, os resultados revelam poucas diferenças significativas entre os genótipos estudados. No ambiente de primeira safra, portanto, não houve efeito de genótipos pelo teste F (Apêndice 3B), contudo, a análise conjunta permitiu verificar efeito de épocas (ambiente) a 5% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 1B). Constata-se, assim, que, as menores áreas abaixo da curva para 18,92 % dos genótipos se deva ao efeito ambiental. De forma semelhante, a segunda safra favoreceu o progresso da doença ao longo do tempo para 100% dos genótipos envolvidos. O desempenho dos genótipos mais sensíveis às alterações climáticas em função das épocas de cultivo, tanto para a variável severidade média quanto para AACPD, podem estar em função da temperatura média.

Na segunda safra, ao longo do experimento, a temperatura média manteve-se em declínio (Tabela 2B). Bleicher e Balmer (1993) estudando efeitos da seleção recorrente fenotípica sobre a resistência à helmintosporiose comum em milho notaram a influência do aumento da temperatura média causando redução no tamanho médio das lesões, sendo, as temperaturas mais amenas tidas como mais favorável à severidade da lesão da doença como observadas na segunda safra (Tabela 5).

Para fins da determinação fidedigna de fontes de resistência à helmintosporiose comum, os melhores genótipos foram selecionados, quando houve diferenças significativas, com base nos métodos de avaliação da severidade na planta e na folha, em primeira e segunda safra e para ambas as variáveis. Os resultados obtidos permitiram destacar 10 dos 37 acessos estudados. Dos acessos desenvolvidos na UEM é possível apontar as linhagens P7, P5, P3 e P1 provenientes da UEM, sendo as duas primeiras extraídas do híbrido triplo 'Zaeli', a terceira, extraída do composto CMS-42 da Embrapa Milho e Sorgo e a última do híbrido triplo 'Zélia' (Silva et al. 2011). As linhagens L75, L76, L71 e L61 desenvolvidas na UENF, sendo suas variedades originárias as cultivares Viçosa (L75), Beija-flor (L76) e Ângela (L71 e L61), respectivamente. A

raça PARA 172 do CIMMYT de genealogia desconhecida e o híbrido triplo IAC125 proveniente desenvolvido no Instituto Agrônomo de Campinas também estão inclusos no rol dos genótipos promissores a resistência da helmintosporiose comum.

As linhagens P7 e P5 podem ter seus resultados embasados no fato de que seu material vegetal originário possivelmente seja detentor de alelos favoráveis à resistência genética, pois, Vieira et al. (2009b) também obtiveram índices satisfatórios de resistência à helmintosporiose comum a partir de linhagens extraídas do híbrido triplo 'Zaeli'. A resistência da linhagem P3, possivelmente está atrelado ao fato de que é proveniente da população melhorada CMS-42 (Pacheco et al.,1998).

O desempenho das linhagens L75 e L76 provavelmente se deva ao fato de que as mesmas sejam provenientes de cultivares detentoras de alelos favoráveis à resistência ao patógeno causador da helmintosporiose comum. Miranda et al. (2003) ao estudarem o potencial de melhoramento de cultivares de milho pipoca submeteram, entre outras variedades, as cultivares Beija-flor e Viçosa à ocorrência natural de helmintosporiose comum.

Os resultados permitiram verificar a maior resistência dessas duas cultivares, sobre as demais investigadas. Vieira et al. (2009b) utilizaram híbridos de linhagens extraídas da cultivar Beija-flor, para os quais, em estudo de incidência, severidade, área abaixo da curva do progresso da incidência e área abaixo da curva do progresso da severidade observaram maiores níveis de resistência à helmintosporiose comum do que para os outros híbridos estudados. As linhagens L71 e L61 foram extraídas da cultivar BRS Ângela, melhorada em ciclos de seleção recorrente. Segundo Bleicher e Balmer (1993) a seleção recorrente é eficiente para aumentar o nível de resistência à helmintosporiose comum em cultivares suscetíveis.

Tabela 5. Severidade na folha e Área abaixo da curva do progresso da doença para helmintosporiose comum (*S. seta*) em primeira e segunda safra de milho pipoca.

Genótipos	Severidade média		AACPD	
	Primeira safra	Segunda safra	Primeira safra	Segunda safra
L51	7,96Aa	13,84Ab	161,97Aa	171,24Ab
L52	4,67Ba	24,85Aa	91,87Ba	348,73Aa
L53	3,68Ba	23,87Aa	77,29Ba	307,97Aa
L54	6,31Ba	21,12Aa	109,26Ba	250,76Aa
L55	5,70Ba	31,56Aa	79,92Ba	415,74Aa
L59	2,82Ba	14,33Ab	44,48Ba	183,75Ab
L61	5,25Aa	1,57Ac	108,91Aa	21,46Ab
L63	8,22Aa	10,58Ab	142,19Aa	170,39Ab
L65	10,43Ba	27,30Aa	184,37Ba	363,90Aa
L66	4,04Aa	2,68Ac	72,04Aa	33,02Ab
L70	6,81Aa	6,05Ac	109,20Aa	71,24Ab
L71	3,26Aa	6,11Ac	62,85Aa	68,41Ab
L75	3,45Aa	2,84Ac	63,29Aa	39,71Ab
L76	4,67Aa	3,39Ac	92,75Aa	39,42Ab
L77	8,81Aa	9,18Ab	175,15Aa	129,62Ab
L80	5,32Ba	21,52Aa	107,92Ba	261,73Aa
L88	3,90Ba	13,64Ab	73,25Aa	169,75Ab
P1	8,45Aa	6,38Ac	148,41Aa	85,72Ab
P10	3,48Aa	11,35Ab	72,37Aa	122,85Ab
P2	4,45Aa	8,53Ab	72,04Aa	116,33Ab
P3	2,70Aa	6,99Ac	56,56Aa	95,92Ab
P4	4,97Aa	8,78Ab	73,21Aa	129,21Ab
P5	4,84Aa	6,52Ac	98,64Aa	90,29Ab
P6	5,40Aa	9,49Ab	82,69Aa	118,81Ab
P7	2,15Aa	3,71Ac	44,92Aa	57,17Ab
P8	1,97Aa	7,46Ab	41,13Aa	83,48Ab
P9	4,15Aa	8,27Ab	84,99Aa	108,37Ab
ARZM05083	3,34Aa	1,08Ac	58,33Aa	16,38Ab
ARZM07049	9,11Aa	2,55Ac	137,96Aa	30,33Ab
ARZM13050	7,03Aa	5,07Ac	104,27Aa	65,54Ab
BOYA462	4,27Aa	5,68Ac	64,02Aa	83,90Ab
BOZM260	4,68Aa	2,41Ac	63,15Aa	35,73Ab
CHZM13134	4,88Ba	13,92Ab	88,96Aa	184,04Ab
PARA172	1,84Aa	0,93Ac	29,90Aa	11,96Ab
URUG 298 Amarelo	3,15Aa	1,47Ac	48,56Aa	19,75Ab
URUG 298 Roxo	7,15Aa	1,88Ac	118,86Aa	28,21Ab
IAC125	3,36Aa	6,63Ac	67,67Aa	87,63Ab

\*Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal constituem grupo estatisticamente homogêneo; \* Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott Knott.

A análise de variância conjunta dos resultados para ambas as épocas de cultivo, segundo o método de avaliação da severidade com base na planta, denotaram diferenças significativas na interação Genótipo x Ambiente apenas para a variável Severidade Média de ferrugem polissora (*P. polyssora*) ao nível probabilístico de 1% pelo teste F (Apêndice 1C). Sendo os resultados, a partir de então, discutidos em detrimento de cada época. Em suma, genótipo L80, dentro do grupo de genótipos resistentes, numericamente manteve-se como aquele que melhor resistiu à ocorrência da ferrugem polissora em ambas as épocas de cultivo e em relação às variáveis consideradas. Os genótipos L53 e L55, por outro lado, mantiveram-se como mais suscetíveis para as variáveis estudadas em ambas as épocas de cultivo.

Para a severidade média na planta, por ocasião da 1ª safra, houve efeito de genótipos a 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 2C) tornando possíveis as diferenças estatísticas entre os genótipos pelo teste de médias em que houve a formação de dois grupos de reação estatisticamente distintos. No grupo dos genótipos mais resistentes observou-se 35,13% dos genótipos estudados entre os quais se destacam as Linhagens L80, L76 e L63, as raças PARA 172 e ARZM 05083, sendo a diferença mais acentuada (18,64%) observada entre os genótipos L80 e L53, os quais correspondem, respectivamente aos mais resistentes e ao mais suscetível estatisticamente. O híbrido IAC125 mostrou-se mais suscetível, com diferença de 18,35% em relação ao genótipo mais resistente (Tabela 6).

Considerando as avaliações conduzidas na segunda safra, para a mesma variável, observa-se efeito significativo de genótipos a 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 2C). Como esperado, o teste de médias apontou diferenças significativas entre os genótipos, sendo, as reações mais evidentes, em termos de variações estatísticas se comparada com a primeira safra. No grupo de genótipos resistentes, tão somente, a linhagem L80 seguido das raças PARA 172, ARZM 05083 e as linhagens L76 e L63, apresentaram as menores severidades (Tabela 6). Vale ressaltar que todos os genótipos promissores na segunda safra, também estiveram presentes entre os melhores no grupo de acessos resistentes na primeira safra.

Para efeitos de comparações entre épocas, torna-se notório, pela análise estatística que, a segunda safra foi menos propícia à ocorrência da ferrugem polissora em comparação com a primeira safra, isto pode ser confirmado pela

reação dos genótipos mais resistentes e suscetíveis, como por exemplo, os genótipos mais resistentes L80 e PARA 172 passaram de 48,61% e 56,68 %, na primeira safra para 26,53% e 29,90% na segunda safra, respectivamente. Por outro lado, os genótipos mais suscetíveis L53 e L55 passaram, respectivamente, de 67,25 % e 65,14%, na primeira safra, para 69,06% e 69,51% na segunda safra. Porém, constata-se que apenas 45,94% dos genótipos na segunda safra, diferiram estatisticamente em relação à primeira safra. Assim, havendo pouca variação para os genótipos mais suscetíveis de uma época para outra, o fator época de cultivo não representou influência na severidade da ferrugem polissora para todos os genótipos (Tabela 6).

No que concerne à AACPD estimada para as avaliações com base na planta, segundo a análise estatística conjunta, não houve diferença significativa na interação Genótipo X Ambiente (Apêndice 1C). Portanto, a discussão dos resultados obtidos para esta variável passa a ser realizada pela média entre as duas épocas, (Tabela 6) sendo o efeito de genótipos significativo a 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 1C). 32,43% dos genótipos estudados apresentaram reações de resistência para a variável AACPD, desta forma, em relação ao teste de média observado na tabela 6, é possível verificar a formação de dois grupos estatisticamente distintos. No grupo de genótipos resistentes, composto por 32, 43% dos acessos estudados percebe-se que, de acordo com as instituições de desenvolvimento dos acessos têm-se: Provenientes da UENF as linhagens L63, L65, L66, L75, L76 e L80. Desenvolvidas da UEM, as linhagens P1 e P2 e provenientes do CIMMYT, as raças ARZM 05083, ARZM 07049, BOYA 462 e PARA 172.



Tabela 6. Severidade na planta e Área abaixo da curva do progresso da doença para ferrugem polissora (*P. polysora*) em primeira e segunda safra de milho pipoca.

Genótipos	Severidade média		AACPD
	Primeira safra	Segunda safra	
L51	66,69Aa	58,00Aa	830,51a
L52	60,28Aa	53,04Ab	736,96a
L53	67,25Aa	69,06Aa	903,95a
L54	61,95Aa	59,52Aa	786,79a
L55	65,14Aa	69,51Aa	893,23a
L59	64,17Aa	64,63Aa	860,21a
L61	65,84Aa	49,36Bb	775,75a
L63	53,34Ab	36,05Bd	607,83b
L65	59,17Ab	44,55Bc	680,66b
L66	51,39Ab	52,65Ab	643,18b
L70	58,10Ab	66,21Aa	797,61a
L71	58,63Ab	58,28Aa	753,48a
L75	51,99Ab	50,80Ab	638,80b
L76	51,40Ab	35,72Bd	552,39b
L77	64,46Aa	57,86Aa	811,03a
L80	48,61Ab	26,53Bd	480,52b
L88	61,67Aa	53,66Ab	758,42a
P1	57,88Ab	42,26Bc	673,70b
P10	66,41Aa	63,64Aa	863,64a
P2	56,95Ab	51,35Ab	693,05b
P3	65,84Aa	60,35Aa	839,33a
P4	64,17Aa	52,16Bb	775,13a
P5	63,92Aa	54,42Ab	782,29a
P6	66,39Aa	61,26Aa	845,94a
P7	66,39Aa	51,40Bb	791,99a
P8	66,97Aa	65,79Aa	881,24a
P9	66,11Aa	60,48Aa	845,62a
ARZM05083	53,07Ab	35,42Bd	568,17b
ARZM07049	60,59Aa	46,01Bc	703,56b
ARZM13050	63,35Aa	52,48Bb	767,67a
BOYA462	60,56Aa	46,38Bc	704,95b
BOZM260	63,34Aa	49,63Bb	751,13a
CHZM13134	58,42Ab	62,11Aa	786,76a
PARA172	56,68Ab	29,90Bd	577,21b
URUG 298 Amarelo	63,63Aa	45,80Bc	734,02a
URUG 298 Roxo	63,89Aa	45,77Bc	735,00a
IAC125	66,96Aa	55,97Bb	824,00a

\*Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal constituem grupo estatisticamente homogêneo; \* Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott Knott.

A análise de variância conjunta dos resultados para severidade foliar da ferrugem polissora, permitiu verificar diferenças significativas na interação Genótipo X Ambiente a 1% de probabilidade pelo teste F, bem como ausência de efeito de genótipos (Apêndice 1C), os resultados, portanto, foram discutidos em função de cada época separadamente. A avaliação da severidade foliar em primeira época (análise individual) apontou significância a 1% de probabilidade para efeitos de genótipos pelo teste F (Apêndice 3C). No entanto, o teste de médias, (Tabela 7) permitiu verificar que não houve diferença estatística entre os genótipos estudados na primeira safra. Porém, a linhagem L80 apresentou novamente a menor média, sendo a diferença de 9,80% se comparada ao genótipo mais suscetível L61 (Tabela 7). Por outro lado, na segunda safra, observou-se efeito de genótipos a 1% de significância pelo teste F (Apêndice 3C). O teste de médias apontou diferenças significativas entre os genótipos estudados ocorrendo formação de grupos de reação estatisticamente distintos. Novamente, nota-se a presença do genótipo L80 no grupo dos acessos mais resistentes, sendo o genótipo ARZM 05083 aquele que apresentou menor valor numérico seguido da raça PARA172 (Tabela 7). Em relação ao híbrido triplo IAC 125, este apresentou 16,9% de severidade a mais quando comparado com a raça ARZM 05083.

Na análise da influência de épocas de cultivo sobre a severidade média, a análise de variância denotou efeito de épocas a 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 1C), ocorrendo diferença significativa entre a época 01 e 02, correspondentes a primeira e segunda safra. Contrapondo aos resultados obtidos com base na avaliação da planta, a avaliação foliar para severidade média revelou a época 01 como a menos propícia ao ataque do fungo *Puccinia polyssora*. Entre os genótipos mais resistentes, a menor diferença observada ficou a cargo da raça ARZM 05083 com 21,86% seguido pela linhagem L80 com 22,43% entre a época 01 e 02 (Tabela 7). Possivelmente, os fatores climáticos que mais influenciaram a severidade da doença sejam a temperatura média e umidade relativa, as quais foram menos propícias ao desenvolvimento do patógeno na primeira safra em comparação a segunda safra, principalmente no período de transição entre o desenvolvimento vegetativo das plantas e o reprodutivo (Figura 2B e 2C). Santos et al. (2013) observaram aumento da

severidade de ferrugem (*Puccinia spp.*) em diferentes épocas de cultivo sobre as quais a umidade relativa exerceu grande influência.

Em relação à AACPD obtida para a severidade estimada na folha, a análise conjunta das safras apontou interação significativa entre Genótipos X Ambientes, bem como efeitos de Épocas e Genótipos a 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 1C). No entanto, pelo teste de médias na primeira safra, embora não tenha ocorrido diferença entre os genótipos, é digno de nota que, numericamente, a linhagem L80 apresentou o menor valor para o progresso da doença contrastando com o genótipo L61, com maior valor numérico (Tabela 7). Para a segunda safra, contudo, ocorreram efeitos de genótipos a 1% de probabilidade no teste F (Apêndice 3C). No entanto, devido a maior rigorosidade do teste Scott Knott, o teste de médias apontou diferenças significativas entre os genótipos, sendo ARZM 05083 o genótipo que apresentou menor progresso da ferrugem polissora ao longo do tempo, seguido dos genótipos L80 e PARA172, os quais não diferiram estatisticamente entre si (Tabela 7). Em relação ao híbrido triplo IAC 125, este apresentou diferença significativa e maior pré-disposição ao progresso da ferrugem polissora quando comparado aos genótipos mais resistentes supracitados.

Faz-se necessário enfatizar a similaridade entre os métodos aplicados na quantificação da severidade da ferrugem polissora, visto que, em ambos os métodos foi possível à discriminação dos mesmos genótipos como fontes de resistência. Silva et al. (2001) buscando maiores efeitos heteróticos na resistência a ferrugem polissora em linhagens de milho comum, lançaram mão dos dois métodos de avaliação da severidade. À semelhança do que foi observado nesta pesquisa, os autores fizeram menção das semelhanças dos resultados obtidos em função dos métodos aplicados.

Para fins de seleção fidedigna dos acessos para resistência à ferrugem polissora foram selecionados, quando possível, os genótipos resistentes em ambos os métodos de avaliação da severidade, em ambas as variáveis estudadas e para ambas as épocas de cultivo, os quais compreendem a linhagem L80 e as raças PARA 172 e ARZM 05083. A linhagem L80 foi desenvolvida na UENF, proveniente da cultivar Viçosa (Tabela 1) pertencente à Universidade Federal de Viçosa (MG) a qual é fruto do cruzamento de uma população local e híbridos norte-americano (Scapim et al., 2002). O trabalho de Arnhold (2008) objetivou a

predição de ganhos genéticos e seleção para resistência a doenças foliares sobre a cultivar Viçosa, visando melhoramento intrapopulacional, os resultados permitiram ao autor, indicar a cultivar Viçosa como fonte de resistência à ferrugem (*Puccinia sorghi*), tal fato pode explicar o bom desempenho da linhagem L80 como provável detentora de alelos de resistência.

As raças PARA 172 e ARZM 05083 são provenientes da CIMMYT, mas não possuem genealogia conhecida, contudo, em relação à raça PARA 172, pode-se inferir sobre o seu potencial na resistência a doenças foliares, visto que esteve sempre entre genótipos resistentes para a helmintosporiose comum e helmintosporiose maidis (Tabelas 2, 3, 4 e 5). Em relação à raça ARZM 05083 também é necessário observar seu desempenho em relação à resistência para helmintosporiose maidis (Tabelas 2 e 3).

Tabela 7. Severidade na folha e Área abaixo da curva do progresso da doença de ferrugem polissora (*P. polysora*) em primeira (EP1) e segunda (EP2) safra de milho pipoca.

