

**CONTROLE GENÉTICO E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS PARA
RESISTÊNCIA A MÚLTIPLAS DOENÇAS FOLIARES E
CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS EM MILHO-PIPOCA**

JULIANA SALTIRES SANTOS

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY
RIBEIRO**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2020**

**CONTROLE GENÉTICO E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS PARA
RESISTÊNCIA A MÚLTIPLAS DOENÇAS FOLIARES E
CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS EM MILHO-PIPOCA**

JULIANA SALTIRES SANTOS

“Tese 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 Doutora em Produção Vegetal.”

Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Junior

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2020**

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

S237

Santos, Juliana Saltires.

Controle genético e seleção de híbridos para resistência a múltiplas doenças foliares e características agrônômicas em milho-pipoca / Juliana Saltires Santos. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

108 f. : il.
Inclui bibliografia.

Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2020.
Orientador: Antonio Teixeira do Amaral Junior.

1. *Zea mays* L.. 2. Resistência genética. 3. Efeito gênico. 4. Seleção de genótipos. 5. Análise multivariada. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 630

CONTROLE GENÉTICO E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS PARA RESISTÊNCIA A MÚLTIPLAS DOENÇAS FOLIARES E CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS EM MILHO-PIPOCA


JULIANA SALTIRES SANTOS

“Tese 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 Doutora em Produção Vegetal.”

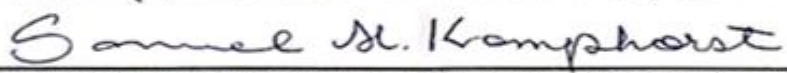
Aprovada em 18 de fevereiro de 2020


Comissão Examinadora:


Prof.ª Ana Paula Cândido Gabriel Berilli (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - IFES


Dr.ª Janieli Maganha Silva Vivas (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF


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


Dr. Samuel Henrique Kamphorst (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF


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

A Deus, por toda providência.

Ao meus pais Welson Saltires Santos
e Nilza Teles dos Santos (*in memoriam*), pelo apoio.

AGRADECIMENTOS

A Deus em primeiro lugar, por ter concedido saúde e paciência para seguir em frente, mesmo em meio a tantas dificuldades;

À minha família e amigos por acreditar e investir em mim. Agradeço, em especial, ao meu pai Welson, por emitir força, coragem e incentivo em momentos de tristeza e fraquezas, à minha irmã Amanda e aos meus sobrinhos. Ao Diego pela confiança, amor sincero, amizade e paciência;

Aos amigos Gabrielle, Yure, Fabio, Jocarla e Elisangela pela força, amizade, conselhos, ao longo dos quatro anos de doutorado;

Aos amigos que pertenceram ao laboratório de milho-pipoca da UENF, pelo apoio, compreensão e amizade em especial a Amanda, Cassio, Fernando Higino, Guilherme, Janeo, Rodrigo, Thiago, Fernando, Adriano, Ismael Schegoscheski, Jose Arantes, Ismael Schwantes Lilian Candido, Pablo e aos demais companheiros que atualmente estão no laboratório, Samuel, Valter, Jhean, Divino, Katia, Rosemeire, Talles, Pedro, Janieli, Gabriel, Marcelo, Valdinei, Shahid pela amizade e ajuda durante essa caminhada. Aos novos integrantes da equipe de milho-pipoca, Rafael, Julio, Rysley, Mayara, Fernanda e Luana, pelo companheirismo e troca de experiência. Aos companheiros que conheci na UENF e que fizeram parte dessa trajetória Isabela, Moisés e Juliana Mesquita.

Ao professor Dr. Marcelo Vivas, pela amizade, confiança, paciência, troca de experiências, disponibilidade em todos os momentos e ensinamentos transmitidos, que significativamente contribuíram para minha formação profissional e pessoal;

Ao professor Dr. Antônio Teixeira do Amaral Junior, meu orientador, pela oportunidade oferecida;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e ao Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal, pela oportunidade de realização do Doutorado e pelas condições de trabalho;

Ao Sr. Geraldo, por toda paciência, conselho, experiência de campo, dedicação e disponibilidade em ajudar;

Aos colegas e companheiros de turma e às demais pessoas que, de alguma forma, contribuíram para esse trabalho, que considero mais uma vitória em minha vida.