Genótipo	Severidade Média				AACPD			
	Primeira safra		Segunda safra		Primeira safra		Segunda safra	
L51	6,19	Ba	42,94	Ab	87,9	Ba	798,0	Ab
L52	4,03	Ba	35,67	Ac	52,2	Ba	720,2	Ac
L53	7,70	Ba	52,38	Aa	117,3	Ba	900,0	Aa
L54	5,00	Ba	37,00	Ac	63,3	Ba	731,1	Ac
L55	11,48	Ba	52,95	Aa	179,7	Ba	892,9	Aa
L59	7,08	Ba	48,49	Aa	109,6	Ba	859,1	Aa
L61	12,26	Ba	36,65	Ac	194,4	Ba	720,3	Ac
L63	2,93	Ba	30,45	Ad	36,2	Ba	621,6	Ac
L65	5,91	Ba	33,11	Ad	77,2	Ba	674,4	Ac
L66	4,33	Ba	38,67	Ac	51,8	Ba	748,7	Ab
L70	6,25	Ba	39,81	Ac	77,8	Ba	800,0	Ab
L71	7,56	Ba	50,19	Aa	111,4	Ba	868,2	Aa
L75	5,41	Ba	36,11	Ac	68,6	Ba	708,7	Ac
L76	2,80	Ba	32,69	Ad	36,6	Ba	653,9	Ac
L77	4,88	Ba	38,23	Ac	71,6	Ba	741,2	Ab
L80	2,46	Ba	24,89	Ae	28,3	Ba	521,2	Ad
L88	6,94	Ba	43,14	Ab	96,8	Ba	775,2	Ab
P1	5,25	Ba	32,08	Ad	69,1	Ba	656,2	Ac
P2	4,80	Ba	35,87	Ac	57,8	Ba	704,8	Ac
P3	8,08	Ba	44,19	Ab	119,2	Ba	812,5	Ab
P4	5,80	Ba	32,45	Ad	74,6	Ba	654,2	Ac
P5	6,41	Ba	39,34	Ac	91,5	Ba	758,7	Ab
P6	6,59	Ba	40,39	Ac	89,8	Ba	771,1	Ab
P7	8,00	Ba	40,61	Ac	111,4	Ba	753,1	Ab
P8	9,47	Ba	47,07	Aa	139,7	Ba	844,3	Aa
P9	10,89	Ba	47,28	Aa	179,1	Ba	833,3	Aa
P10	7,03	Ba	50,48	Aa	110,0	Ba	872,7	Aa
ARZM05083	2,90	Ba	24,76	Ae	34,7	Ba	515,2	Ad
ARZM07049	6,49	Ba	33,00	Ad	77,1	Ba	668,9	Ac
ARZM13050	8,16	Ba	36,04	Ac	108,0	Ba	705,1	Ac
BOYA462	6,74	Ba	35,85	Ac	95,3	Ba	716,2	Ac
BOZM260	5,55	Ba	34,77	Ac	68,7	Ba	684,5	Ac
CHZM13134	5,47	Ba	38,06	Ac	80,7	Ba	749,6	Ab
PARA172	4,68	Ba	26,85	Ae	59,1	Ba	550,3	Ad
URUG 298 Amarelo	7,10	Ba	31,62	Ad	90,0	Ba	650,0	Ac
URUG 298 Roxo	6,22	Ba	33,53	Ad	75,4	Ba	686,0	Ac
IAC125	8,56	Ba	41,66	Ab	111,1	Ba	781,6	Ab

\*Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal constituem grupo estatisticamente homogêneo; \* Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott Knott.

## CONCLUSÕES

Com base nos diferentes métodos de avaliação da severidade e sob diferentes épocas de cultivo. Podem-se indicar os seguintes genótipos como promissores à resistência de doenças foliares do milho pipoca:

Para helmintosporiose maidis (*C. heterostrophus*) é possível apontar as raças PARA 172, ARZM 07049, BOYA 462, URUG 298 amarelo e ARZM 05083, as linhagens P2, P4, P7, L70, L71 e L63.

Para helmintosporiose comum (*S. seti*) destacam-se a raça PARA 172, as linhagens P7, P5, P3, P1, L75, L76, L71 e L61 e o híbrido IAC 125.

Para ferrugem polissora (*P. polissora*) é possível destacar as raças PARA 172 e ARZM 05083 e a linhagem L80.

## **3.2. AVALIAÇÃO DA INTENSIDADE DE PODRIDÕES DE ESPIGA CAUSADA POR *Fusarium* Spp. EM GENÓTIPOS DE MILHO PIPOCA**

### **3.2.1. INTRODUÇÃO**

Temas relacionados como a segurança alimentar de humanos e animais, bem como, a qualidade sanitária de sementes e grãos, aliados às preocupações dos produtores em relação aos índices de rendimento das culturas e melhor valorização comercial dos produtos de origem vegetal, tem sido cada vez mais discutidos. Neste contexto, sendo o milho utilizado como principal matéria prima em mais de 500 produtos derivados, tem atraído a atenção da Organização Mundial do Comércio em relação à contaminação fúngica e por micotoxinas em barreiras fitossanitárias.

Nestes termos, deve-se considerar que a avaliação da qualidade sanitária de grãos destinados à importação, *a priori*, deve ser reflexo do controle de qualidade exercido internamente no país, como o monitoramento de agentes contaminantes ainda em condições de campo. No entanto, é necessário destacar que a presença do fungo toxigênico não implica, necessariamente, em produção

de micotoxinas, a qual está em função de fatores ambientais como a flutuação de temperatura diurna e noturna (Pinto, 2005).

Deve-se considerar, ainda, que a presença de grãos atacados por fungos está entre os fatores que depreciam a qualidade final da pipoca, os quais limitam o potencial da capacidade de expansão enquanto principal parâmetro de avaliação da qualidade do milho pipoca (Sawazaki, 2001). Adicionalmente, a capacidade de expansão, está condicionada a fatores genéticos e a fatores extragenéticos, como as condições de campo, condições de colheita, pré-processamento, e armazenamento. A manutenção da umidade através das condições climáticas constitui um fator que contribui significativamente para o desenvolvimento de microrganismos que afetam a qualidade do produto (Ruffato et al., 1999).

Entre os fungos mais frequentes associados ao “complexo grãos ardidos”, estão os fungos do gênero *Fusarium* spp., os quais são responsáveis recorrentes pelo apodrecimento de grãos de milho, geralmente com produção de fumonisinas, micotoxina produzida pelos fungos do gênero *Fusarium* spp. (Hermanns et al., 2006). Além do perigo da contaminação por micotoxina, os efeitos do desenvolvimento fúngico incluem a redução na produtividade grãos e na qualidade do produto final, pois a ação fúngica sobre os grãos resulta na estagnação do mecanismo de carregamento de fotoassimilados destinados ao enchimento de grãos reduzindo o peso de espigas (Mendes et al., 2012).

Destarte, é notório que a qualidade dos grãos de milho é alterada ainda no campo, onde se dá o início da deterioração dos grãos, fato este, agravado pela prática de muitos produtores em deixar o milho secar naturalmente, postergando a colheita como medida de redução do custo pela secagem artificial enquanto as espigas ficam expostas às intempéries climáticas do meio.

Convenientemente, os fungos do gênero *Fusarium* spp., por ocasião da colheita podem apresentar, em alguns casos, maior incidência em condições de alta umidade e, em outros casos, altas incidências podem ser observadas independentemente de teores de umidade, demonstrando flexibilidade adaptativa e o potencial de deterioração pelo gênero *Fusarium* spp., após a maturidade fisiológica do milho (Marques et al., 2009).

Outras causas frequentemente associadas ao aumento da incidência de podridões de espiga e grãos é o aumento de doenças foliares atrelados às



condições climáticas favoráveis (Brito et al., 2012). Por isso, muitas vezes, o uso do controle químico tem sido a alternativa viável aos produtores na tentativa de garantir o mínimo de qualidade sanitária dos grãos exigido pelos órgãos ministeriais competentes (Juliatti et al., 2007). Por outro lado, a fim de que os produtores não se restrinjam as medidas convencionais do controle químico, acarretando problemas de ordens ambientais, de custo de produção e, também, de qualidade e segurança alimentar através dos resíduos químicos. O melhoramento genético de plantas visando à seleção e o desenvolvimento de cultivares de milho com resistência genética são as alternativas mais promissoras no controle de grãos ardidos (Pinto, 2007).

Pelo exposto, desenvolveu-se este estudo com o objetivo de avaliar e definir genótipos mais resistentes à podridão-rosada-da-espiga, doença ocasionada por *Fusarium* sp., por meio da quantificação da incidência e severidade dos sintomas e averiguar a implicação da ocorrência das podridões de espiga sobre a incidência de grãos podres (ardidos).

### 3.2.2. REVISÃO

#### 3.2.2.1. Podridões de espiga, causas e efeitos.

A qualidade sanitária dos grãos de milho pode ser comprometida, em virtude do ataque de agentes fúngicos, em pelo menos duas condições específicas, quais sejam: na pré-colheita, causando podridões de espiga, bem como a formação de grãos ardidos; e, em pós-colheita, com o surgimento de grãos mofados e embolorados, durante o processo de beneficiamento, armazenamento e transporte (Pinto, 2001; Casela et al., 2006).

A maioria das doenças que acometem a cultura do milho têm seus agentes causais transmitidos pelas sementes, sendo este, o meio mais importante e eficiente na propagação de fitopatógenos (Tanaka, 2001). Fungos que acometem o milho causando podridões do colmo estão sempre associados às podridões de espiga, tais patógenos podem migrar do colmo para a espiga favorecendo, assim, a incidência de grãos ardidos (Casela et al., 2007).

Tal qual ocorre em doenças foliares, às podridões de espiga são influenciadas por inúmeros fatores, compreendendo dentre outros aspectos, as condições climáticas favoráveis, o aumento das doenças foliares e a própria suscetibilidade genética ligada aos genótipos, sobre os quais, os patógenos causam injúrias (Brito et al., 2012). Entre as principais podridões de espiga de ocorrência no Brasil, encontra-se a podridão-rosada-da-espiga, cujo agente causal pertence ao gênero *Fusarium spp.*

A doença apresenta sintomas clínicos observados a partir de espigas com grãos de coloração rosa, distribuídos isoladamente ou em grupos, podendo apresentar grãos recobertos por micélio cotonoso de cor rosa ou, quando a infecção ocorrer tardiamente, a doença pode se caracterizar pelas inúmeras estrias brancas nos grãos (Sabato et al., 2013). Segundo autores essa podridão de espiga é favorecida especialmente por umidade entre as palhas da espiga devido à ocorrência de chuvas e temperaturas entre 21°C e 30°C.

A ocorrência de grãos ardidos é reportada como um reflexo direto em decorrência das podridões de espiga que acometem a cultura do milho (Pinto, 2001; Juliatti et al., 2007). O impacto de altas ocorrências dessas doenças implica em reduções de rendimentos e qualidades de grãos, portanto, atributos qualitativos e quantitativos da produção podem ser afetados, sendo que, comercialmente a presença de grãos ardidos reduz o potencial de valorização do produto no mercado (Casela et al., 2007).

Dada a relação entre podridão de espiga e deterioração de grãos, pesquisas têm reportado os danos mecânicos dos grãos de milho pipoca como fator que afeta significativamente a capacidade de expansão, por exemplo, danos ao pericarpo e ao endosperma (Ruffato et al., 1999; Sawazaki, 2001; Luz et al., 2005; Miranda et al., 2011).

Segundo Luz et al. (2005) para que haja estouro eficiente dos grãos de milho pipoca, é estritamente necessário que o grão de milho possua pericarpo íntegro, vez que essa estrutura é responsável por suportar a pressão interna da semente até que em determinada temperatura, a expansão do endosperma da pipoca se dê por completa. Em contrapartida, caso haja avaria do pericarpo, a expansão será seriamente comprometida, pois a pressão interna ideal poderá não ser atingida, causando restrição à expansão da pipoca (Luz et al., 2005).

### 3.2.2.2. Controle de qualidade e classificação comercial do milho pipoca.

Para fins de comercialização, padronização e controle de qualidade do milho pipoca no Brasil, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) através da Instrução Normativa nº 61 de 22 de dezembro de 2011 sob respaldo do Artigo 87, parágrafo único, inciso II, da Constituição, resolveu estabelecer no capítulo 2, Artigo 5, parágrafo II, a classificação em três tipos de milho pipoca, de acordo com a capacidade de expansão dos grãos e pelos limites máximos de tolerâncias, conforme Figura 7.

Valor máximo expresso em percentual (%)							Valor mínimo de Capacidade de expansão ml/g
Enquadramento	Grãos avariados		Grãos quebrados	Matérias Estranhas e Impurezas		Carunchados	
	Mofados e Ardidos	Total		Insetos Mortos	Total		
Tipo 1	0,20	2,00	2,00	0,30	1,00	1,50	30
Tipo 2	0,40	3,00	2,50	0,30	1,50	2,00	30
Tipo 3	0,60	4,00	3,00	0,30	2,00	2,50	30
Fora de Tipo	1,00	6,00	4,00	0,30	2,50	3,00	Menor que 30

Figura 7: Limites de tolerância estabelecidos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento para classificação comercial do milho pipoca. Fonte: Instrução Normativa Nº 61 de 22 de dezembro de 2011 do MAPA.

Na Instrução Normativa em questão, constam os valores máximos tolerados para grãos avariados, isto é, mofados e ardidos em porcentagens máximas de acordo com a classificação do tipo de milho pipoca, quais sejam: 2%, 3% e 4% para milho pipoca Tipo 1, Tipo 2 e Tipo 3, respectivamente. Adicionalmente, valores máximos tolerados para grãos quebrados, teor de pureza, grãos carunchados e valores mínimos exigidos de capacidade de expansão constam na Figura 7.

Apesar de muitos autores referirem-se aos grãos acometidos de doenças fúngicas como “Grãos Ardidos”, a Portaria nº 11 de 12 de abril de 1996, instituída pelo Ministério da Agricultura, Pecuária do Abastecimento e da Reforma Agrária,

no Artigo 1º da portaria em questão com o intuito de esclarecer os conceitos relativos ao grão de milho em anexo define:

- O grão de milho é considerado ardido quando estiver fermentado em mais de  $\frac{1}{4}$  de sua área total sendo o diagnóstico visual baseado no aspecto “queimado” dos grãos, ou seja, quando estes apresentarem alterações na coloração normal por ação de altas temperaturas dos secadores.

- O grão de milho é considerado mofado quando apresentar no todo ou em parte, fungo (bolor), visível a olho nu.

Uma observação que poderia alimentar a discussão sobre a causa das diferentes nomenclaturas em relação aos grãos atacados por fungos é a definição de grãos avariados observado na Instrução Normativa nº 61 de 22 de dezembro de 2011, a qual define grãos avariados como aqueles mofados e ardidos para fins de determinação de limites de tolerância no controle de qualidade do milho pipoca observados na Figura 7.

### **3.2.2.3. Micotoxinas, agentes contaminantes de risco.**

A presença de micotoxinas constitui em um dos graves problemas relacionados à ocorrência de podridões de espiga, bem como de grãos ardidos, causadas por fungos do gênero *Fusarium* spp. em lotes de grãos armazenados, seja para consumo humano ou como componente na formulação de ração animal. A presença de micotoxinas é, pois, um fator de ameaça à saúde e segurança alimentar dos organismos para os quais são destinados (Juliatti et al., 2007). Segundo os autores, os fungos do gênero *Fusarium* podem produzir entre outras micotoxinas: fumonisinas (*Fusarium moniliforme* e *F. subglutinans*), zearalenona (*Fusarium graminearum* e *F. poae*), vomitoxinas (*Fusarium moliniforme*) e toxina T-2 (*Fusarium sporotrichioides*).

Marques et al. (2009) com o objetivo de avaliar a incidência fúngica e contaminações por micotoxinas em grãos de milho, puderam constatar que a deterioração dos grãos de milho tem seu início ainda no campo, causa esta, alimentada pela prática dos agricultores brasileiros em colher tardiamente as lavouras com o intuito de aproveitarem a secagem natural dos grãos ainda na planta. Contudo, os autores concluíram que os fungos dos gêneros *Aspergillus*, *Fusarium* e *Penicillium* foram influenciados pelos teores de umidade nos grãos de

milho e que a antecipação da colheita do milho com a secagem a campo em período o mais breve possível, pode melhorar o rendimento do milho e preservar a qualidade sanitária dos grãos.

No processo de colonização dos grãos de milho, os fungos toxigênicos podem causar danos que se estendem desde a qualidade física dos grãos, como a descoloração natural, redução nos conteúdos de carboidratos e proteínas, até perdas qualitativas através da produção de micotoxinas, substâncias tóxicas, as quais são altamente nocivas à saúde humana e animal. Podendo causar doenças conhecidas como micotoxicoses; ademais, os perigos inerentes à toxidez de tais substâncias estendem-se aos consumidores secundários de carne, leite e produtos derivados de animais intoxicados (Pinto, 2005).

Stringhini et al. (2000) estudaram o efeito da qualidade do milho no desempenho de frangos de corte e observaram alterações em termos de peso para moela, fígado e baço, bem como lesões. Também constataram anomalias no aparelho locomotor pelo comprometimento da capacidade de absorção de cálcio e fósforo resultado da ação de micotoxinas. Os autores concluíram que as rações infestadas por fungos micotoxigênicos, e servidas às aves foram capazes de aumentar a incidência de alterações em suas funções hepáticas e no aparelho locomotor.

Entre os meios de controle de podridões de espiga e incidência de grãos ardidos o controle químico ainda é bastante empregado. O trabalho de Marques et al. (2012) permitiu concluir a efetividade no uso de fungicida para controle de grãos ardidos via aplicação foliar. No entanto, apesar da praticidade e eficiência, são inegáveis os impactos negativos dos defensivos agrícolas sobre o custo de produção do milho (Figura 1), sobretudo para segurança alimentar e meio ambiente. Em face disto, medidas alternativas simples de controle podem ser utilizadas, como rotação de culturas e manejo adequado de populações de plantas.

Neste sentido, Trento et al. (2002) estudaram o efeito da rotação de culturas sobre a incidência de grãos ardidos e notaram diferença significativa sobre as taxas de crescimento de podridões de espiga e de grãos ardidos entre os sistemas de rotação de cultura e monocultura, atribuindo maiores incidências dos gêneros *Fusarium* e *Diplodia* spp ao sistema de monocultura pela disponibilidade de fontes de inóculo, já que os fungos envolvidos sobrevivem

saproticamente em restos culturais. O trabalho de Casa et al. (2007), investigando a incidência de podridões de colmo, grãos ardidos e rendimento de grãos em híbridos de milho submetidos ao aumento na densidade de plantas, elucidou a relação entre o manejo de população de plantas e a ocorrência das doenças do milho.

Segundo Casa et al. (2007), o aumento na densidade de plantas é uma das maneiras para aumentar a interceptação da luz solar e, portanto, elevar o rendimento de grãos na cultura do milho; porém, tal prática pode favorecer a incidência de podridões de espiga e grãos ardidos, pois, maior densidade populacional de plantas resulta em acréscimo da competição intraespecífica por água, luz e nutrientes o que pode elevar a predisposição das plantas ao ataque de patógenos. Marques et al. (2012) investigaram a qualidade comercial de diferentes híbridos de milho em função do teor de água nos grãos durante a colheita, as informações obtidas lhes permitiram concluir que na obtenção de melhor qualidade física e sanitária dos grãos de milho, os teores de água deverão estar na faixa de umidade entre 22% e 26% (b.u).

#### **3.2.2.4. A resistência genética no controle de podridões de espiga.**

De forma análoga às doenças foliares, o controle de podridões de espiga a partir da seleção e desenvolvimento de cultivares resistentes, constitui a alternativa mais promissora (Pinto, 2007). A resistência genética pode congrega a praticidade, economia e menores riscos a segurança alimentar e ao meio ambiente. Segundo Mendes et al. (2012) genótipos de milho com alto teor de ácido linoleico, principal ácido graxo, bem como alta atividade da enzima lipoxigenase, possuem maior capacidade de resistirem ao ataque fúngico, resultando em menores índices de grãos ardidos na colheita.

Os pesquisadores acreditam que na oxidação do ácido linoleico, os aldeídos formados possuem ação fungitóxica, eliminando as hifas em desenvolvimento durante a colonização fúngica. Também foram evidenciadas diferenças nos teores de ácido linoleico entre os genótipos estudados, sendo que os maiores valores foram obtidos no grupo de genótipos considerados resistentes ao complexo de grãos ardidos. Pinto (2007) realizou avaliação da reação de 28 cultivares de milho sob infecção natural de agentes fúngicos na quantificação da

incidência de grãos ardidos. Os resultados apontaram diferenças significativas entre as cultivares de milho para produção de grãos ardidos, sendo a incidência de *Fusarium verticillioides* o principal fungo associado à podridão dos grãos.

### **3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.2.3.1. Genótipos e condições de cultivo**

Para avaliação de possíveis fontes de resistência à podridão-rosada-da-espiga causada por *Fusarium sp.* em condições naturais de infecção, foram utilizados 37 genótipos de milho pipoca contidos no Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (Tabela 1). A avaliação da reação dos genótipos foi realizada no campo experimental do Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes, região Norte do estado do Rio de Janeiro. A reação dos genótipos à podridão-rosada-da-espiga foi investigada em duas estações anuais distintas, correspondentes à primeira safra que ocorre entre os meses de outubro a março, e a segunda safra que ocorre entre os meses de maio a setembro. O campo experimental foi preparado mecanicamente via gradagem, com posterior sulcagem e adubação de fundação conforme indicações técnicas sob formulação 04-14-08 de NPK.

#### **3.2.3.2. Delineamento experimental e tratos culturais**

Ambos os experimentos foram implantados em blocos casualizados, entretanto, devido restrições de área, o experimento de primeira safra teve tamanho das unidades experimentais menores quando comparado ao experimento de segunda safra, portanto, na primeira safra os genótipos foram casualizados em linhas simples de 2 metros com 4 repetições totalizando 148 unidades experimentais. As sementes foram semeadas manualmente de forma que se obteve 11 plantas/linha com espaçamento de 0,2 x 0,9 metros entre plantas e linhas respectivamente, os tratos culturais incluíram desbastes das

plântulas 15 dias após emergência, controle de plantas espontâneas via capina, irrigação periódica com manutenção do solo sob capacidade de campo e adubações de cobertura a 30 e 45 dias após emergência segundo a formulação N-P-K: 20-0-20 com 300 kg/ha e 200 kg/ha de ureia, respectivamente. No experimento de segunda safra as unidades experimentais foram compostas de linhas de 3 metros com 16 plantas/linha semeadas manualmente sob espaçamento, adubação e demais tratos iguais ao experimento de primeira safra.

Na avaliação de doenças pós-colheita foi investigada a podridão de espiga de maior ocorrência em primeira e segunda safra de milho pipoca. As dificuldades para determinar o melhor momento para a colheita dos experimentos tiveram como causas principais a irregularidade de florescimento, vigor, precocidade e ciclo de vida inerente a cada genótipo. Portanto, aguardou-se o estado de “palha seca” das espigas entre todos os genótipos para então proceder à colheita do experimento, as espigas foram colhidas manualmente e secadas em estufa com circulação forçada de ar a 35°C por período de 120 horas. É necessário salientar que, o parâmetro de palha seca como critério de momento para colheita se deu apenas para o experimento de segunda safra. No primeiro experimento, devido ao grande número de experimentos já existentes no campo houve lotação dos secadores e estufas, portanto a colheita foi postergada em 30 dias.

### **3.2.3.3. Identificação do agente etiológico**

As parcelas colhidas tiveram suas espigas avaliadas individualmente, sendo devidamente identificadas as que apresentaram sintomas visuais de infecção dos grãos. As espigas cujos sintomas foram mais recorrentes entre as parcelas foram destinadas ao setor de patologia vegetal do Laboratório de Entomologia e Fitopatologia da UENF para identificação do agente causal. Ao todo, foram coletadas e fotografadas 22 espigas que passaram a representar 22 amostras.

Foram obtidas subamostras com a coleta de 16 grãos situados na periferia das lesões de cada espiga sintomática. A análise foi realizada conforme o método do papel filtro (*Blotter test*), sendo os grãos de cada subamostra, inicialmente desinfetados em solução de 5% de cloro e acondicionados em *gerbox* individual contendo duas camadas de papel filtro umedecidas periodicamente com água



destilada. As subamostras foram mantidas em temperatura ambiente  $\pm 25$  °C por um período de 07 dias, até que, foi observada a formação de colônias de fungos, após esporulação das colônias as estruturas reprodutivas foram analisadas em microscópio estereoscópico e identificadas. Posteriormente, foram tiradas fotos das colônias e comparadas às fotos dos sintomas das espigas a fim de correlacionar o agente causal e o seu respectivo sintoma visual.

#### 3.2.3.4. Avaliação das variáveis

Uma vez atribuído o sintoma visual ao fungo *Fusarium spp.*, as espigas restantes das parcelas obtidas a campo foram submetidas à análise de severidade. Para tanto, foi utilizada a escala diagramática para podridões de espiga causadas por *Fusarium*, proposta por CIMMYT (1985) com valores de 0%; 10%; 20%; 30%; e 40% segundo o nível de severidade da podridão (Figura 8).

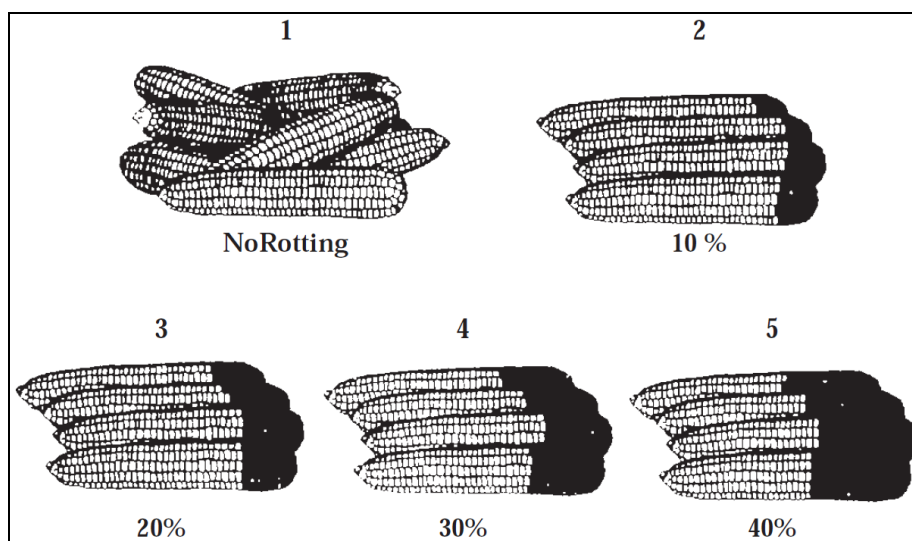


Figura 8: Escala diagramática para avaliações de podridões de espiga causadas por fungos do gênero *Fusarium spp.* (CIMMYT, 1985).

Avaliou-se, também, a incidência de grãos sintomáticos; para tal, após a debulha das espigas foram contadas duas amostras de 100 grãos que passaram a representar as amostras de trabalho. A incidência de grãos ardidos foi expressa em porcentagem, sendo determinada conforme os critérios para classificação do milho estabelecidos pela Portaria Nº 11 de 12 de abril de 1996 (Brasil, 1996). O

método consiste na segregação visual de grãos sintomáticos, apresentando descoloração em mais de  $\frac{1}{4}$  de sua superfície total.

Na quantificação da incidência de espigas podres, os valores foram expressos em porcentagem. Para tanto, utilizou-se o número total de espigas obtidas mediante a colheita de cada unidade experimental. Posteriormente, as espigas acometidas em mais de 50%, por ação de fungos causadores de podridões de espiga, foram contadas à parte, sendo a incidência de espigas podres o resultado da razão entre o número de espigas podres e o número total de espigas colhidas por parcela a campo vezes cem.

Na quantificação da incidência da podridão-rosada-da-espiga, depois de constatado o sintoma característico da doença, foram contadas, por unidade experimental, todas as espigas sintomáticas infectadas por *Fusarium* sp. A incidência foi obtida em porcentagem através da razão entre o número de espigas sintomáticas e o número total de espigas colhidas por parcela a campo vezes cem.

#### **3.2.3.5. Análise estatística**

As informações obtidas foram submetidas à análise de variância e, quando constatado diferença significativa, foi efetuado o teste de comparação múltipla de média, Scott-knott a 5% de probabilidade. Todas as análises foram efetuadas utilizando os recursos computacionais do *software* Genes (Cruz et al., 2013).

### **3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Os resultados da análise de variância conjunta entre épocas para incidência de espigas podres permitiram verificar ausência de significância na interação Genótipo X Ambiente (Apêndice 1D), isso implica em discutir os resultados em termos de médias entre as épocas. Os resultados da análise de variância conjunta apontaram efeito significativo de genótipos ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 1D). O teste de médias, portanto, possibilitou verificar a formação de dois grupos de reação à incidência de espigas podres. O

grupo de genótipos resistentes incluiu 83,78% dos acessos estudados: provenientes da UENF destacam-se as linhagens L53, L54, L59, L59, L61, L63, L65, L66, L70, L71, L76, L77 e L80; provenientes da UEM destacam-se as linhagens P1, P2, P3, P4, P5, P6, P7, P9 e P10; provenientes do CIMMYT, as raças ARZM 05083, ARZM 07049, ARZM 13050, BOYA 462, BOZM 260, CHZM 13134, PARA 172, URUG 298 Amarelo e URUG 298 Roxo manifestaram resistência à podridão de espiga, bem como o híbrido triplo IAC 125, proveniente do Instituto Agrônômico de Campinas (Tabela 8).

Em relação à variável Incidência de *Fusarium sp.*, observou-se diferenças significativas na interação Genótipo X Ambiente a 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 1D). No que diz respeito à primeira safra, verificou-se pela análise de variância individual que houve efeito significativo de genótipos ao nível probabilístico de 1% pelo teste F (Apêndice 2D). O teste de médias, portanto, denotou diferenças significativas entre genótipos resistentes e suscetíveis com formação de quatro grupos estatisticamente distintos, sendo o grupo de genótipos resistentes à ocorrência da doença composto 18,92% dos genótipos estudados quais sejam: provenientes da UENF as linhagens L80, L65, L70; proveniente da UEM, não houve genótipos resistentes por ocasião da primeira safra; proveniente do CIMMYT destacam-se as raças PARA 172, URUG 298 Amarelo, URUG 298 Roxo e o híbrido triplo IAC 125 o Instituto Agrônômico de Campinas (Tabela 8).

A análise de variância por época permitiu verificar efeito de genótipo a 1% de probabilidade pelo teste F na segunda safra (Apêndice 2D). O teste de médias demonstrou as diferenças significativas entre os genótipos investigados com formação de três grupos de reação. O grupo de genótipos mais resistentes correspondeu a 86,48% dos genótipos estudados, sendo os demais suscetíveis à ocorrência do fungo do gênero *Fusarium spp.* Proveniente da UENF destacam-se as linhagens L53, L54, L55, L59, L61, L63, L65, L66, L70, L71, L76, L77 e L80; todos os acessos provenientes da UEM apresentaram resistência a incidência de *Fusarium sp.* na segunda safra. Quanto aos acessos provenientes do CIMMYT, destacam-se as raças ARZM 05083, ARZM 07049, BOYA 462, BOZM 260, CHZM 13134, PARA 172, URUG 298 Amarelo e URUG 298 Roxo. Também manifestou resistência o híbrido triplo IAC 125 (Tabela 8).

Para a variável severidade de *Fusarium sp.* sobre as espigas, verificaram-se diferenças significativas para efeito de genótipos a 1% de probabilidade pelo

teste F (Apêndice 2D) em ambas as épocas de cultivo. Em relação à primeira safra, pelo teste de médias, houve a formação de dois grupos estatisticamente distintos quanto à severidade da podridão-rosada-da-espiga. O grupo de genótipos resistentes compôs-se de 32,43% dos genótipos estudados, sendo que as variações entre genótipos resistentes e suscetíveis atingiram 82,68% entre os genótipos BOYA 462 e L55, respectivamente (Tabela 8).

Em relação à segunda safra, o teste de médias possibilitou a formação de grupos estatisticamente distintos, entre os quais, o grupo de genótipos mais resistentes incluiu 37,84% dos acessos estudados que responderam positivamente à severidade de *Fusarium* sp. A variação mais contundente entre genótipos resistentes e suscetíveis alcançou a 71,19% (Tabela 8).

Para indicação fidedigna de genótipos promissores à resistência a podridões de espiga, principalmente aquelas causadas por *Fusarium* sp., faz-se necessária a concatenação dos fatores que influenciam a ocorrência e severidade das doenças pós colheita. Assim, considerando as três variáveis simultaneamente e as épocas de cultivo espera-se que as L65, L80 e o híbrido triplo IAC 125 sejam detentores de alelos favoráveis de resistência a podridões de espiga como as causadas pelos fungos do gênero *Fusarium* sp.

Considerando a genealogia dos genótipos promissores a linhagem L65 é proveniente da cultivar melhorada BRS Ângela (Tabela 1). Pacheco et al. (2005) avaliando ciclos de seleção da BRS Ângela observaram que, até o ciclo VI de seleção, a variedade BRS Ângela demonstrou níveis superiores de sanidade de espigas quando comparada às testemunhas IAC 112 e Zélia. Tal fato pode indicar a congregação de alelos favoráveis à resistência as doenças de espiga para linhagens extraídas da cultivar melhorada BRS Ângela como no caso da linhagem L65.

A linhagem L80, por outro lado, foi extraída da população Viçosa (Tabela 1). Miranda et al. (2003) ao realizarem inferências sobre o potencial de cultivares de milho pipoca, submeteram a variedade Viçosa à avaliação quanto a características agronômicas e, em se tratando da porcentagem de espigas doentes, a cultivar Viçosa apresentou resistência mediana igual a 20% em relação às demais cultivares investigadas sob o intervalo de 10% a 30%.

Quanto ao híbrido triplo comercial IAC 125, as estimativas de sanidade de espigas possivelmente estejam vinculadas ao bom desempenho *per se* do

genótipo. Sawazaki et al. (2012), avaliando o desempenho de híbridos de milho pipoca, observaram porcentagens de espigas doentes para o híbrido triplo IAC 125 inferiores a 3%, valor bem abaixo aos observados nesse estudo.

No que diz respeito às épocas de cultivo, observaram-se diferenças estatísticas entre a primeira e segunda safra para todas as variáveis estudadas, sendo a primeira safra mais propícia ao comprometimento da sanidade das espigas em praticamente 100% dos genótipos avaliados (Tabela 8). Possivelmente, o fator que melhor explica os resultados obtidos, diz respeito ao tempo de espera das plantas no campo para a colheita, visto que, o experimento de primeira safra permaneceu 30 dias a mais no campo do que o experimento de segunda safra. Marques et al. (2009) estudando a ocorrência de fungos dos gêneros *Fusarium*, *Aspergillus* e *Penicillium* em milho comum, em primeira e segunda safra, concluíram que a antecipação da colheita, seguida de beneficiamento, podem contribuir para melhor qualidade sanitária dos grãos, pois, segundo os autores, a deterioração do produto inicia-se no campo, nas espigas.

Tabela 8. Incidência de espigas podres, incidência e severidade da podridão-rosada-da-espiga em primeira e segunda safra de milho pipoca

GENÓTIPOS	Incidência de espigas podres	Incidência de <i>Fusarium</i> sp.		Severidade de <i>Fusarium</i> sp.	
		1ª Safra	2ª Safra	1ª Safra	2ª Safra
L51	62,69 a	100,00 A a	50,11 B a	71,00 A a	79,54 A a
L52	47,91 a	90,48 A a	35,72 B b	89,33 A a	59,17 A a
L53	30,38 b	87,20 A a	19,97 B c	91,67 A a	43,75 B b
L54	20,39 b	65,21 A b	17,86 B c	88,58 A a	59,17 A a
L55	40,03 a	95,83 A a	11,31 B c	100,00 A a	43,75 B b
L59	24,52 b	89,59 A a	12,73 B c	93,23 A a	58,33 A a
L61	25,89 b	70,00 A b	9,82 B c	80,00 A a	70,00 A a
L63	19,78 b	37,34 A c	18,02 A c	67,50 A a	28,75 A b
L65	8,03 b	20,96 A d	9,90 A c	47,50 A b	26,25 A b
L66	18,08 b	46,49 A c	8,85 B c	67,69 A a	33,33 A b
L70	12,30 b	25,64 A d	9,98 A c	75,63 A a	59,75 A a
L71	14,87 b	37,91 A c	3,57 B c	48,54 A b	25,00 A b
L75	45,06 a	83,33 A a	49,11 B a	100,00 A a	72,92 A a
L76	20,80 b	59,66 A b	13,19 B c	60,83 A b	56,88 A a
L77	18,25 b	43,33 A c	14,92 B c	49,59 A b	24,38 A b
L80	5,42 b	11,82 A d	3,57 A c	40,00 A b	25,00 A b
L88	51,78 a	97,50 A a	67,31 B a	69,03 A a	63,61 A a
P1	30,04 b	70,83 A b	18,13 B c	97,29 A a	23,50 B b
P2	18,10 b	69,36 A b	25,54 B c	72,71 A a	64,96 A a
P3	29,89 b	42,55 A c	14,26 B c	76,15 A a	48,33 A b
P4	11,50 b	52,58 A c	14,38 B c	67,29 A a	69,58 A a
P5	18,95 b	64,76 A b	24,04 B c	66,74 A a	64,21 A a
P6	24,26 b	51,94 A c	20,14 B c	37,68 A b	55,79 A a
P7	13,01 b	57,55 A b	14,14 B c	75,00 A a	62,71 A a
P8	51,82 a	35,60 A c	25,99 A c	54,44 A b	65,94 A a
P9	18,89 b	44,16 A c	14,77 B c	57,06 A b	82,29 A a
P10	15,30 b	60,57 A b	24,13 B c	71,97 A a	78,33 A a
ARZM 05083	12,28 b	42,64 A c	6,89 B c	67,50 A a	41,25 A b
ARZM 0749	22,91 b	46,29 A c	23,82 A c	63,67 A a	84,32 A a
ARZM 13050	31,87 b	73,76 A b	31,95 B b	75,58 A a	49,50 A b
BOYA 462	13,32 b	40,63 A c	15,57 B c	17,32 B b	78,75 A a
BOZM 260	11,85 b	36,26 A c	4,85 B c	72,17 A a	66,25 A a
CHZM 13134	24,88 b	41,39 A c	24,59 A c	88,33 A a	72,92 A a
PARA 172	11,79 b	19,71 A d	13,46 A c	43,75 A b	71,46 A a
URUG 298 Amarelo	14,55 b	31,41 A d	17,64 A c	43,39 A b	57,08 A a
URUG 298 Roxo	9,84 b	20,06 A d	4,55 A c	86,17 A a	13,13 B b
IAC 125	12,37 b	31,92 A d	16,01 A c	53,19 A b	44,92 A b

\*Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal constituem grupo estatisticamente homogêneo; \* Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott Knott.

Em relação à incidência de grãos avariados a análise conjunta de épocas denotou interação significativa entre genótipos a 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 1D), sendo o efeito de genótipo notado em ambas as épocas de cultivo a 1% de probabilidade pelo teste F (Apêndice 2D).