Este trabalho foi desenvolvido com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

SUMÁRIO

| | |
|--|----|
| ABSTRACT | ix |
| 1. INTRODUÇÃO | 1 |
| 2. REVISÃO DE LITERATURA | 5 |
| 2.1 Aspectos gerais do milho-pipoca e o mercado no Brasil | 5 |
| 2.2 Principais doenças do milho-pipoca em diferentes safras | 7 |
| 2.2.1 Helmintosporiose comum | 8 |
| 2.2.2 Helmintosporiose maydis..... | 9 |
| 2.2.3 Ferrugem polissora..... | 10 |
| 2.3 Análise dialéctica para resistência a doenças foliares | 11 |
| 2.4 Modelos mistos via REML/BLUP | 12 |
| 2.5 Abordagem multivariada na seleção de genótipos | 14 |
| 3. TRABALHOS..... | 17 |
| 3.1 Mérito genético de linhagens e híbridos de milho-pipoca a múltiplas doenças foliares e atributos agronômicos | 17 |
| Resumo | 17 |
| Abstract | 18 |
| Introdução | 20 |
| Material e Métodos | 22 |
| Resultados e Discussão | 27 |
| Conclusões..... | 39 |
| Referências Bibliográficas | 40 |

| | |
|--|----|
| 3.2 Resistência de híbridos de milho-pipoca a múltiplas doenças e correlação entre intensidade de doenças foliares e características agronômicas | 48 |
| Resumo | 48 |
| Abstract | 49 |
| Introdução | 51 |
| Material e Métodos | 53 |
| Resultados e Discussão | 58 |
| Conclusões..... | 70 |
| Referências Bibliográficas | 71 |
| 4. Resumo e Conclusões | 77 |
| 5. Referências Bibliográficas | 80 |

RESUMO

Santos, Juliana Saltires, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Fevereiro de 2020. Controle genético e seleção de híbridos para resistência a múltiplas doenças foliares e características agronômicas em milho-pipoca. Orientador: Prof. Dr. Antônio Teixeira do Amaral Junior. Coorientador: Prof. Dr. Marcelo Vivas.

Apesar da intensificação de estudos, a fim de desenvolver variedades e híbridos superiores de milho-pipoca para produtividade e capacidade de expansão ainda é necessário superar algumas deficiências que proporcionam perdas na produção de grãos na cultura. Entre elas, destacam-se as ocorrências de doenças, com proeminência para a helmintosporiose maydis, helmintosporiose comum e ferrugem polissora, que apresentam grande potencial de dano à cultura. Neste cenário, torna-se evidente a necessidade de realizar estudos que tencionam obter informações que possibilitem a identificação de genótipos que apresentem resistência genética a essas doenças. Assim sendo, realizou-se o presente estudo com o objetivo de estimar os efeitos gênicos e as capacidades combinatórias via modelos mistos, bem como as correlações entre as características agronômicas e as características relacionadas às principais doenças foliares ocorrentes na cultura. Adicionalmente, tencionou-se, via análise de componentes principais, discriminar genótipos que reúnam, simultaneamente, o maior número de características favoráveis associadas à resistência genética de

doenças foliares, ao rendimento de grãos e à capacidade de expansão. Para tanto, foram avaliados 64 tratamentos, constituídos por oito genitores (L76, L88, L70, L77, L55, L61, P1 e P8) e 56 híbridos simples (F_{1s} e recíprocos), obtidos pelo inter cruzamento das oito linhagens genitoras em esquema dialélico completo. Os ensaios foram implementados em blocos casualizados, com quatro repetições, em duas épocas de cultivo (primeira e segunda época). Avaliou-se a: incidência de *Puccinia polysora* (IPP), *Bipolaris maydis* (IBM) e *Exserohilum turcicum* (IET); severidade de *P. polysora* (SPP), *B. maydis* (SBM) e *E. turcicum* (SET); rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). Os dados das avaliações foram submetidos à análise de modelos mistos para estimar os componentes de variância da capacidade combinatória e a análise de componentes principais para discriminação dos genótipos. Observou-se que o componente genético não aditivo, independentemente da época de cultivo, apresentou maior importância para resistência a *E. turcicum*, *B. maydis*, *P. Polysora* e para as características agrônômicas rendimento de grãos e capacidade de expansão. Não foi observado efeito recíproco para as características avaliadas. As linhagens L61, L70 e L76 e os híbridos L61 x L76, L61 x L77 e L76 x P1 foram os mais promissores para serem cultivados nas duas épocas de cultivo, com a intenção de reduzir os níveis das doenças e obter maiores rendimentos de grãos e capacidade de expansão. Por meio da análise de componentes principais, foi possível identificar que as características associadas a doenças foliares foram as mais importantes na discriminação de genótipos nas duas épocas de cultivo. Estes resultados podem auxiliar na seleção de genótipos mais produtivos, uma vez que as intensidades das doenças avaliadas influenciam diretamente a produtividade de milho-pipoca. Foi possível também selecionar os híbridos P8 x L76 e L70 x P8 para serem utilizados na primeira época de cultivo e o híbrido L61 x L77 para utilização na segunda época de cultivo, por se destacarem com o maior número de características favoráveis à resistência a doenças e elevado potencial para rendimento de grãos e capacidade de expansão.