Pelo teste de médias, verificou-se, na primeira safra, a formação de grupos estatisticamente distintos. No grupo de genótipos mais resistentes à ocorrência de grãos avariados 70,27% dos genótipos estudados demonstraram índices de contaminação abaixo de 30%. Em relação aos genótipos mais suscetíveis, 13,51% apresentaram contaminação entre 50,83% e 69,5% de grãos podres. Considerando a mesma variável na segunda safra, o teste de médias não apontou diferenças significativas entre os genótipos (Tabela 9).

O fator época de cultivo, no entanto, alterou significativamente os índices de contaminação por grãos avariados, tornando notório o efeito de épocas (Apêndice 1D). A primeira safra, de modo geral, favoreceu a ocorrência de grãos podres para todos os genótipos estudados e, desta forma, todos os acessos avaliados apresentaram valores acima dos limites máximos de tolerância para classificação comercial (Figura 7).

A segunda safra favoreceu significativamente a qualidade sanitária dos grãos em 54,05% dos genótipos avaliados quando comparados à primeira safra. No entanto, o enquadramento dentro dos limites máximos de tolerância comercial estabelecido pelo MAPA, não se aplicam necessariamente a todos os genótipos que apresentaram reduções significativas de grãos avariados da primeira safra para a segunda safra, por exemplo, as linhagens L51, L52 e L75, apresentaram reduções significativas entre épocas, contudo, seus menores valores de incidência de grãos avariados não atenderam os requisitos mínimos de tolerância estabelecidos. Todavia, por ocasião da segunda safra, 54,05% dos genótipos enquadraram-se no tipo 01, com variações de 0% a 1,75% de grãos avariados; 21,62% enquadraram-se no tipo 02, com variações de 2,12% a 2,87% de grãos avariados e 16,21% dos genótipos estudados enquadraram-se no tipo 03, com variações de 3% a 4,5% de grãos avariados (Tabela 9).

A semelhança dos resultados obtidos para sanidade de espigas, o fator época foi o que mais influenciou os resultados para grãos avariados (Tabela 9). Segundo Pinto (2005), os grãos avariados (ardidos) são o reflexo das podridões de espiga causadas, sobretudo pelos fungos, ainda no campo. Destarte, verificou-

se que os genótipos L65, L80 e IAC 125, que melhor se sobressaíram às podridões de espiga também estiveram presentes no grupo de genótipos mais resistentes à incidência de grãos avariados (Tabelas 8 e 9).

Tabela 9. Incidência de grãos avariados (ardidos) entre genótipos de milho pipoca em primeira e segunda safra.

Genótipos	Incidência de grãos ardidos			
	Primeira Safra		Segunda Safra	
L51	69,500	A a	13,375	B a
L52	50,833	A a	6,000	B a
L53	44,375	A b	3,000	B a
L54	23,125	A c	2,500	B a
L55	65,655	A a	3,750	B a
L59	41,750	A b	3,000	B a
L61	19,250	A c	0,500	A a
L63	12,750	A c	1,375	A a
L65	10,750	A c	1,250	A a
L66	24,375	A c	1,750	B a
L70	15,750	A c	0,375	A a
L71	29,375	A c	0,625	B a
L75	56,168	A a	8,125	B a
L76	40,500	A b	1,500	B a
L77	14,875	A c	1,125	A a
L80	23,125	A c	0,375	B a
L88	57,500	A a	3,625	B a
P1	37,875	A b	4,500	B a
P10	18,875	A c	2,875	A a
P2	24,000	A c	2,875	B a
P3	19,125	A c	0,000	A a
P4	8,625	A c	1,250	A a
P5	24,875	A c	1,375	B a
P6	10,375	A c	1,250	A a
P7	23,125	A c	2,125	B a
P8	8,750	A c	3,500	A a
P9	10,375	A c	0,250	A a
ARZM05083	9,875	A c	0,750	A a
ARZM07049	12,625	A c	2,875	A a
ARZM13050	27,375	A c	2,375	B a
BOYA462	36,500	A b	0,125	B a
BOZM260	12,875	A c	0,000	A a
CHZM13134	35,250	A b	0,750	B a
PARA172	6,500	A c	0,250	A a
URUG 298 Amarelo	9,750	A c	2,875	A a
URUG298 Roxo	21,375	A c	0,500	B a
IAC125	12,250	A c	2,750	A a

\*Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal constituem grupo estatisticamente homogêneo; \* Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott Knott.



### **3.2.5. CONCLUSÕES**

Com base nos resultados obtidos, conclui-se que nas avaliações em diferentes épocas, a despeito dos diferentes períodos de colheita, os genótipos L65, L80 e IAC125 possuem maiores resistências à incidência e severidade da podridão-rosada-da-espiga. O cultivo de milho pipoca, com período de espera prolongado para a colheita afeta negativamente a qualidade sanitária das espigas.

### **3.3. DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MILHO PIPOCA**

#### **3.3.1. INTRODUÇÃO**

Os programas de melhoramento de milho pipoca têm implementado diferentes estratégias no intuito de aumentar, ou mesmo melhorar as características de interesse comercial da cultura, como capacidade de expansão, produtividade e tolerância a doenças (Scapim et al., 2010). Dentre as estratégias utilizadas para tanto, destacam-se os programas de seleção recorrente intrapopulacional e exploração de heterose por meio de cruzamentos (Colombo et al., 2014; Ribeiro, 2015).

Na exploração da heterose, o vigor híbrido é o principal fator de interesse do melhorista. Quando se almeja combinações híbridas superiores às médias de seus genitores para uma mesma característica específica, a identificação de populações ou variedades divergentes torna-se especialmente necessária, pois pode garantir o sucesso dos programas de melhoramento. Valores expressivos da heterose para um caráter específico são obtidos em combinações híbridas, nas quais os genitores apresentem grandes diferenças entre as frequências gênicas de uma dada característica (Paterniani et al., 2010).

No melhoramento intrapopulacional, em que se agregam ganhos *per se* em populações, a variabilidade genética constitui fator que pode indicar o sucesso nos métodos utilizados. Vale salientar que, apesar dos notáveis avanços da cultura do milho pipoca no Brasil, o número de cultivares disponíveis que reúnam atributos agrônômicos de interesse ainda é pequeno, tal fato, faz do melhoramento intrapopulacional uma alternativa promissora (Scapim et al., 2010).

Portanto, o estudo da divergência genética por meio de características morfológicas e agrônômicas tem papel importante na avaliação de acessos e populações em bancos ativos de germoplasmas, seja no processo de escolha de genitores para posteriores combinações híbridas ou em determinar e orientar escolhas de melhores populações com base em índices de seleção que reúnam todas as características de interesse (Resende et al., 2014).

O uso de cruzamentos dialélicos e suas avaliações na quantificação da heterose constitui um trabalho difícil, em virtude das múltiplas combinações em função do grande número de genitores que podem estar envolvidos (Freitas Júnior et al., 2006). Nesta situação, os métodos de avaliação preditiva para quantificação da heterose, têm merecido destaque, pois ao contrário dos métodos quantitativos baseiam-se nas diferenças morfológicas, fisiológicas e mesmo moleculares dos pais, e, portanto, podem dispensar a obtenção das combinações híbridas para aferição da heterose (Cargnelutti Filho et al., 2008)

Neste capítulo objetivou-se: i) avaliar a divergência genética entre 37 genótipos de milho pipoca do banco de germoplasmas da UENF; e ii) identificar grupos divergentes que reúnam características agrônômicas de interesse e que congreguem maior efeito heterótico em cruzamentos posteriores e, portanto, evitem dispêndios financeiros, de materiais de consumo e mão-de-obra em cruzamentos que não garantam resultados satisfatórios.

### **3.3.2. REVISÃO**

#### **3.3.2.1. Melhoramento genético de milho pipoca da UENF**

Os problemas de disponibilidade de sementes e de cultivares que reúnam boas características agronômicas, bem como o lançamento de novas cultivares no mercado, foram necessidades observadas por Pacheco et al. (1998) para que a cultura do milho pipoca alcance status de relevância no agronegócio brasileiro.

Tais autores atribuíram aos reduzidos índices de investimento em pesquisa e a falta de legislação para regulamentar a comercialização dos grãos, as principais causas da baixa qualidade da pipoca produzida no Brasil. A esse respeito, alguns programas de melhoramento de milho pipoca desenvolvidos por instituições públicas e citados por Vittorazzi et al. (2013), como a Empresa de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), o Instituto Agronômico de Campinas (IAC), a Universidade Federal de Viçosa (UFV), a Universidade Estadual de Maringá (UEM) e a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), têm dispendido esforços com o intuito de reverter o cenário hodierno da cultura do milho pipoca enquanto alvo de pesquisas no Brasil.

A partir de 1998, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro tem atuado em duas vertentes principais, a saber: i) aplicação de seleção recorrente na população UNB-2U, como método de elevar a frequência dos alelos favoráveis; e ii) implementação de cruzamentos dialélicos na fomentação de híbridos superiores e desenvolvimento de compostos, cujos resultados das pesquisas já possibilitaram a classificação de pré-cultivares como UNB2U-C5 e  $P_1 \times P_7$ , as quais possibilitaram o registro e lançamento de duas cultivares no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (Amaral Júnior et al., 2013).

Pereira e Amaral Júnior (2001) estimaram componentes genéticos aditivos e não aditivos para características de rendimento de grãos e capacidade de expansão em relação à variedade de polinização aberta UNB-2U, por meio da implementação de Delineamento I, de Comstock e Robinson (1948). Os resultados previram o grande potencial de melhoramento intrapopulacional para a população UNB-2U no desenvolvimento de uma nova variedade, com a implementação de seleção entre progênies de irmãos-completos e famílias  $S_1$ .

Freitas Júnior et al. (2006) exploraram em seu trabalho, o potencial heterótico em combinações híbridas por meio da estimativa de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em dez populações de milho pipoca do Banco de Germoplasma da UENF por meio de dialelo circulante. Os resultados permitiram aos autores concluir sobre o

potencial de seleção de híbridos intervarietais entre as populações PR-Ervália x BRS Ângela e UNB2U-C1 x BRS Ângela, bem como confirmaram os estudos de Pereira e Amaral Júnior. (2001) sobre o potencial de ganhos em seleções intrapopulacionais no composto UNB2U-C1.

Ribeiro, (2015) avaliando o impacto da seleção recorrente na variabilidade genética sobre a população de milho pipoca UENF -14 estimou a quantificação de ganhos nos diferentes ciclos de seleção para capacidade de expansão e rendimento de grãos. Para capacidade de expansão, os ganhos do ciclo um ( $C_1$ ) ao ciclo sexto ( $C_6$ ) corresponderam respectivamente a 16,78%; 0,00%; 13,31%; 4,78%; 13,03% e 14,14%. Para o ciclo dois ( $C_2$ ) cujo ganho predito foi zero, sendo a magnitude média no ciclo anterior ( $C_1$ ) a possível causa que explica o resultado. Quanto a rendimento de grãos, os ganhos do ciclo um ( $C_1$ ) ao ciclo sexto ( $C_6$ ) foram de 17,11%; 10,19%; 6,11%; 0,93%; 4,00% e 2,25% respectivamente.

Mais recentemente, um importante resultado foi obtido em resposta ao empenho do programa de melhoramento genético de milho pipoca da UENF. Por ocasião do quinto ciclo de seleção recorrente da população UNB-2U derivada da população UNB-2 após dois ciclos de seleção massal realizados na cidade de Campos dos Goytacazes, norte do estado do Rio de Janeiro, foi lançada a nova cultivar de polinização aberta UENF-14 com registro no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (Amaral Júnior et al., 2013)

### **3.3.2.2. Importância da variabilidade genética e seus métodos de avaliação**

O conhecimento da diversidade genética de plantas cultivadas é de suma importância nos programas de melhoramento genético vegetal. Segundo Miranda et al. (2003) as análises de distâncias genéticas em sua relação com a heterose são úteis na predição de ganhos, viabilizando a manutenção ou incremento de vigor. Para Rotili et al. (2012), o conhecimento da divergência genética fornece importantes informações para a escolha de genitores, possibilitando sucesso em cruzamentos que proporcionem melhor complementação alélica na progênie, bem como no aumento das chances de obtenção de genótipos superiores em posteriores gerações segregantes. Segundo Hallauer e Miranda Filho (1987), altas médias e ampla variabilidade genética das características de interesse devem

estar presentes em populações de milho destinadas ao melhoramento genético. Portanto, a obtenção de germoplasmas superiores que reúnam alelos favoráveis e de resistência é de grande importância para os programas de melhoramento (Silveira et al., 2006).

No que diz respeito à interpretação das características que diferenciam cada genótipo, tendo em vista a quantificação da heterose, existem duas maneiras de se fazer inferências sobre a divergência genética, a saber: de maneira quantitativa e de maneira preditiva. As inferências de natureza quantitativa são realizadas principalmente por meio de análises dialélicas, pois possibilitam a determinação da capacidade geral de combinação (CGC), bem como a capacidade específica de combinação (CEC) entre os híbridos obtidos. No entanto, a depender da estrutura reprodutiva de algumas culturas, a polinização manual torna-se onerosa ou, mesmo, inviável na obtenção de sementes híbridas pela necessidade de avaliações de “p” genitores e de todas as combinações possíveis em  $p(p-1)/2$  (Ferreira et al., 1995; Cruz et al., 2012).

Em relação à inferência de natureza preditiva, como o próprio nome já sugere, baseia-se na estimação da heterose de forma preditiva às combinações híbridas e, portanto, dispensam tais combinações para aferir o efeito heterótico (Cargnelutti Filho et al., 2008). Assim, uma vantagem contida nesta forma de inferência é a capacidade que o melhorista recebe para concentrar seus esforços e recursos apenas em combinações que lhes são mais promissoras, pois a heterose refletida nos híbridos relaciona-se diretamente com a divergência genética dos genitores que lhes deu origem (Falconer, 1981). Adicionalmente, as inferências de natureza preditiva baseiam-se nas diferenças morfológicas, de qualidade nutricional, fisiológicas e moleculares, as quais são mensuradas em alguma medida de dissimilaridade que melhor expresse o grau de diversidade genética entre os genitores (Cruz et al., 2012).

Segundo Cargnelutti Filho et al. (2008), dentre os métodos preditivos, a análise de agrupamento tem merecido destaque, em virtude de apresentar a finalidade de reunir – obedecendo determinado critério de classificação – os progenitores em grupos, de forma que haja homogeneidade dentro de cada grupo e heterogeneidade entre os grupos formados, sendo portanto, ideal na identificação dos genótipos divergentes e agregando maior probabilidade de sucesso em cruzamentos posteriores.

No entanto, os autores ressaltam que os métodos de agrupamentos e as medidas de dissimilaridades, utilizados, devem garantir ao melhorista segurança na seleção de genitores em cruzamentos. Para concordância entre métodos de agrupamentos empregados, a escolha do procedimento deve considerar aquele de simples execução e fácil interpretação. Caso exista discordância entre os métodos, a escolha de genitores deve considerar o método mais eficiente.

Assim, os estudos das análises de agrupamentos envolvem, *a priori*, o estabelecimento de uma medida de dissimilaridade ou similaridade entre as observações estudadas com o objetivo de, posteriormente, dividir o dado grupo de observações em vários grupos homogêneos por meio das técnicas de agrupamentos (Cruz, 1990, citado por Paixão et al., 2008). Entre as medidas de dissimilaridade mais amplamente empregadas na quantificação das distâncias genéticas destaca-se a distância generalizada de Mahalanobis (Simon et al., 2012), porém somente possível de ser inferida em experimentos com repetições, de modo que possa ser estimada a matriz de variâncias e co-variâncias residuais entre as características. No entanto, a distância Euclidiana média padronizada também é destacada por Cargnelutti Filho et al. (2008), como uma opção, neste caso, quando se tem experimentos sem repetições.

Segundo Rocha et al. (2010) a análise conjunta de variáveis de diferentes naturezas, isto é, quantitativos e qualitativos pode fornecer melhor indicação da potencialidade da variabilidade genética contida em bancos de germoplasma, em contrapartida, a análise conjunta das variáveis de natureza quantitativa e qualitativa constitui fator de dificuldade tanto na análise quanto na interpretação dos resultados, sobretudo por desconhecimento de opções de medidas de distâncias e, mesmo, de técnicas de agrupamento adequadas para tanto, além da falta de softwares de uso livre com tal aplicação (Amaral Júnior et al., 2010).

Destarte, uma medida de dissimilaridade adequada para a avaliação conjunta de diferentes tipos de características, é o algoritmo de Gower (1971), a qual tem sido uma técnica de reconhecida importância entre os poucos trabalhos publicados envolvendo recursos genéticos vegetais principalmente por permitir a análise simultânea características quantitativas e qualitativas (Amaral Júnior et al., 2010). Moura et al. (2010) procederam à análise de diversidade genética entre acessos de pimenta com base em 43 descritores, dos quais 37 eram de natureza qualitativa e 07 eram de natureza quantitativa.

A estimativa da matriz de distância genética realizada por meio de análise conjunta das características envolvidas por meio do algoritmo de Gower permitiu a adequada observação de variabilidade genética entre os acessos de pimenta estudados. Ademais, segundo os autores, a análise conjunta das variáveis de natureza qualitativa e quantitativa permitiu a unificação de todas as informações em apenas uma figura, o que resultou em maior eficiência na determinação da divergência genética. Foram atribuídas à técnica, viabilidade e confiabilidade para estudo de variabilidade em bancos de germoplasma.

Quintal et al. (2012) realizaram análise simultânea de variáveis quantitativas e qualitativas de 46 acessos de mamoeiro, objetivando quantificação da variabilidade genética e a elucidação quanto a eficiência da análise conjunta dos descritores na estimação da diversidade genética. A discussão dos autores, em relação aos resultados obtidos lhes permitiram concluir de forma favorável pela eficiência do algoritmo de Gower enquanto medida de dissimilaridade entre os acessos de mamoeiro avaliados, evidenciando variabilidade genética para a maioria dos caracteres morfoagronômicos estudados.

Em relação aos métodos de agrupamento de otimização, destaca-se o procedimento de Tocher, extensivamente utilizado em análises de divergência de milho comum (Paixão et al., 2008; Coimbra et al., 2010) e milho pipoca (Miranda et al., 2003; Arnhold et al., 2010). Neste sentido, Rotili et al. (2012) realizaram análise de divergência genética em genótipos de milho, aplicando na técnica de agrupamento dos genótipos, a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade e o método Aglomerativo de Otimização de Tocher em comparação com o método Hierárquico do Vizinho Mais Próximo. Os resultados indicaram o método de Tocher como aquele que representou maior rigor na diferenciação entre genótipos por permitir visualizar a formação de poucos grupos entre as populações estudadas.

Ferreira et al. (1995) procederam à avaliação integrada da divergência genética em milho comum por meio dos métodos preditivos (avaliação da divergência dos pais) e análise da divergência por meio do método quantitativo (avaliações das estimativas das médias de cruzamentos dialélicos). Os autores utilizaram, ainda, como técnica de agrupamento o método aglomerativo do vizinho mais próximo e a distância de Mahalanobis como medida de dissimilaridade. Os resultados obtidos confirmaram que a avaliação da divergência genética, por meio



das técnicas multivariadas pelo método preditivo, possibilitaria a predição fidedigna dos melhores cruzamentos, evitando a realização da maioria dos cruzamentos dialélicos, resultando em economia de tempo, esforços e materiais.

O Método da Ligação Média Entre Grupos ou UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages) é uma técnica de agrupamento hierárquico, caracterizada por utilizar médias aritméticas não ponderadas provenientes das medidas de dissimilaridade (Cruz et al., 2012). Este método tem sido comumente utilizado em análises de divergência genética como técnica de agrupamento entre genótipos de diversas espécies de plantas cultivadas, incluindo, quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro (Karasawa et al., 2005); híbridos de batata (Silva et al., 2008); acessos de pimenta (Faria et al., 2012); genótipos de milho (Simon et al., 2012); acessos de mamoeiro (Quintal et al., 2012; Vivas et al., 2015) e acessos de feijoeiro (Gonçalves et al., 2014).

Campos et al. (2010) estudando acessos de mandioca procederam a comparação entre os métodos de agrupamentos UPGMA e de Otimização de Tocher. Os autores constataram a existência de similaridade entre os dois métodos utilizados e atentaram para o fato de que, apesar do método de Tocher expressar maior número de grupos, o método UPGMA ofereceu maiores detalhes em sua análise, possibilitando inclusive, a visualização de acessos mais similares dentro dos grupos formados. Os resultados levaram os autores a concluir que o método UPGMA associado ao método de Tocher fornece um suporte mais eficiente na determinação da divergência.

Um estudo de inferência quantitativa de divergência genética entre 19 híbridos de milho comum conduzido por Simon et al. (2012) também comparou os métodos de agrupamentos de Tocher e UPGMA. Semelhantemente aos resultados obtidos por Campos et al. (2010) as informações extraídas permitiram aos autores concluir que, de modo geral, ambos os métodos são capazes de discriminar de forma semelhante os grupos híbridos formados.

### **3.3.2.3. Divergência genética e fontes de resistência**

Andrade et al. (2002) realizaram estudo de avaliação de 324 acessos de milho crioulo coletados na região central do Brasil, sobre os quais, em análise de

divergência genética, entre outras características, foram avaliadas as reações dos acessos as doenças: Ferrugem (*Puccinia polysora*), Mancha de *Phaeosphaeria* (*Phaeosphaeria maydis*), Helmintosporiose Comum (*Exserohilum turcicum*) e Enfezamento (*Phytoplasma* e *Spiroplasma*). Os resultados possibilitaram a formação de sete agrupamentos para o tipo de endosperma, entre os quais o grupo 03 foi composto de treze acessos de milho pipoca e apresentou grande variação de reação as doenças, variando de resistentes a suscetíveis. Miranda et al. (2003) também procederam análise de divergência genética entre nove cultivares de milho pipoca, com avaliação da severidade de helmintosporiose, dentre as características avaliadas. Os resultados revelaram variações de alta suscetibilidade a tolerantes entre os genótipos.

No âmbito das fontes de resistência genética as doenças da cultura do milho pipoca, o estudo de Vieira et al. (2009b) identificou híbridos de milho pipoca com maiores níveis de resistência genética a helmintosporiose comum. Brunelli et al. (2002) mapearam genes de resistência quantitativa à *Puccinia polysora* em milho comum. A pesquisa de Arnhold (2008) em seleção para resistência a doenças foliares em famílias  $S_1$  de milho pipoca estimou ganhos preditos razoáveis na ordem de -18% para a seleção simultânea de resistência a *Puccinia sorgh*, *Phaeosphaeria maydis* e *Bipolaris maydis*. No entanto, não observou diferença significativa entre as famílias quanto às notas de resistência a *Exserohilum turcicum*. Em relação às podridões de espiga em milho pipoca não foram encontrados relatos de fontes de resistência durante a realização desta revisão de literatura.

### **3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.3.3.1. Genótipos e condições de cultivo**

Para avaliação da divergência genética entre acessos de milho pipoca foram utilizados 37 genótipos de milho pipoca contidos no banco de germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (Tabela 1). As características qualitativas e quantitativas avaliadas, bem como as descrições das

características foram obtidas de acordo com os descritores mínimos da cultura do milho estabelecido pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento e publicado no Diário Oficial da União em 05/11/1997. O experimento foi conduzido no campo experimental do Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, região Norte do estado do Rio de Janeiro, sendo o campo experimental preparado mecanicamente via gradagem, com posterior sulcagem e adubação de fundação conforme indicações técnicas sob formulação 04-14-08 de NPK. Os caracteres quantitativos foram avaliados em duas estações anuais distintas, correspondentes à primeira safra que ocorre entre os meses de outubro a março e segunda safra que ocorre entre os meses de maio a setembro. Os caracteres qualitativos foram avaliados apenas na segunda safra.

### **3.3.3.2. Delineamento experimental e tratos culturais**

Ambos os experimentos foram implantados em blocos casualizados; entretanto, devido restrições de área o experimento de primeira safra teve tamanho das unidades experimentais menores quando comparado ao experimento de segunda safra, portanto, na primeira safra os genótipos foram casualizados em linhas simples de 2 metros com 4 repetições totalizando 148 unidades experimentais. As sementes foram semeadas manualmente de forma que se obteve 11 plantas/linha com espaçamento de 0,2 x 0,9 metros entre plantas e linhas respectivamente, os tratos culturais incluíram desbastes das plântulas 15 dias após emergência, controle de plantas espontâneas via capina, irrigação periódica com manutenção do solo sob capacidade de campo e adubações de cobertura a 30 e 45 dias após emergência segundo a formulação N-P-K: 20-0-20 com 300 kg/ha e 200 kg/ha de ureia respectivamente. No experimento de segunda safra, as unidades experimentais foram compostas de linhas de 3 metros com 16 plantas/linha semeadas manualmente sob espaçamento, adubação e demais tratos iguais ao experimento de primeira safra.

### **3.3.3.3. Características quantitativas avaliadas**

As características quantitativas foram obtidas tomando-se ao acaso seis plantas competitivas por unidade experimental, as características avaliadas foram:

altura média de planta (cm), altura média da inserção da primeira espiga (cm), estande final, número de plantas acamadas, peso médio de espiga (Kg), rendimento de grãos ( $\text{Kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ), número de espigas por parcela, proporção de espigas doentes (%); proporção de grãos ardidos (%), massa de 100 grãos (g), e capacidade de expansão dos grãos ( $\text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$ ).

Nas avaliações de altura de planta (AP) e altura de espiga (AE) foram utilizadas réguas métricas de 300 cm, sendo a AP anotada em centímetros correspondente à distância entre a inserção da bainha da folha bandeira e o ponto de inserção do colmo ao solo. A AE foi determinada pela distância entre a inserção da primeira espiga e a inserção do colmo ao solo.

O estande final foi obtido considerando o número de plantas existentes em cada parcela no ato da colheita. A avaliação da proporção de plantas acamadas (NPA) foi realizada em cada parcela experimental contando-se o número total de plantas (estande final) e o número de plantas acamadas. Foram consideradas plantas acamadas as que formaram um ângulo igual ou menor a  $45^\circ$  perpendicularmente em relação ao solo.

O peso médio de espigas foi obtido após a colheita, sendo as espigas livres de palhas, os valores foram expressos em  $\text{kg}/\text{parcela}^{-1}$ . A avaliação do rendimento dos grãos foi efetuada mediante pesagem dos grãos já debulhados, sendo expresso em  $\text{Kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ . Para avaliação do número de espiga por parcela (NEP), foram contadas o número total de espigas colhidas por parcela na ocasião da colheita. A proporção de espigas doentes foi obtida mediante a contagem do número de espigas visualmente afetadas em cada parcela dividindo tal número pelo número total de espigas por parcela. A proporção de grãos ardidos (avariados) foi determinada mediante a contagem de duas amostras de 100 grãos, sobre os quais, procedeu-se segregação visual de grãos defeituosos ou com descoloração em mais de  $\frac{1}{4}$  de sua superfície total, conforme os critérios para classificação do milho estabelecidos pela Portaria Nº 11 de 12 de abril de 1996 (Brasil, 1996).

A massa de 100 grãos (g) foi obtida por meio da pesagem em balança de precisão (considerando duas casas decimais) com duas repetições, nas quais foram tomados 100 grãos aleatoriamente de plantas distintas de cada parcela. A capacidade de expansão foi determinada com auxílio de sacola de papel na ausência de óleo. Foram efetuadas duas repetições por tratamento representadas

por 30g de grãos por repetição, sendo posteriormente submetidas às condições de expansão do endosperma dos grãos com auxílio de aparelho de micro-ondas (Panasonic modelo NN-S65B) sob potência máxima de 1000 watts por um período de 2 minutos. Após este processo o volume das pipocas resultantes da expansão foi quantificado em proveta de 1000 mL e o resultado final foi ponderado pela massa inicial de 30g de grãos e expressa pela relação mL g<sup>-1</sup>.

#### **3.3.3.4. Análise estatística**

Efetuaram-se a análise de variância e teste de médias considerando o conjunto de variáveis. A análise da divergência genética foi realizada conforme a Distância Generalizada de Mahalanobis (1936). Com base na matriz de dissimilaridade procedeu-se a técnica de agrupamento utilizando as médias das distâncias via UPGMA nas seguintes situações: i) Na primeira Safra (2013/2014); ii) Em segunda Safra (2014); iii) Considerando as médias entre Safras. O ajuste entre a matriz de distâncias e o dendrograma foi estimado pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC) desenvolvido por Sokal e Rohlf (1962). O ponto de corte dos dendrogramas em UPGMA foi definido conforme o proposto por Mojema (1977), seguindo-se a fórmula: Ponto de corte =  $m + kdp$  em que:  $m$  = a média dos valores de distância dos níveis de fusão correspondentes aos estádios;  $k$  = 1,25 (Milligan & Cooper, 1985);  $dp$  = desvio padrão. As análises descritas foram realizadas utilizando o programa computacional Genes (Cruz, 2013).

#### **3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Os resultados referentes ao desempenho agronômico dos genótipos apontaram diferenças significativas para as variáveis quantitativas investigadas, evidenciando diferentes potencialidades agronômicas (Tabela 10).

Em relação a variável número de espigas (NE), 29,73% dos genótipos apresentaram números superiores a 15 espigas por unidade experimental, ao passo que, 18,92% dos genótipos apresentaram número de espigas inferior a 08. Entre os valores mais discrepantes para NE, verificou-se que as Linhagens L54,

L88, L52, L75 e P1 apresentaram os menores valores significativos. Entre os valores mais acentuados para NE, por outro lado, destaca-se a linhagem P7 seguida do híbrido triplo IAC 125, das linhagens P10, P8 e L70, as quais apresentaram maiores quantidades de espigas (Tabela 10).

Em relação a variável espiga doente (ED), calculada com base no total de espigas colhidas por unidade experimental, houve diferenças significativas entre os genótipos estudados, em que 16,22% dos acessos apresentaram frequências acima de 40% de espigas doentes, os quais compreendem as linhagens L51, L88, L52, L55, L75 e P7. Por outro lado, 83,78% dos acessos apresentaram valores inferiores a 30,38% na frequência de espigas doentes, dentre os quais se destacam as linhagens L80, L65 e P3 e as raças PARA 172 e URUG 298 roxo (Tabela 10).

No que diz respeito à porcentagem de grãos ardidos (GA) houve diferenças significativas em que, 28 genótipos entre os 37 acessos estudados apresentaram incidências de GA menores que 18,31%, entre os quais se destacam as linhagens P4, P7, e P9, as raças PARA 172 e ARZM 05083. Entre os genótipos de maior ocorrência de grãos ardidos destacam-se as linhagens L51, L52, L55, L71 e L88 (Tabela 10).

Para a variável peso de espigas (PE), foram observadas diferenças estatísticas por efeito dos genótipos estudados. Os resultados mais divergentes apontaram que 9 dos 37 genótipos ou 24,32% apresentaram peso de espigas acima de 0,8 Kg compreendendo as linhagens P2, P3 e P7, as raças PARA 172, URUG 298 roxo, URUG 298 amarelo, ARZM 07049, BOZM 260 e o híbrido triplo IAC125. Entre os genótipos com menores PE, 11 acessos ou 29,73% apresentaram peso inferior a 0,2755 kg, compreendendo as linhagens L51, L52, L53, L54, L55, L59, L61, L71, L75 e L88 e P1 (Tabela 10).

Os resultados referentes à variável rendimento de grão (RG) permitiram observar diferenças significativas entre os genótipos avaliados. Os genótipos mais rentáveis, por hectare, somaram 24,32% dos acessos estudados, os quais compreendem as linhagens P2, P3, P7 e as raças PARA172, URUG 298 amarelo, URUG 298 roxo, ARZM 07049, BOZM 260 além do híbrido triplo IAC125. Por outro lado, os genótipos menos rentáveis em grãos somaram 21,62% dos acessos estudados, citam-se as linhagens L51, L52, L53, L55, L75, L80 e L88 e P1 (Tabela 10).

Tabela 10. Número de espigas (NE); porcentagem de espigas doentes (ED); porcentagem de grãos ardidos (GA); peso de espigas (PE) e rendimento de grãos (RG) de 37 genótipos de milho pipoca.

Genótipos	NE	ED (%)	GA (%)	PE (Kg)	RG (Kg/ha)
L51	9,45 c	62,69 a	41,44 a	0,13 d	473,70 f
L52	6,30 d	47,91 a	28,42 a	0,07 d	241,86 f
L53	11,63 c	30,38 b	23,69 b	0,16 d	573,33 f
L54	12,88 b	20,39 b	12,81 c	0,23 d	796,67 e
L55	4,00 d	40,03 a	34,70 a	0,07 d	202,22 f
L59	8,38 d	24,52 b	22,38 b	0,25 d	971,48 e
L61	10,88 c	25,89 b	9,88 c	0,24 d	696,67 e
L63	11,50 c	19,78 b	7,06 c	0,30 c	885,56 e
L65	11,63 c	8,03 b	6,00 c	0,34 c	931,11 e
L66	14,13 b	18,09 b	13,06 c	0,51 c	1706,67 d
L70	17,25 a	12,30 b	8,06 c	0,72 b	1974,44 c
L71	9,25 c	14,87 b	15,00 c	0,28 d	897,78 e
L75	6,38 d	45,06 a	32,15 a	0,10 d	317,41 f
L76	11,20 c	26,48 b	21,00 b	0,46 c	1518,14 d
L77	13,25 b	18,25 b	8,00 c	0,33 c	1073,33 d
L80	8,38 d	5,42 b	11,75 c	0,39 c	508,89 f
L88	6,00 d	51,78 a	30,56 a	0,08 d	282,22 f
P1	7,75 d	30,04 b	21,19 b	0,16 d	472,22 f
P10	17,88 a	16,31 b	10,88 c	0,58 b	2071,11 c
P2	16,38 a	29,89 b	13,44 c	0,87 a	2986,67 a
P3	15,00 b	11,50 b	9,56 c	0,85 a	2980,00 a
P4	13,13 b	18,95 b	4,94 c	0,64 b	2516,67 b
P5	14,13 b	24,27 b	13,13 c	0,52 c	1800,00 c
P6	15,25 b	13,01 b	5,81 c	0,68 b	2416,67 b
P7	20,00 a	51,82 a	12,63 c	0,86 a	2997,78 a
P8	17,63 a	18,89 b	6,13 c	0,66 b	2270,00 b
P9	16,13 a	15,31 b	5,31 c	0,57 b	1953,33 c
ARZM05083	15,75 a	12,28 b	5,31 c	0,39 c	1405,56 d
ARZM07049	16,00 a	22,91 b	7,75 c	1,00 a	3102,22 a
ARZM13050	13,38 b	31,87 b	14,88 c	0,76 b	2455,56 b
BOYA462	10,13 c	13,33 b	18,31 c	0,36 c	1267,78 d
BOZM260	16,63 a	11,85 b	6,44 c	0,80 a	2851,11 a
CHZM13134	9,50 c	24,88 b	18,00 c	0,44 c	1556,67 d
PARA172	17,00 a	11,79 b	3,38 c	1,06 a	3316,67 a
URUG 298 Amarelo	14,00 b	14,55 b	6,31 c	0,86 a	2961,11 a
URUG298 Roxo	15,50 b	9,84 b	10,94 c	0,85 a	2817,78 a
IAC125	18,63 a	12,37 b	7,50 c	1,01 a	3422,22 a

\*Médias seguidas pelas mesmas letras constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott Knott.

No que diz respeito à variável peso de 100 grãos (P100), verificou-se que houve diferença significativa entre os genótipos. Entre os genótipos estudados, 45,95% dos acessos apresentaram peso superior a 11,53 gramas para cada 100 grãos, entre os tais, 10 acessos são linhagens e 07 acessos são raças. Em relação aos genótipos com menores pesos para 100 grãos constataram-se diferenças significativas para 07 genótipos ou 18,92%, entre os quais 16,21% correspondem às linhagens L51, L52, L61, L80 e L88, P1 e à raça ARZM 05083 (Tabela 11).

A variável capacidade de expansão (CE) apresentou diferenças significativas entre os genótipos estudados em que 27,02% dos acessos apresentaram os maiores índices de CE. Contudo, para classificação comercial segundo o MAPA, os melhores genótipos aqui estudados não atingiram o mínimo de 30 ml/g exigido pela Instrução Normativa nº 61 de 22 de dezembro de 2011. Apesar disto, os genótipos que mais se aproximaram do mínimo exigido foram às linhagens L66, P5, P8, P7 e P9 com CE de 29,13; 29,11; 28,96; 27,98; 27,46 ml/g respectivamente. Por outro lado, os genótipos com menores CE corresponderam a 16,21% dos genótipos estudados, sendo as linhagens L51 e L52, bem como as raças PARA172, ARZM 13050, BOYA 462 e BOZM260 (Tabela 11).

A variável altura de planta (AP) revelou diferenças significativas entre os genótipos avaliados em que 13,51% dos acessos mais altos restringiram-se às raças PARA172, ARZM 05083, ARZM 07049, BOYA 462 e BOZM 260 os quais, atingiram o porte de 1,86; 1,76; 1,89; 1,88 e 1,83 metros. Por outro lado, os genótipos de menores estaturas se restringiram, basicamente, às linhagens com um total de 14 das 27 das linhagens estudadas. O híbrido IAC125 apresentou altura mediana entre os mais altos e mais baixos.

Considerando a variável altura de espiga (AE), à semelhança da variável AP, os genótipos de espigas mais altas restringiram-se, basicamente, às raças PARA 172, ARZM 05083, ARZM 07049, BOYA 462 e BOZM 260, correspondendo a 50% das raças estudadas. Os genótipos de espigas mais baixas, no entanto, corresponderam a 07 das 27 linhagens estudadas (Tabela 11).



Tabela 11. Massa de 100 grãos (P100); capacidade de expansão (CE); altura de planta (AP) e altura de espiga (AE) de 37 genótipos de milho pipoca.

Genótipos	P100 (g)	CE (ml/g)	AP (m)	AE (m)
L51	8,0875 c	8,36 d	1,41 c	0,76 c
L52	8,5825 c	12,69 d	1,46 b	0,86 b
L53	10,8475 b	25,23 b	1,29 c	0,87 b
L54	12,98 a	26,13 a	1,24 c	0,67 d
L55	10,3875 b	15,90 c	1,27 c	0,65 d
L59	13,255 a	18,88 c	1,25 c	0,79 c
L61	8,1975 c	17,96 c	1,38 c	0,70 c
L63	10,955 b	26,75 a	1,22 c	0,75 c
L65	13,535 a	21,17 b	1,47 b	0,84 b
L66	11,535 a	29,13 a	1,32 c	0,66 d
L70	10,43 b	27,04 a	1,55 b	0,94 b
L71	13,67 a	24,50 b	1,19 c	0,56 d
L75	11,5375 a	16,04 c	1,35 c	0,77 c
L76	10,965 b	20,50 c	1,19 c	0,61 d
L77	10,88 b	24,54 b	1,28 c	0,75 c
L80	8,59 c	19,50 c	1,19 c	0,64 d
L88	8,615 c	16,50 c	1,52 b	0,75 c
P1	7,4975 c	23,56 b	1,10 c	0,58 d
P10	10,89 b	26,94 a	1,64 b	0,98 b
P2	12,73 a	18,31 c	1,62 b	0,94 b
P3	12,345 a	18,92 c	1,55 b	0,94 b
P4	12,75 a	17,17 c	1,64 b	0,93 b
P5	10,4975 b	29,11 a	1,65 b	0,94 b
P6	11,6975 a	22,98 b	1,55 b	0,87 b
P7	12,13 a	27,98 a	1,50 b	0,84 b
P8	9,4875 b	28,96 a	1,53 b	0,95 b
P9	9,83 b	27,46 a	1,49 b	0,89 b
ARZM05083	7,0425 c	16,84 c	1,76 a	1,34 a
ARZM07049	13,7625 a	18,25 c	1,89 a	1,27 a
ARZM13050	13,9075 a	10,46 d	1,68 b	0,98 b
BOYA462	14,795 a	11,90 d	1,88 a	1,21 a
BOZM260	15,3975 a	11,15 d	1,83 a	1,20 a
CHZM13134	10,1925 b	16,27 c	1,54 b	0,86 b
PARA172	13,05 a	11,07 d	1,86 a	1,27 a
URUG 298 Amarelo	14,435 a	18,82 c	1,52 b	0,98 b
URUG298 Roxo	13,045 a	19,42 c	1,61 b	0,99 b
IAC125	11,2225 b	25,86 a	1,59 b	0,89 b

\*Médias seguidas pelas mesmas letras constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott Knott.