ABSTRACT

Santos, Juliana Saltires, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. February, 2020. Genetic control and selection of hybrids for resistance to multiple leaf diseases and agronomic traits in popcorn. Advisor: Prof. Antonio Teixeira do Amaral Junior. Co-Advisor: Prof. Marcelo Vivas.

Despite the intensification of studies, breeding popcorn can still overcome some deficiencies that provide great economic savings for the crop. Among these, the occurrence of diseases, with emphasis on southern corn leaf blight, northern corn leaf blight and polysora rust, which have great potential for damage to the crop, are highlighted. Given the above, it becomes evident the need to carry out genetic studies in order to obtain information that allows the identification of genotypes that have genetic resistance to these diseases. In this context, the present study was developed with the objective of estimating gene effects and combining abilities via mixed models, as well as the correlations between agronomic traits and traits related to the main leaf diseases occurring in the crop. In addition, it was intended, via principal component analysis, to discriminate genotypes that simultaneously have the greatest number of favorable traits associated with the genetic resistance to leaf diseases, grain yield, and popping expansion. For that, 64 treatments were evaluated, consisting of eight parents (L76, L88, L70, L77, L55, L61, P1, and P8) and 56 simple hybrids (F_{1s} and Reciprocal), obtained by intercrossing the eight parent lines in a complete diallel scheme. The tests were

carried out in randomized blocks, with four replicates, in two growing seasons (summer and winter seasons). The following traits were evaluated: incidence of *Puccinia polysora* (PPI), *Bipolaris maydis* (BMI), and *Exserohilum turcicum* (ETI); severity of *P. polysora* (PPS), *B. maydis* (BMS), and *E. turcicum* (ETS); grain yield (GY); and popping expansion (PE). Data were submitted to the analysis of mixed models to estimate the components of variance of the combining ability and the analysis of main components for discrimination of the genotypes. All analyzes were performed using the R software. It was observed that the non-additive genetic component, regardless of the growing season, was of greater importance for resistance to *E. turcicum*, *B. maydis*, *P. Polysora*, and for the agronomic traits grain yield and popping expansion. There was no reciprocal effect for the traits evaluated. Lines L61, L70, and L76 and hybrids L61 x L76, L61 x L77, and L76 x P1 were the most promising to be grown in the two growing seasons, with the intention of reducing disease levels and obtaining higher grain yields and popping expansion. By the analysis of main components, it was possible to identify that the traits associated with leaf diseases were the most important in the discrimination of genotypes in the two growing seasons. These results can assist in the selection of more productive genotypes since the intensities of the diseases evaluated directly influence the productivity of popcorn. It was also possible to select hybrids P8 x L76 and L70 x P8 to be used in the summer harvest, and hybrid L61 x L77 for use in the winter harvest, as they stand out with the greatest number of favorable traits for disease resistance and high potential for grain yield and popping expansion.

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca é considerado uma cultura que possui alto valor econômico, principalmente, devido ao elevado consumo pela população e por apresentar grande valor comercial do grão. Grande parte da produção de grãos de milho-pipoca encontrada no mercado ainda é importada (Filho et al., 2017), sobretudo, dos Estados Unidos da América e da Argentina (Freitas Júnior et al., 2009; Carvalho et al., 2015). Embora estudos tenham revelado aumento no desenvolvimento de cultivares de milho-pipoca no mercado brasileiro (Arnhold et al., 2009; Mendes de Paula et al., 2010), ainda existe na cultura, necessidade de desenvolver genótipos que atendam ao mercado consumidor (Vilela et al., 2008; Rangel et al., 2011; Guimarães et al., 2018).

Segundo o Registro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), até maio de 2019, existiam 112 cultivares registradas. Porém, um pouco mais de 75% dos registros pertencem a empresas empacotadoras que estabelecem acesso restrito de uso com os produtores parceiros (Scapim, 2010). Deste modo, observa-se que a disponibilidade de cultivares para agricultores que não possuem vínculo com essas empresas torna-se um dos principais problemas no que se refere à comercialização e ao cultivo do milho-pipoca no Brasil.