Na análise de agrupamento em primeira Safra (2013/2014) considerou-se o ponto de corte para  $k= 1,25$  significativo em 77,60% de dissimilaridade no método de Mojema (1977). A este ponto, houve a formação de 06 grupos (Figura 9), o grupo 01 comportou a maioria dos acessos estudados, constituído de 29 genótipos, dos quais figuraram todas as linhagens provenientes da Universidade Estadual de Maringá (UEM), bem como todos os acessos provenientes do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT). Quanto às linhagens desenvolvidas na UENF, apenas 52% foram alocadas no grupo 01. Adicionalmente, os genótipos do grupo 01 apresentaram as seguintes características marcantes (médias por parcela), as quais puderam diferenciá-lo dos demais grupos obtidos, quais sejam: genótipos mais prolíferos com média de 12 espigas; maiores rendimentos de grãos (1.883,75Kg/ha) e maiores pesos de 100 grãos (14,96g). Em relação às doenças foliares, o grupo 01 agregou acessos resistentes principalmente a helmintosporiose maidis (*C.heterostrophus*) sendo que parte dos acessos deste grupo contribuíram para maiores médias de suscetibilidade à helmintosporiose comum e ferrugem polissora. Quanto ao grupo 02, este agregou apenas dois genótipos entre os acessos estudados, sendo as linhagens L53 e L65, ambas desenvolvidas na UENF (Figura 9). As características peculiares que mais contribuíram para diferenciar este grupo dos demais incluem prolificidade (10 espigas / parcela); suscetibilidade a doenças de espigas (28,09%); peso de 100 grãos (13,05g); níveis medianos de capacidade de expansão (21,67mL/g); plantas de porte mediano (1,37m) e alta suscetibilidade a doenças foliares, principalmente a helmintosporiose comum (*S. seta*). O grupo 03 foi composto por três acessos sendo todas as linhagens desenvolvidas na UENF e extraídas da variedade Beija-flor, da Universidade Federal de Viçosa (Figura 9). Neste grupo verifica-se que os genótipos são pouco prolíferos com médias de 06 espigas por parcela; suscetibilidades a podridões de espiga, cerca de 72,57% das espigas colhidas, o que implicou em maiores incidências de grãos ardidos (61,99%). Além disso, percebeu-se baixo peso de espigas (0,08 Kg/parcela); o mais baixo rendimento de grãos (243,70 Kg/ha); a mais baixa capacidade de expansão dos grãos (8,85 mL/g) e elevados níveis de suscetibilidade às doenças foliares: helmintosporiose maidis (*C. heterostrophus*); helmintosporiose comum (*S.seta*) e ferrugem polissora (*P.polyssora*). Os grupos 04, 05 e 06, foram constituídos de apenas um genótipo por grupo correspondendo às linhagens L61,

L88 e L80, respectivamente (Figura 9). A linhagem L61 diferiu-se principalmente por apresentar baixa prolificidade (3-4 espigas/parcela); os mais baixos níveis de grãos ardidos (19,25%); o mais baixo peso de 100 grãos (8,05g); resistência a helmintosporiose maidis; resistência a helmintosporiose comum e suscetibilidade a ferrugem polissora. A linhagem L88 apresentou os maiores índices de espigas doentes (73,75%); níveis elevados de grãos ardidos (57,50%); baixo peso de espigas (0,09 Kg/parcela); baixo peso de 100 grãos (9,33g); plantas de menor porte (1,02m); resistência a helmintosporiose maidis; resistência a helmintosporiose comum e suscetibilidade a ferrugem polissora. Em relação à linhagem L80, verificou-se que esta apresentou menores índices de espigas doentes (7,28%); maiores pesos de espigas (0,62Kg/parcela); a mais elevada capacidade de expansão (22,42mL/g) e suscetibilidade a helmintosporiose maidis; suscetibilidade a helmintosporiose comum e resistência a ferrugem polissora.

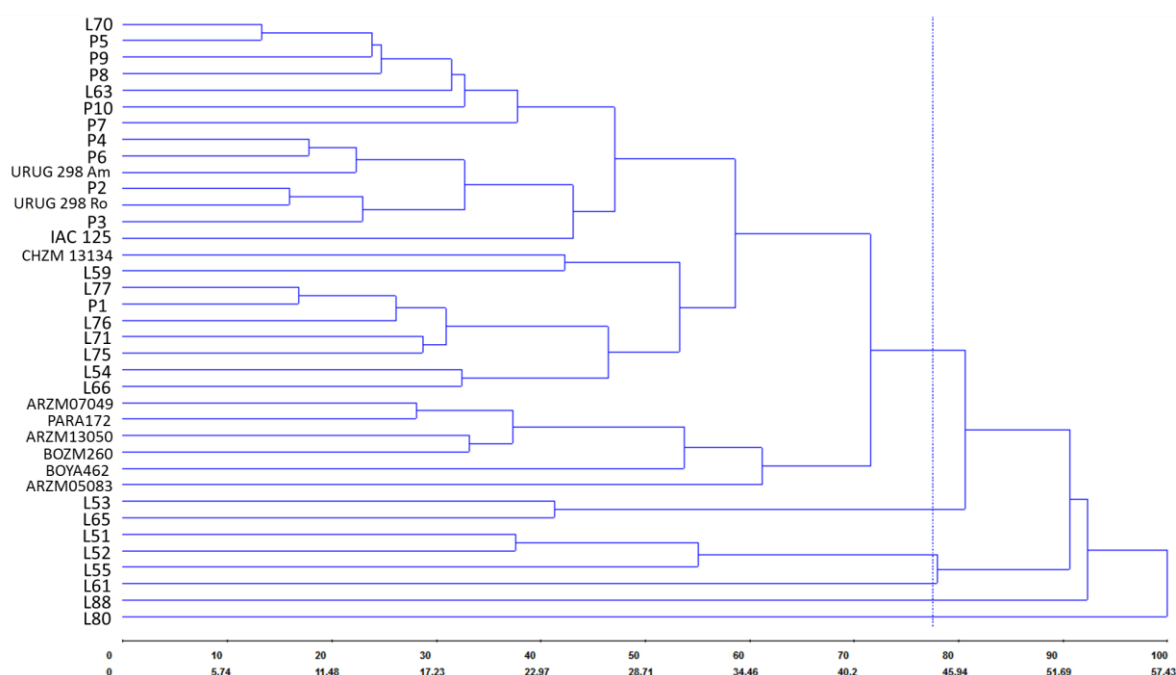


Figura 9: Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade com base na distância de Mahalanobis utilizando o método das ligações médias (UPGMA), segundo variáveis morfológicas quantitativas em primeira safra, para acessos de milho pipoca.

Considerando os dados obtidos por ocasião da segunda safra (2014), a análise de agrupamento para  $k=1,25$  determinou o ponto de corte significativo em 70,94% de dissimilaridade. O dendrograma em UPGMA possibilitou visualizar a formação de 05 grupos distintos (Figura 10). À semelhança da análise de agrupamento em primeira safra, o grupo 01, na análise em safrinha, congregou a maioria dos acessos estudados; outrossim, este primeiro grupo também alocou todos os genótipos provenientes da UEM, a maioria dos genótipos provenientes do CIMMYT (78%), a maioria dos acessos desenvolvidos na UENF além do híbrido triplo IAC 125. As médias das características inerentes ao grupo dizem respeito a: maiores incidências de espigas doentes (14,48%); maiores índices de grãos ardidos (2,49%); capacidade e expansão mediana (22,07mL/g); altura de plantas mediana (1,53m) e suscetibilidade a doenças foliares, especialmente a helmintosporiose maidis e ferrugem polissora. Em relação ao grupo 02, este alocou 02 acessos, os quais são linhagens endogâmicas desenvolvidas na UENF. As médias das características revelam plantas pouco prolíferas (09 espigas/parcela); baixo peso de espigas (0,27Kg/parcela); os mais baixos rendimentos de grãos (648,47 Kg/ha); maiores pesos de 100 grãos (12,85g); plantas de porte baixo (1,36m); suscetibilidade a helmintosporiose maidis, a helmintosporiose comum e ferrugem polissora. O grupo 03 alocou apenas um genótipo caracterizado principalmente pela alta capacidade de expansão entre os grupos estudados (26,75mL/g); pelo porte baixo (1,18m); suscetibilidade a helmintosporiose maidis; resistente a helmintosporiose comum e suscetível a ferrugem polissora. O grupo 04 alocou apenas um genótipo, proveniente do CIMMYT. O acesso em questão possui as seguintes características: Porte alto (1,90m); a mais alta prolificidade (20 espigas/parcela); a mais baixa incidência de espigas doentes (5,43%); baixo peso de 100 grãos (5,80g); baixa resistência a helmintosporiose maidis; resistente a helmintosporiose comum e suscetível a ferrugem polissora. Quanto ao grupo 05, este também alocou apenas um genótipo, proveniente do CIMMYT. As características que o diferencia são: alta prolificidade (17-18 espigas/parcela); baixa ocorrência de espigas doentes (9,53%); baixa incidência de grãos ardidos (0,25%); peso de espigas elevados (1,17Kg/parcela); maior rendimento de grãos (2.633,33 Kg/ha); baixa capacidade de expansão (11,21 mL/g); porte alto (2,06m); resistente a helmintosporiose maidis; resistente à helmintosporiose comum e a ferrugem polissora.

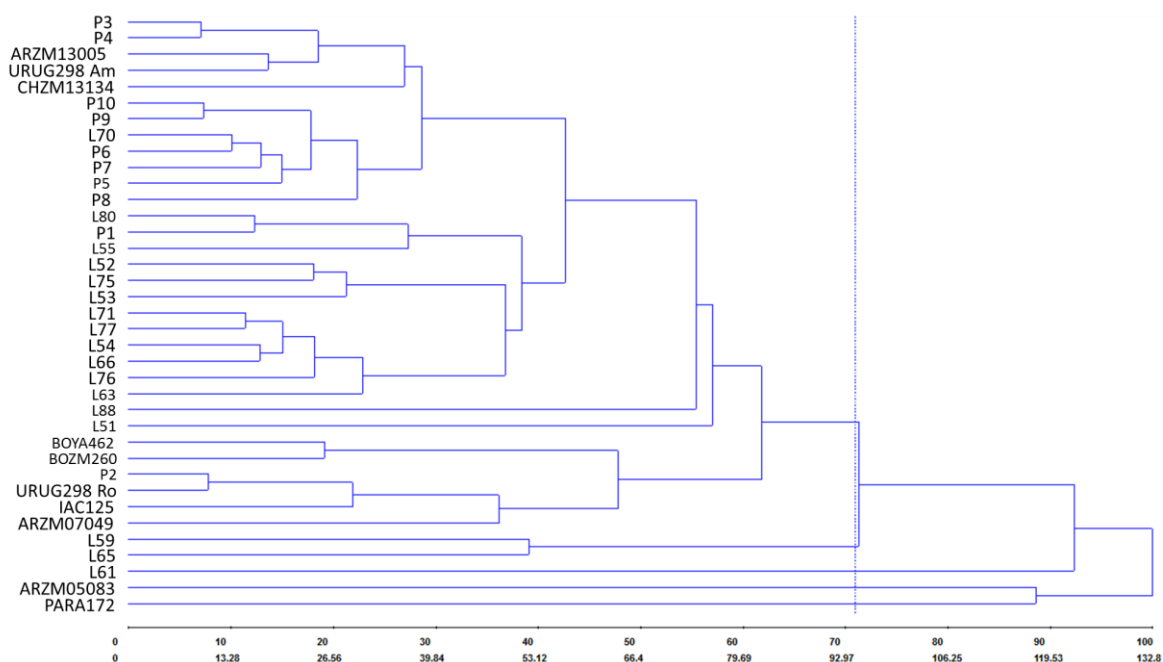


Figura 10: Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade com base na distância de Mahalanobis utilizando o método das ligações médias (UPGMA), segundo variáveis morfológicas quantitativas de milho pipoca em segunda safra de milho pipoca.

Na análise de agrupamento considerando as médias das variáveis estudadas em primeira e segunda safra, o dendrograma obtido possibilitou corte significativo para  $k=1,25$  em 32,96% de dissimilaridade, sob o qual, houve a formação de seis grupos pelo método hierárquico UPGMA (Figura 11). O grupo 01 conteve dez genótipos entre os acessos estudados, sendo: dois genótipos provenientes da UEM, quatro genótipos provenientes do CIMMYT, três genótipos desenvolvidos na UENF além do híbrido triplo IAC 125. Quanto às características médias deste grupo, verificam-se plantas prolíferas (13 espigas/parcela); menor incidência de espigas doentes (16,73%); rendimento mediano de grãos (1.943,89 Kg/ha); porte mediano (1,54m); suscetibilidade a helmintosporiose maidis; suscetibilidade a helmintosporiose comum e resistente a ferrugem polissora. O grupo 02 congregou sete genótipos entre os acessos estudados. Dos genótipos alocados, seis são linhagens desenvolvidas na UENF e apenas um genótipo é linhagem proveniente da UEM. Este grupo, em geral, reuniu plantas pouco prolíferas (7-8 espigas/parcela); baixo peso de 100 grãos (9,77g); plantas de porte baixo (1,31m); suscetibilidade a helmintosporiose maidis; suscetibilidade a helmintosporiose comum e a ferrugem polissora.

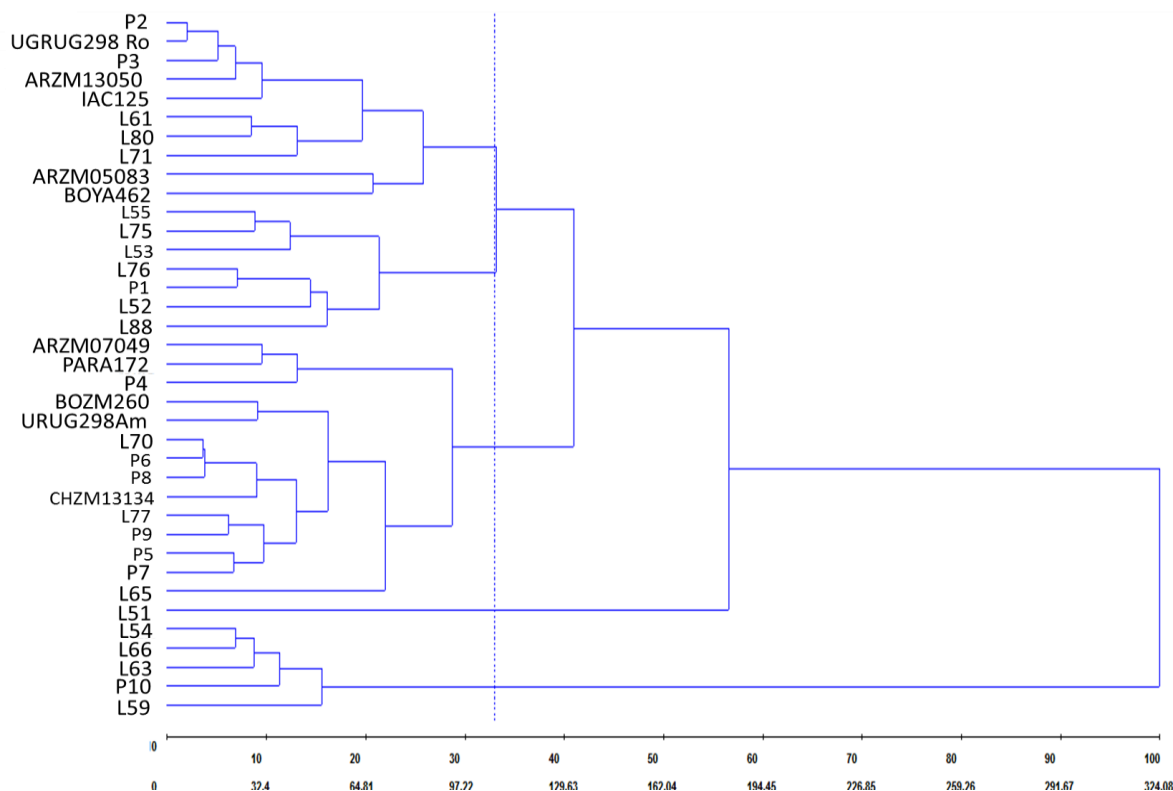


Figura 11. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade com base na distância de Mahalanobis utilizando o método das ligações médias (UPGMA), segundo médias de variáveis morfológicas quantitativas em primeira e segunda safra.

Em relação ao grupo 03, este alocou a maioria dos acessos estudados, quais sejam: cinco raças provenientes do CIMMYT, seis linhagens desenvolvidas na UEM e três linhagens desenvolvidas na UENF. Na formação deste grupo, predominaram plantas com as seguintes características: alta prolificidade (15-16 espigas/parcela); baixa incidência de grãos ardidos (8%); pesos elevados de espigas (0,7Kg/parcela); maior rendimento de grãos (2.265,79Kg/ha); pesos elevados de 100 grãos (12g); plantas de porte alto (1,80m); plantas mais resistentes a helmintosporiose maidis; suscetíveis a helmintosporiose comum e a ferrugem polissora. O grupo 04 constituiu apenas um genótipo entre os acessos, este genótipo possui as seguintes características peculiares: prolificidade mediana (09 espigas/parcela); alta incidência de espigas doentes (62,69%); altos índices de grãos ardidos (41,44%); baixo peso de espiga (0,13Kg/parcela); baixo rendimento de grãos (473,7Kg/ha); baixo peso de 100 grãos (8,08g); baixa capacidade de expansão (1,41mL/g) e suscetibilidade a helmintosporiose maidis, helmintosporiose comum e ferrugem polissora. Quanto ao grupo 05, este congregou cinco genótipos entre os acessos estudados, sendo quatro linhagens

desenvolvidas na UENF e uma linhagem proveniente da UEM. Para fins de caracterização deste grupo, os genótipos apresentaram as seguintes características médias marcantes: prolificidade mediana (13 espigas/parcela); alta capacidade de expansão dos grãos (25,57mL/g); plantas de porte baixo (1,33m); baixa resistência a helmintosporiose maidis; susceptibilidade a helmintosporiose comum e baixa resistência a ferrugem polissora.

### 3.3.5. CONCLUSÃO

Considerando as reações para helmintosporiose maidis, helmintosporiose comum e ferrugem polissora, bem como, as avaliações de podridões de espiga com ênfase na resistência à podridão-rosada-da-espiga, além de rendimento de grãos, prolificidade, peso de espigas, peso de 100 grãos, incidência de grãos ardidos e capacidade de expansão, verifica-se que 73% dos acessos investigados apresentaram resultados satisfatórios em pelo menos uma das características supracitadas.