Na cultura além da indisponibilidade de genótipos já mencionada, outro fator que interfere na reduzida produção de grãos é o ataque de patógenos causadores de diversas doenças. Segundo Vieira et al. (2009a), a incidência e a severidade de

doenças na cultura do milho vêm aumentando de importância. Esse aumento se deve, principalmente, em virtude de expansão da fronteira agrícola, da ampliação das épocas de plantio, da adoção do sistema de plantio direto sem a rotação de culturas, do aumento do uso de sistemas de irrigação e do cultivo de genótipos suscetíveis. Esses fatores têm sido responsáveis por interferir na dinâmica populacional dos patógenos, o que resulta no crescimento da ocorrência de doenças a cada safra (Cota et al., 2015).

Entre as doenças ocorrentes na cultura, destacam-se a helmintosporiose comum [*Exserohilum turcicum* (Pass.) K.J Leonard e Suggs (1974); teleomorfo *Setosphaeria turcica* (Luttr.) K.J Leonard e Suggs (1974)], a helmintosporiose maydis [*Bipolaris maydis* (Nisik e Myiake) Shoemaker (1959); teleomorfo *Cochliobolus heterostrophus* (Drechsler) Drechsler (1934)]; e a ferrugem polissora [*Puccinia polysora* Underw (1897)]. Tais doenças causam grande prejuízo à cultura, com redução da área fotossintetizante, em decorrência da colonização dos patógenos em grande parte do tecido foliar, o que resulta na necrose, na senescência precoce e, conseqüentemente, na redução da produtividade de grãos (Gonçalves et al., 2012; Faria et al., 2015; Moterle e Santos, 2019).

Há que se ressaltar que as principais medidas de controle utilizadas no manejo das doenças foliares são baseadas no uso de resistência genética de híbridos e aplicação de fungicidas (Costa et al., 2012a, 2012b; Adee e Duncan, 2016; Pate et al., 2017). Contudo, para a adoção dessas medidas, alguns critérios devem ser estabelecidos, para que o benefício no controle das doenças seja superior ao custo da sua utilização. Segundo Cota et al. (2018), o controle químico é uma prática de manejo altamente eficiente, rápida e emergencial, que deve ser empregado em situações de elevada incidência da doença. Por outro lado, ao considerar a possibilidade de surgimento de populações de patógenos resistentes às moléculas fungicidas, em razão do seu uso intensivo, do alto custo de sua utilização e dos efeitos negativos desses produtos ao meio ambiente, o emprego de cultivares resistentes é a forma de manejo mais viável para o controle das doenças foliares (Cota et al., 2018; Mubeen et al., 2017).

Nos programas de melhoramento genético para resistência a doenças, a busca por cultivares que apresentem resistência e/ou tolerância é um processo contínuo e necessário. O surgimento de novas raças fisiológicas tem refletido na “quebra” de resistência das cultivares utilizadas pelos agricultores (Casela, 2005), e,

por este fato, um grande esforço vem sendo realizado pelo melhoramento genético para a obtenção de novas cultivares que apresentem resistência durável a algumas doenças. Com isso, o conhecimento sobre o controle genético de doenças foliares, em condições distintas de cultivo, torna-se essencial para o desenvolvimento de novas cultivares, permitindo um melhor direcionamento do melhorista quanto ao método de melhoramento mais adequado para ser empregado.

Algumas Instituições que atuam com o melhoramento de plantas já avaliaram doenças foliares em milho-pipoca. Entre elas, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), que, desde 2012, vem atuando na avaliação e busca de estratégias de melhoramento genético com o intuito de desenvolver cultivares de milho-pipoca resistentes à helmintosporiose comum, à helmintosporiose maydis e à ferrugem polissora. Diferentes trabalhos foram realizados com o objetivo de avaliar a resistência dos genótipos presentes no Banco de Germoplasma da UENF e de determinar parâmetros importantes a serem utilizados na obtenção de cultivares resistentes a essas doenças foliares.