A análise de grupamento em primeira e segunda safra correspondeu, em 85 % de magnitude em relação à alocação dos genótipos promissores em pelo menos um atributo agrônômico. Por outro lado, a análise de grupamento com base na média de safras foi correspondente em apenas 15% quando comparada as análises em primeira e segunda safra.

Considerando a avaliação *per se* dos genótipos para resistência a doenças foliares e de espigas, bem como, atributos de produção, com base na análise da divergência genética dos acessos, espera-se que, para fins de exploração da heterose, o cruzamento P7 x L80 possibilitará maior efeito heterótico na geração F<sub>1</sub>.

Para ganhos em resistência à helmintosporiose comum, a ferrugem polissora, podridões de espiga e capacidade de expansão recomenda-se o cruzamento entre linhagens P5 x L80.

Considerando o bom desempenho da raça PARA 172 recomenda-se a extração de linhagens deste genótipo, que sirvam como possíveis fontes de resistência.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agroceres. (1996) Guia agroceres de sanidade. São Paulo: Sementes Agroceres, 72p.
- Alves, B.M., Cargnelutti Filho, A., Silva, L.P., Toebe, M., Burim, C., Pretto, A. (2014) Análise de agrupamento em cultivares superprecoce de milho em relação à produtividade de grãos e à qualidade proteica. *Revista da Estatística*, 3: 94-98.
- Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., Freitas Júnior, S.P., Candido, L.S., Vittorazzi, C., Pena, G.F., Ribeiro, R.M., Conceição, T.R., Pereira, M.G., Scapim, C.A., Viana, A.P., Carvalho, G.F. (2013) Cultivar release UENF14: a new popcorn cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 13: 218-220.
- Amaral Júnior, A.T., Viana, A.P., Gonçalves, L.S.A., Barbosa, C.D.(2010) Procedimentos multivariados em recursos genéticos vegetais. *In: Pereira, T.N.S. Germoplasma: Conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas*.1. ed.Viçosa: Arka, p. 205-254.
- Andrade, R.V., Santos, M.X., Ferreira, A.S., Oliveira, A.C. (2002) Avaliação de acessos de milho crioulo coletados na região central do Brasil. *Revista brasileira de Milho e Sorgo*. 1: 67-74.



- Arnhold, E. (2008) Seleção para resistência a doenças foliares em famílias S<sub>1</sub> de milho pipoca. *Revista Ceres*, 55: 89-93.
- Arnhold, E., Silva, R.G., Viana, J.M.S. (2010) Seleção de linhagens S<sub>5</sub> de milho pipoca com base em desempenho e divergência genética. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 32: 279-283.
- Barth Pinto, R.J., Kvitschal, M.V., Scapim, C.A., Fracaro, M., Bignotto, L.S., Souza Neto, I.L. (2007) Análise dialélica parcial de linhagens de milho pipoca. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 06: 325-337.
- Bleicher, J., Balmer, E. (1993) Efeitos da seleção recorrente fenotípica sobre a resistência a *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonarde & Suggs em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 28:1291- 1295.
- Brasil (1996) Portaria nº11. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. 1996. 3p.
- Brasil (2011) Instrução Normativa nº 61. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. 2011. 10p.
- Brito, A.H. (2010) Controle genético e químico de doenças foliares e grãos ardidos em milho. Tese (Doutor em Agronomia) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras, 89p.
- Brito, A.H., Pereira, J.L.A.R., Pinho, R.G.V., Balestre, M. (2012) Controle químico de doenças foliares e grãos ardidos em milho (*Zea mays* L.). *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 11: 49-59.
- Brito, A.H., Pinho, R.G.V., Sousa Filho, A. X., Altoé, T.F. (2008) Avaliação da severidade da cercosporiose e rendimento de grãos em híbridos comerciais de milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 07: 19-31.

- Brunelli, K.R., Silva, H.P., Camargo, L.E.A. (2002) Mapeamento de genes de resistência quantitativa a *Puccinia polysora* em milho. *Fitopatologia Brasileira*, 27:134-140.
- Burnette, D.C., White, D.G. (1985) Inheritance of resistance to *Bipolaris Maydis* race 0 in crosses derived from nine resistant inbred lines of maize. *The American Phytopathological Society*, 75: 1195-1985.
- Campos, A.L., Zacarias, A.J., Costa, D.L., Neves, L.G., Barelli, M.A.A., Paiva Sobrinho, S., Luz, P.B. (2010) Avaliação de acessos de mandioca do banco de germoplasmas da UNEMAT Cáceres – Mato Grosso. *Revista Trópica-Ciências Agrárias e Biológicas*, 4: 44-54.
- Cargnelutti Filho, A., Ribeiro, N.D., Reis, C.P., Souza, J.R., Jost, E. (2008) Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. *Ciência Rural*, 38: 2138-2145.
- Carpentieri-Pípolo V., Takahashi, H.W., Endo, R.M., Petek, M.R., Seifert, A.L. (2002) Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. *Horticultura Brasileira*, 20: 551-554.
- Casa, R.T., Moreira, E.N.M., Bogo, A., Sangoi, L. (2007) Incidência de podridões do colmo, grãos ardidos e rendimento de grãos em híbridos de milho submetidos ao aumento da densidade de plantas. *Summa Phytopathologica*, 33: 353-357.
- Casa, R.T., Reis, E.M. (2003) Doenças na cultura do milho. In: Fancelli, A.L., Dourado Neto D. (Eds.) Milho: estratégia de manejo para alta produtividade. Piracicaba, ESALQ/USP, p 01-18.
- Casela, C.R., Ferreira, A.S., Pinto, N.F.J. (2006) Doenças na cultura do milho. Circular Técnica 83, Sete Lagoas - MG: Embrapa Milho e Sorgo, 14p.

- Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (México, México) (1985). Managing trials and reporting data for CIMMYT's international: maize testing program. México, 20 p.
- Chaves, M.S., Martinelli, J.A., Federizzi, L.C. (2003) Resistência quantitativa à ferrugem em genótipos de aveia branca: I – Caracterização da reação em condições de campo. *Fitopatologia brasileira*, 29:39-46.
- Chester, K.S.(1950) Plant disease losses: their appraisal and interpretation. *Plant Disease Reporter Supplement*, 193: 189-362.
- Coimbra, R. R., Miranda, G. V., Viana, J. M. S., Cruz, C. D. (2001) Correlações entre caracteres na população de milho-pipoca DFT-1 Ribeirão. *Revista Ceres*, 48: 427-435.
- Coimbra, R.R., Miranda, G.V., Cruz, C.D., Melo, A.V., Eckert, F.R. (2010) Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do sudeste de Minas Gerais. *Revista Ciência Agronômica*, 41: 159-166.
- Colombo, G.A., Vaz-de-Melo, A., Taubinger, M., Tavares, R.C., Silva, R.R. (2014) Análise dialéctica para resistência a ferrugem polissora em milho em diferentes níveis de adubação fosfatada. *Bragantia*, 73: 65-71.
- Costa, F.M. (2007) Curvas de progresso de doenças foliares do milho, sob diferentes tratamentos fungicidas. Dissertação (Mestre em Agronomia) – Jaboticabal – SP, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 49p.
- Costa, F.M., Barreto, M., Koshikumo, E.S.M., Almeida, F. A. (2008) Progresso da ferrugem tropical do milho (*Zea mays* L.). *Summa Phytopathology*, 34: 248-252.
- Costa, R.V., Costa, L.V., Silva, D.D., Parreira, D.F., Rocha, L.M.P., Guimarães, L.J.M., Guimarães, P.E., Parentoni, S.N., Machado, J.R. (2010) Epidemias severas da ferrugem polissora do milho na região sul do Brasil na safra 2009/2010. Circular Técnica 138, Sete Lagoas – MG: Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento, 6p.

- Cruz, C. D. (1990) Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Piracicaba – SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiróz, Universidade de São Paulo, 188p.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4.ed. Viçosa: 514p.
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35: 271-276.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2003) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Volume 2. Viçosa, 585p.
- Cruz, C.D., Ferreira, F.M., Pessoni, L.A. (2011) Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Visconde do Rio Branco MG: Suprema, 620p.
- Falconer, D.S. (1987) Introdução à genética quantitativa. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa, MG: Viçosa, 279p.
- Faria, P.N., Cecon, P.R., Silva, A.R., Finger, F.L., Silva, F.F., Cruz, C.D., Sávio, F.L. (2012) Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. *Horticultura Brasileira*, 30: 428-432.
- Ferreira, D.F., Oliveira, A.C., Santos, M.X., Ramalho, M.A.P. (1995) Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 30: 1189-1194.
- Freitas Júnior, S.P., Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G., Cruz, C.D., Scapim, C.A. (2006) Capacidade combinatória em milho pipoca por meio de dialelo circulante. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41: 1599-1607.

- Gaut, B.S., d'Ennequin, M.L.T., Peek, A.S., Sawkins, M.C. (2000) Maize as model for the evolution of plant nuclear genomes. *PNAS*, 97: 7008-7015.
- Gonçalves, D.L., Ambrozio, V.C., Barelli, M.A.A., Neves, L.G., Paiva Sobrinho, S., Luz, P.B., Silva, C.R. (2014) Divergência genética de acessos tradicionais de feijoeiro através de características da semente. *Bioscience Journal*, Uberlândia, 15. Jun. p. 11.
- Gower JC. (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics* 27: 857-874.
- Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias - GCEA/IBGE, Diretoria de Pesquisas, Coordenação de Agropecuária, Levantamento Sistemático da Produção Agrícola, 2013.
- Guiomar, P.M.C.N. (2011) Avaliação do comportamento de cultivares de milho na presença da helmintosporiose causada por *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs. Dissertação ( Mestre em Engenharia Agrônômica) – Lisboa, Instituto Superior de Agronomia, Universidade Técnica de Lisboa, 92p.
- Hallauer, A. R., Miranda Filho, J. B.(1981) Quantitative genetics in maize breeding. Ames: Iowa State University Press, 468p.
- Hermanns, G., Pinto, F.T., Kitazawa, S.E., Noll, I.B. (2006) Fungos e fumonisinas no período pré-colheita do milho. *Ciência Tecnológica de Alimentos*, 26: 7-10.
- James, W.C. (1971) A manual of assessment keys for plant diseases. *The American Phytopathological Society*, 1458. 66p.
- Jardine, D.E., Laca-Buendía, J.P. (2009) Eficiência de fungicidas no controle de doenças foliares na cultura do milho. *Revista Agronomy*, 06: 11-52.

- Juliatti, F.C., Pedrosa, M.G., Juliatti, B.C.M., Beloti, I.F., Figueiró, A.A. (2013) Identificação de QTLs associados à resistência parcial à mancha branca do milho. *Bioscience Journal*, 29: 1163-1178.
- Juliatti, F.C., Souza, R.M. (2005) Efeito de épocas de plantio na severidade de doenças foliares e produtividade de híbridos de milho. *Bioscience Journal*, 21: 103-112.
- Juliatti, F.C., Zuza, J.L.M.F., Souza, P.P., Polizel, A.C., (2007) Efeito do genótipo de milho e da aplicação foliar de fungicidas na incidência de grãos ardidos. *Bioscience journal*, 23: 34-41.
- Karasawa, M., Rodrigues, R., Sudré, C.P., Silva, M.P., Riva, E.M., Amaral Júnior, A.T. (2005) Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro. *Horticultura Brasileira*, 23: 1000-1005.
- Lazaroto, A., Santos, I., Konflanz, V.A., Malagi, G., Camochena, R.C. (2012) Escala diagramática para avaliação de severidade da helmintosporiose comum em milho. *Ciência Rural*, 42: 2131-2137.
- Leonello, L.A.F., Cazetta, D.A., Fornasieri Filho, D.F. (2009) Características agrônomicas e qualidade comercial de cultivares de milho pipoca em alta população. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 31: 215-220.
- Lima, M.L., Paterniani, M.E.A.G.Z., Dudienas, C., Siqueira, W.J., Sawazaki, E., Sordi, G. (1996) Avaliação da resistência à ferrugem tropical em linhagens de milho. *Bragantia*, 55: 269-273.
- Luz, M.L.S., Dalpasquale, V.A., Scapim, C.A., Braccini, A.L., Royer, M.R., Mora, F. (2005) Influência da umidade das sementes na capacidade de expansão de três genótipos de milho pipoca (*Zea mays* L.). *Acta Scientiarum. Agronomy*, 27: 549-553.

- Marques, O.J., Vidigal Filho, P.S., Dalpasquale, V.A., Scapim, C.A., Pricinotto, L.F., Machinski Júnior, M. (2009) Incidência fúngica e contaminações por micotoxinas em grãos de híbridos comerciais de milho em função da umidade de colheita. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 31: 667-675.
- Marques, O.J., Vidigal Filho, P.S., Scapim, C.A., Reche, D.L., Pricinotto, L.F., Okumura, R.S. (2012) Qualidade comercial de diferentes híbridos de milho em função do teor de água nos grãos durante a colheita. *Semina: Ciências Agrárias*, 33: 911-920.
- Martinez, A.S., Franzener, G., Stangarlin, J.R. (2010) Dano causado por *Bipolaris maydis* em *Panicum maximum* cv. Tanzânia. *Ciências Agrárias*, 31: 863-870.
- Melo, A.V., Santos, L.D.T., Finoto, E.L., Dias, D.C.F.S., Alvarenga, E.M. (2012) Germinação e vigor de sementes de milho pipoca submetidas ao estresse térmico e hídrico. *Bioscience Journal*, 28: 687-695.
- Mendes, M.C., Pinho, R.G.V., Machado, J.C., Albuquerque, C.J.B., Falquete, J.C.F. (2011) Qualidade sanitária de grãos de milho com e sem inoculação a campo dos fungos causadores de podridões de espiga. *Ciência e Agrotecnologia*, 35: 931-939.
- Mendes, M.C., Pinho, R.G.V., Pinho, E.V.R.V., Faria, M.V. (2012) Comportamento de híbridos de milho inoculados com os fungos causadores do complexo grãos ardidos e associação com parâmetros químicos e bioquímicos. *Ambiência – Revista do Setor de Ciências Agrárias e Ambientais*, 8: 275-292.
- Miranda, D.S., Silva, R.R., Tanamati, A.A.C., Cestari, L.A., Madrona, G.S., Scapim, M.R. (2011) Avaliação da qualidade do milho pipoca. *Revista Tecnológica (Edição especial)*, 13-20.
- Miranda, G.V., Coimbra, R.R., Godoy, C.L., Souza, L.V., Guimarães, L.J.M., Melo, A.V. (2003) Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária brasileira*, 38: 681-688.

- Moura, M.C.C.L, Gonçalves, L.S.A., Sudré, C.P., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A.T., Pereira, T.N.S. (2010) Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasmas de pimenta. *Horticultura Brasileira*, 28: 155-161.
- Nihei, T.H., Ferreira, J.M. (2012) Análise dialéctica de linhagens de milho com ênfase na resistência a doenças foliares. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47: 369-377.
- Ogliari, J.B., Guimarães, M.A., Geraldi, I.O., Camargo, L.E.A. (2005) New resistance genes in the *Zea mays* – *Exserohilum turcicum* pathosystem. *Genetics and Molecular Biology*, 28:435-439.
- Oliveira, E., Fernandes, F.T., Casela, C.R., Pinto, N.F.J.A., Ferreira, A.S. (2004) Diagnóstico e controle de doenças na cultura do milho. *In: Galvão, J.C.C., Miranda, G.V., (Eds.) Tecnologias de produção do milho: economia, cultivares, biotecnologia, safrinha, adubação, quimigação, doenças, plantas daninhas e pragas. Viçosa, Editora da UFV. p.227-268.*
- Pacheco, C.A.P., Gama E.E.G., Guimarães, P.E.O., Santos, M.X., Ferreira, A.S. (1998) Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de milho pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 33: 1995-2001.
- Pacheco, C.A.P., Gama, E.E.G., Parentoni, S.N., Santos, M.X., Guimarães, P.E.O. (2005) Avanços no processo seletivo da variedade de milho pipoca BRS Ângela. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 4: 436-444.
- Paixão, S.L., Cavalcante, M., Ferreira, P.V., Madalena, J.A.S., Pereira, R.G. (2008) Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no Estado de Alagoas. *Revista Caatinga*, 21:191-195.
- Parlevliet, J.E. (1979) Components of resistance that reduce the rate of epidemic development. *Annual Review of Phytopathology*, 17: 203-222.



- Paterniani, E., Miranda Filho, J.B. (1978) Melhoramento de populações. *In*: Paterniani, E. (Ed.). Melhoramento e produção de milho no Brasil. Piracicaba, ESALQ, p.202-246.
- Paterniani, M.E.A.G.Z., Bernini, C.S., Guimarães, P.S., Doná, S., Gallo, P.B., Duarte, A.P. (2010) Potencial produtivo e heterose de híbridos de populações F<sub>2</sub> de milho no Estado de São Paulo. *Cadernos de Ciência & Tecnologia*, 27: 29-46.
- Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. (2001) Estimation of genetic componentes in popcorn based on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1: 3-10.
- Pereira, O. A. P., Carvalho, R. V., Camargo, L. E. A. (2005) Doenças do milho. *In*: Kimati, H., Amorim, L., Rezende, J. A. M., Bergamin Filho, A., Camargo, L. E. A. Manual de Fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas. 4. ed. São Paulo-SP, Agronômica Ceres, p. 481-488.
- Perkins, J.M., Pedersen, W.L., (1987) Disease development and yield losses associated with northern leaf blight on corn. *Plant Disease*, 71: 940-943.
- Pinto, N.F.J.A. (1980) Doenças do Milho. Informe Agropecuário, Belo Horizonte – MG, 06: 50 – 53.
- Pinto, N.F.J.A. (2001) Qualidade sanitária de grãos de milho. Comunicado Técnico 30, Sete Lagoas – MG: Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 04p.
- Pinto, N.F.J.A. (2004) Controle químico de doenças foliares em milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 03: 134-138.
- Pinto, N.F.J.A. (2007) Reação de cultivares com relação à produção de grãos ardidos em milho. Comunicado técnico 144, Sete Lagoas – MG: Embrapa, 4p.
- Pinto, N.F.J.A.(2005) Grãos ardidos em milho. Circular Técnica 66, Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Sete Lagoas – MG, 5p.

- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Gonçalves L.S.A., Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. (2012) Divergência genética entre acessos de mamoeiro por meio de variáveis morfoagronômicas. *Ciências Agrárias*, 33: 131-142.
- Rangel, R.M., Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., Freitas Júnior, S.P., Candido, L.S. (2011) Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Revista Ciência Agronômica*, 42: 473-481.
- Rangel, R.M., Amaral Júnior, A.T., Scapim, C.A., Freitas Júnior, S.P. (2008). Genetic parameters in parents and hybrids of circulant diallel in popcorn. *Genetics and Molecular Research*, 7: 1020-1030.
- Reis, E. M., Casa, R. T., Bresolin, A. C. R. (2004) Manual de diagnose e controle de doenças no milho. 2. ed. rev. atual. Lages: Graphel, 144p.
- Resende, M.A.V., Freitas, J.A., Lanza, M.A., Resende, M.D.V., Azevedo, C.F. (2014) Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 44: 334-340.
- Ribeiro, R.M.(2015) Impacto da seleção recorrente na variabilidade genética da população UENF-14 de milho pipoca. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 70P.
- Rocha, M.C., Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R., Silva, P.R.A., Carmo, M.G.F., Abboud, A.C.S. (2010) Uso do algoritmo de Gower na Determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. *Acta Scientiarum.Agronomy*, 32: 423-431.

- Rotili, E.A., Cancellier, L.P., Dotto, M.A., Peluzio, J.M., Carvalho, E.V. (2012) Divergência genética em genótipos de milho, no estado do Tocantins. *Ciência Agrônômica*, 43: 516-521.
- Ruffato, S., Corrêa, P.C., Martins, J.H., Mantovani, B.H.M., Silva, J.N. (1999) Influência do processo de secagem sobre a massa específica aparente, massa específica unitária e porosidade de milho pipoca. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola*, 3:45-48.
- Sabato, E.O., Pinto, N.F.J.A., Fernandes, F.T. (2013) Identificação e controle de doenças na cultura do milho. Brasília: Embrapa, 198p.
- Santos, G. R., Gama, F.R., Gonçalves, C.G., Rodrigues, A.C., Leão, E.U., Cardon, C.H., Bonifacio, A. (2013) Severidade de doenças foliares e produtividade de genótipos de milho em resposta à adubação nitrogenada. *Revista Ceres*, 60: 505-513.
- Sawazaki, E. (2001) A cultura do milho pipoca. *O Agrônomo*, Campinas, 53: 11-13.
- Sawazaki, E., Fantin, G.M., Dudienas, C., Castro, G. (2003) Resistência de genótipos de milho pipoca a doenças. *Revista de Agricultura*, 78:149-164.
- Sawazaki, E., Paterniani, M.E.A.G.Z., Ramos Júnior, E.U., Ito, M.A., Barros, V.L.N.P. (2012) Desempenho de híbridos de milho pipoca na safra de verão no Estado de São Paulo. XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo, Águas de Lindóia: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, p.391-395.
- Scapim, C.A., Amaral Júnior, A.T., Vieira, R.A., Moterle, L.M., Teixeira, L.R., Vigano, J., Sandoval Júnior, G.B. (2010) Novos compostos de milho pipoca para o Brasil. *Ciências Agrárias*, 31: 321-330.
- Scapim, C.A., Braccini, A.L., Pinto, R.J.B., Amaral Júnior, A.T., Rodovalho, M.A., Silva, R.M., Moterle, L.M. (2006) Componentes genéticos de médias e

depressão por endogamia em populações de milho pipoca. *Ciência Rural*. 36: 36-41.

Schipanski, C.A. (2011) Tratamento de sementes de milho com fungicidas e indutor de resistência e pulverização foliar para o controle da ferrugem comum do milho (*Puccinia sorghi Schw.*). Dissertação (Mestre em Agronomia) – Ponta Grossa – PR, Universidade Estadual de Ponta Grossa, 73p.

Schuelter, A.R., Souza, I.R.P., Tavares, F.F., Santos, M.X., Oliveira, E., Guimarães, C.T. (2003) Genetic control of maize resistance to phaeophaeria leaf spot. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 02: 80-86.

Sekine, E.S., Castro, L.L., Prioli, A.J., Prioli, S.M.A.P., Prioli, L.M. (2000) Heteroplasmy in the T-urf13 mitochondrial gene of the the Texas cytoplasm of maize. *Acta Scientiarum*, 22: 287-295.

Shaner, G., Finney, R. E. (1977 )The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in knox wheat. *Phytopathology*, 70: 1183-1186.

Silva, G.O., Pereira, A.S., Souza, V.Q., Carvalho, F.I.F., Oliveira, A.C., Bertan, I., Fritsche Neto, R. (2008) Importância de caracteres na dissimilaridade de progênies de batata em gerações iniciais de seleção. *Bragantia*, 67: 141-144.

Silva, H.P., Barbosa, M.P.M., Nass, L.L., Camargo, L.E.A (2001) Capacidade de combinação e heterose para resistência a *Puccinia polysora* Underw. em milho. *Scientia Agricola*, 58:777-783.

Silva, R.G., Galvão, J.C.C., Miranda, G.V., Oliveira, E. (2002) Identificação dos níveis e fontes de resistência aos enfezamentos do milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 01: 18-29.

Silva, R.G., Galvão, J.C.C., Miranda, G.V., Oliveira, E. (2003) Controle genético da resistência aos enfezamentos do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38: 921-928.

- Silva, V.Q.R., Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., Freitas Júnior, S.P., Ribeiro, R.M. (2011) Heterotic parameterizations of crosses between tropical and temperate lines of popcorn. *Acta Scientiarum Agronomy*, 33: 243-249.
- Silva, W.J., Vidal, B.C., Martins, M.E.Q., Vargas, H., Pereira, A.C., Zerbetto, M., Miranda, L.C.M. (1993) What makes popcorn ?. *Nature*, 362: 417.
- Silveira, F.T., Junqueira, B.G., Silva, P.C., Moro, J.R. (2006) Comportamento de linhagens elites de milho para resistência aos enfezamentos. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 05: 431-442.
- Simon, G.A., Kamada, T., Moiteiro, M. (2012) Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. *Semina: Ciências Agrárias*, 33: 449-458.
- Sokal, R.R., Rohlf, F.J.(1962) The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, 11: 33-40.
- Stringhini, J.H., Mogyca, N.S., Andrade, M.A., Orsine, G.F., Café, M.B., Borges, S.A. (2000) Efeito da qualidade de milho no desempenho de frangos de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 29: 191-198.
- Tanaka, M.A.S.(2001) Sobrevivência de *Fusarium moliniforme* em sementes de milho mantidas em duas condições de armazenamento. *Fitopatologia Brasileira*, 26: 60-64.
- Tenaillon, M.J., U'Ren, J., Tenaillon, O., Gaut, B.S. (2004) Selection versus demography: a multilocus investigation of the domestication process in maize. *Molecular Biology and Evolution*. 21:1214-1225.
- Trento, S.M., Irgang, H.H., Reis, E.M. (2002) Efeito da rotação de culturas, da monocultura e da densidade de plantas na incidência de grãos ardidos em milho. *Fitopatologia Brasileira*, 27: 609-613.

- Vale, F.X.R., Parlevliet, J.E., Zambolim, L. (2001) Concepts in plant disease resistance. *Fitopatologia brasileira*, 26: 577-589.
- Van Der Plank, J.C. (1963). Plant disease: epidemics and control. Academic press, New York. 349 p.
- Vieira, R.A., Rodovalho, M.A., Scapim, C.A., Tessmann D.J., Amaral Júnior, A.T., Bignotto, L.S. (2009a) Desempenho agrônômico de novos híbridos de milho pipoca no noroeste do estado do Paraná, Brasil. *Acta Scientiarum Agronomy*, 31: 29-36.
- Vieira, R.A., Tessmann, D.J., Hata, F.T., Souto, E.R., Mesquini, R.M. (2009b) Resistência de Híbridos de milho pipoca a *Exserohilum turcicum* Agente causal da Helmintosporiose do milho. *Scientia Agraria*, 10: 391-395.
- Vittorazzi, C., Amaral Júnior, A. T., Gonçalves L. S. A., Cândido, L. S., Silva, T. R. C (2013) Seleção de pré-cultivares de milho pipoca baseado em índices não-paramétricos. *Revista Ciência Agronômica*, 44: 356-362.
- Vivas, M., Silveira, S. F., Viana, A. P., Amaral Junior, A. T., Ferreguetti, G. A., Pereira, M. G. (2015) Resistance to multiple foliar diseases in papaya genotypes in Brazil. *Crop Protection*, 71: 138-143.
- Wesp, C.L. (2005) Componentes da resistência quantitativa à ferrugem da folha em linhagens recombinantes de aveia. Dissertação (Mestre em Fitotecnia) – Porto Alegre – RS, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 84p.
- Wesp, C.L., Martinelli, J.A., Chaves, M.S., Graichen, F.A.S., Federizzi, L.C. (2008) Herança da resistência quantitativa à ferrugem da folha em linhagens recombinantes de aveia branca. *Tropical Plant Pathology*, 33: 138-147.
- Zinsly, J.R., Machado, J.A. (1987) Milho pipoca. In: Paterniani, E., Viegas, G.P. (Eds.) Melhoramento e produção do milho. Campinas, Fundação Cargill, p.413-421.

## APÊNDICES

Quadro 1A. Análise de variância conjunta entre épocas para avaliação da severidade média (SM) e Área Abaixo da Curva do Progresso da Doença (AACPD) com base na planta e na folha para Helmintosporiose maidis (*C.heterostrophus*)

FV	GL	Planta		Folha	
		SM	AACPD	SM	AACPD
Bloco	3	208,24	20165,79	135,77	33021.37
Genótipo (G)	36	124,38**	22737,19**	140,41 <sup>ns</sup>	21575.79 <sup>ns</sup>
Época (E)	1	955,62**	9497121,52**	97271,80**	35612893.17**
G*E	36	40,16 <sup>ns</sup>	6744,29 <sup>ns</sup>	117,68**	16961.92**
Resíduo	219	30,07	4812,91	14,12	2580.91
Média		67.43	884,83	135,77	384,66
CVe (%)		8.13	7,84	140,41	13,21
$\sigma^2G$		10,52	1999,11	2,84	576,73
$\sigma^2G*A$		2,52	482,85	25,89	3595,25
$h^2$		67,71	70,34	16,18	21,38
CVg(%)		4,81	5,05	8,18	6,24
IV (CVg/CVe)		0,59	0,64	0,45	0,47

<sup>ns</sup>, \*, \*\*, respectivamente, não significativo, significativo a 0,05 e a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

Quadro 2A. Análise de variância com base na planta, da severidade média (SM) e Área Abaixo da Curva do Progresso da Doença (AACPD) de helmintosporiose maidis (*C. heterostrophus*) em 1ª e 2ª safra.

FV	GL	Severidade Média		AACPD	
		Primeira Safra	Segunda Safra	Primeira Safra	Segunda Safra
Bloco	3	476,34	135,14	36076,96	21924.84
Genótipo (G)	36	99,01**	65,53**	14414,63**	15066.86**
Resíduo	108	37,64	12,13	6469,17	2239.34
Média		69.23	65,63	1063,95	705,71
CVe (%)		8.86	5,31	7,56	6,71
$\sigma^2G$		15.34	13,35	1986,36	3206,88
$h^2$		61.98	81,49	55,12	85,14

<sup>ns</sup>, \*, \*\*, respectivamente, não significativo, significativo a 0,05 e a 0,01 de probabilidade pelo teste F.



Quadro 3A. Análise de variância com base na folha, da severidade média (SM) e Área Abaixo da Curva do Progresso da Doença (AACPD) de helmintosporiose maidis (*C. heterostrophus*) em 1ª e 2ª safra.

FV	GL	Severidade Média		AACPD	
		Primeira Safra	Segunda Safra	Primeira Safra	Segunda Safra
Bloco	3	4,37	270,91	988,91	65586,88
Genótipo (G)	36	2,37 <sup>ns</sup>	255,71**	625,02 <sup>ns</sup>	37912,70**
Resíduo	108	0,89	23,86	274,70	4026,74
Média		2,48	38,74	37,80	731,53
CVe (%)		38,00	12,61	43,85	8,67
$\sigma^2G$		0,37	57,96	87,58	8471,49
$h^2$		62,45	90,67	56,05	89,38

<sup>ns</sup>, \*, \*\*, respectivamente, não significativo, significativo a 0,05 e a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

Quadro 1B. Análise de variância conjunta entre épocas para avaliação da severidade média (SM) e Área Abaixo da Curva do Progresso da Doença (AACPD) com base na planta e na folha para Helmintosporiose comum (*S. seti*)

FV	GL	Planta		Folha	
		SM	AACPD	SM	AACPD
Bloco	3	621,61	234387,67	491,68	97867,34
Genótipo (G)	36	726,16**	131679,05**	153,66 <sup>ns</sup>	29263,51 <sup>ns</sup>
Época (E)	1	559,71 <sup>ns</sup>	2640022,98*	1504,76**	92071,63*
G*E	36	38,25*	57454,97 <sup>ns</sup>	119,92**	19963,30**
Resíduo	219	198,29	53046,06	40,65	8722,78
Média		39,45	611,93	7,30	107,18
CVe (%)		35,70	37,64	87,36	87,13
$\sigma^2G$		52,24	9278,01	4,22	1162,53
$\sigma^2G*A$		27,49	1102,23	19,82	2810,13
$h^2$		57,55	56,36	21,95	31,78
CVg(%)		18,32	15,74	28,13	31,81
IV (CVg/CVe)		0,51	0,41	0,32	0,36

<sup>ns</sup>, \*, \*\*, respectivamente, não significativo, significativo a 0,05 e a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

Quadro 2B. Análise de variância com base na planta, da severidade média (SM) e Área Abaixo da Curva do Progresso da Doença (AACPD) de helmintosporiose comum (*S. seta*) em 1ª e 2ª safra.

FV	GL	Severidade Média		AACPD	
		Primeira Safra	Segunda Safra	Primeira Safra	Segunda Safra
Bloco	3	717,87	2138,45	209422,97	993071,37
Genótipo (G)	36	442,24**	592,17**	66667,22*	122466,80**
Resíduo	108	214,31	125,71	49764,97	30908,80
Média		40,82	38,07	706,37	517,48
CVe (%)		35,86	29,45	31,58	33,97
$\sigma^2G$		56,98	116,62	4225,56	22889,50
$h^2$		51,54	78,77	25,35	74,76

<sup>ns</sup>, \*, \*\*, respectivamente, não significativo, significativo a 0,05 e a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

Quadro 3B. Análise de variância com base na folha, da severidade média (SM) e Área Abaixo da Curva do Progresso da Doença (AACPD) de helmintosporiose comum (*S. seta*) em 1ª e 2ª safra.

FV	GL	Severidade Média		AACPD	
		Primeira Safra	Segunda Safra	Primeira Safra	Segunda Safra
Bloco	3	170,67	827,54	66433,99	134981,35
Genótipo (G)	36	18,47 <sup>ns</sup>	255,11**	5717,04 <sup>ns</sup>	43509,77**
Resíduo	108	13,22	55,14	4452,00	10359,53
Média		5,04	9,55	89,55	124,82
CVe (%)		72,09	77,73	74,51	81,54
$\sigma^2G$		1,31	49,99	316,26	8287,56
$h^2$		28,41	78,38	22,13	76,19

<sup>ns</sup>, \*, \*\*, respectivamente, não significativo, significativo a 0,05 e a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

Quadro 1C. Análise de variância conjunta entre épocas para avaliação da severidade média (SM) e Área Abaixo da Curva do Progresso da Doença (AACPD) com base na planta e na folha para Ferrugem polissora (*P. polyssora*)

FV	GL	Planta		Folha	
		SM	AACPD	SM	AACPD
Bloco	3	426.89	48874.16	155.33	34079.31
Genótipo (G)	36	427.84**	83338.49**	158.88 <sup>ns</sup>	31461.83**
Época (E)	1	5658.89**	10851918.39**	75509.04**	30619040.92**
G*E	36	132.33**	16498.73 <sup>ns</sup>	72.36**	11264.74**
Resíduo	219	53.75	12709.33	14.69	3622.35
Média		56.75	747.45	22.39	410.88
CVe (%)		12.92	15.08	17.12	14.65
$\sigma^2G$		36,94	8354,97	10,82	2524,64
$\sigma^2G*A$		19,64	947,35	14,42	1910,60
$h^2$		69,07	80,20	54,45	64,19
CVg(%)		10,71	12,23	14,69	12,23
IV (CVg/CVe)		0,83	0,81	0,86	0,83

<sup>ns</sup>, \*, \*\*, respectivamente, não significativo, significativo a 0,05 e a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

Quadro 2C. Análise de variância com base na planta, da severidade média (SM) e Área Abaixo da Curva do Progresso da Doença (AACPD) de Ferrugem polissora (*P. polyssora*) em 1<sup>a</sup> e 2<sup>a</sup> safra.

FV	GL	Severidade Média		AACPD	
		Primeira Safra	Segunda Safra	Primeira Safra	Segunda Safra
Bloco	3	48.63	919.89	23723.62	102707.09
Genótipo (G)	36	110.93**	449.24**	44976.64**	54860.58**
Resíduo	108	44.65	49.29	17975.36	5642.00
Média		61.12	52.38	938.92	555.98
CVe (%)		10.93	13.40	14.28	13.51
$\sigma^2G$		16.57	99.99	6750.32	12304.65
$h^2$		59.75	89.03	60.03	89.72

<sup>ns</sup>, \*, \*\*, respectivamente, não significativo, significativo a 0,05 e a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

Quadro 3C. Análise de variância com base na folha, da severidade média (SM) e Área Abaixo da Curva do Progresso da Doença (AACPD) de Ferrugem polissora (*P. polyssora*) em 1ª e 2ª safra.

FV	GL	Severidade Média		AACPD	
		Primeira Safra	Segunda Safra	Primeira Safra	Segunda Safra
Bloco	3	0.85	309.53	1308.34	78061.40
Genótipo (G)	36	20.52**	210.72**	6041.51**	36685.07**
Resíduo	108	5.75	19.73	1743.33	4343.92
Média		6.41	38.36	89.26	732.51
CVe (%)		37.37	11.58	46.78	9.00
$\sigma^2G$		3.69	47.75	1074.54	8085.29
$h^2$		72.00	90.64	71.14	88.16

<sup>ns</sup>, \*, \*\*, respectivamente, não significativo, significativo a 0,05 e a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

Quadro 1D. Análise de variância conjunta de épocas para Incidência de Espigas Podres (IEP), Incidência de Espigas Podres por *Fusarium* Spp.(IEPF), Severidade de Espigas Podres por *Fusarium* Spp.(SEPF) e Incidência de Grãos Ardidos (IGA).

FV	GL	IEP	IEPF	SEPF	IGA
Bloco	3	1386,89	312,72	1225,83	274,57
Genótipo (G)	36	1515,60**	2347,89**	1463,80*	714,10**
Época (E)	1	27658,33**	89325,22**	13660,94**	42291,53**
G*E	36	658,64 <sup>ns</sup>	703,45**	1508,57*	478,18**
Resíduo	219	515,37	283,55	904,43	190,76
Média		23,34	36,58	61,52	14,26
CVe (%)		97,27	46,03	48,89	96,83
$\sigma^2G$		125,03	258,04	69,92	65,42
$\sigma^2G*A$		35,82	104,97	151,03	71,86
$h^2$		66,00	87,92	38,21	73,29
CVg(%)		47,91	43,91	13,59	56,70
IV (CVg/CVe)		49,25	95,40	27,80	58,56

<sup>ns</sup>, \*, \*\*, respectivamente, não significativo, significativo a 0,05 e a 0,01 de probabilidade pelo teste F.

Quadro 2D. Análise de variância por épocas de cultivo para Incidência de Espigas Podres (IEP), Incidência de Espigas Podres por *Fusarium* Spp.(IEPF), Severidade de Espigas Podres por *Fusarium* Spp.(SEPF) e Incidência de Grãos Ardidos (IGA).

FV	GL	IEP		IEPF		SEPF		IGA	
		1ª Safra	2ª Safra	1ª Safra	2ª Safra	1ª Safra	2ª Safra	1ª Safra	2ª Safra
Bloco	3	3651,79	342,97	203,45	432,53	2686,45	1424,56	651,04	5,36
Genótipo	36	1774,58**	399,67**	2326,04**	725,30**	1484,50**	1487,86 <sup>ns</sup>	1166,11**	26,17**
Resíduo		754,35	218,26	359,83	206,16	563,16	1190,69	363,33	12,88
Média		33,01	13,67	53,95	19,21	68,31	54,72	26,22	2,31
CVe (%)		83,21	108,05	35,16	74,75	34,74	63,06	72,71	155,3
$\sigma^2G$		255,06	45,35	491,55	129,78	230,34	74,29	200,7	3,32
$h^2$		57,00	45,00	85,00	72,00	62,00	20,00	69,00	51,00

<sup>ns</sup>, \*, \*\*, respectivamente, não significativo, significativo a 0,05 e a 0,01 de probabilidade pelo teste F.