Ribeiro et al. (2016) avaliaram a resistência à *E. turcicum* em sete ciclos de seleção recorrente da população UENF-14 e observaram que é válida a possibilidade de selecionar famílias resistentes, através dos ciclos, sem que haja a perda da fonte de resistência durante a seleção. Fontes de resistência a *E. turcicum* (Kurosawa et al., 2017), *B. maydis* (Kurosawa et al., 2018) e *P. polysora* (Kurosawa et al., 2016) foram identificadas em linhagens endogâmicas presentes no banco de germoplasma de milho-pipoca da UENF, o que possibilita utilizar esses genótipos para desenvolver cultivares resistentes. Amaral Junior et al. (2019) avaliaram linhagens endogâmicas de milho-pipoca e encontraram duas fontes de resistência a *B. maydis* que podem ser utilizadas em ambientes com condições distintas de fósforo. Mafra et al. (2018) identificaram efeitos aditivos no controle genético da resistência a *P. polysora*, quando se avaliaram 16 linhagens endogâmicas em esquema de dialelo circulante.

Ainda que os trabalhos desenvolvidos tenham fornecido importantes informações para o desenvolvimento de cultivares resistentes, existe a necessidade de mais estudos com metodologias que permitam estimar parâmetros úteis na seleção de genótipos resistentes a doenças foliares, a fim de aumentar a precisão na seleção e indicação de genótipos resistentes a essas doenças. Para tanto, o emprego de análises via modelos mistos é uma ferramenta útil a ser utilizada com o

intuito de aumentar o sucesso na seleção com a obtenção de ganhos genéticos mais expressivos. Segundo Freitas et al. (2013), em plantas anuais, o método tem demonstrado grande potencial na realização de análises genéticas, resultando em maior acurácia dos resultados.

Outro aspecto importante considerado na seleção de genótipos é o emprego de análise multivariada. Tal análise possibilita selecionar genótipos que reúnam o maior número de características favoráveis e, assim, obter ganhos genéticos satisfatórios, que visem, atender a demanda de produtores e consumidores. Em milho-pipoca, a seleção de genótipos para as principais características está voltada para análises univariadas (Galvão et al., 2000; Sawazaki et al., 2000; Vieira et al., 2009; Scapim et al., 2010; Silva et al., 2013; de Sousa et al., 2016; Kurosawa et al., 2017), as quais não permitem estimar um efeito baseado na correlação entre as características. Dessa forma, torna-se necessária a realização de trabalhos que agreguem análises multivariadas para discriminação de genótipos, com o objetivo de diminuir a intensidade de doenças e de aumentar a magnitude das características agronômicas — rendimento de grãos e capacidade de expansão — em milho-pipoca.

Este trabalho teve como objetivo estimar o controle genético via modelos mistos, bem como identificar a relação existente entre a resistência genética a doenças foliares e as características agronômicas — rendimento de grãos e capacidade de expansão —, em distintas épocas de cultivo. Além disso, buscou-se selecionar híbridos de milho-pipoca e identificar, a partir da técnica de componentes principais, os caracteres que mais influenciam a seleção de híbridos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos gerais do milho-pipoca e o mercado no Brasil

O milho-pipoca é uma planta herbácea anual, monóica, pertencente à família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays* L. everta ($2n = 20$) (Gaut et al., 2000; Tenaillon et al., 2004). Trata-se de uma cultura essencialmente alógama, pois a fecundação é cruzada entre indivíduos em uma população (Paterniani e Campos, 2005).

A origem do milho-pipoca mais aceita refere-se ao teosinto como ancestral silvestre do milho (Bennetzen et al., 2001). Entretanto, outras hipóteses têm sido sugeridas como, por exemplo, a origem a partir de mutação do milho comum do tipo Flint (Kantety et al., 1995). Alguns autores argumentam que essa hipótese é pouco provável de ter ocorrido, pois evidências arqueológicas (Brunson, 1955; Grobman et al., 2012) indicam que o exemplar mais antigo encontrado é o de milho-pipoca (Takahashi et al., 1999; Fu et al., 2010).

As hipóteses sobre a origem do milho-pipoca apresentam algumas lacunas, que necessitam ser preenchidas com mais informações e explicações para serem conclusivas. Apesar dessas incertezas, o milho-pipoca teve um grande papel no desenvolvimento do milho, sendo sua participação de extrema importância para a formação do patrimônio genético atual da espécie *Zea mays* (Zinsly e Machado, 1987; Pereira, 2004).

Em se tratando do milho-pipoca, a principal característica que o difere dos outros milhos é que seus grãos, quando aquecido a aproximadamente 180 °C, são

capaz de estourar, formando a pipoca (Freitas Júnior et al., 2009; Scapim et al., 2010). Esse fenômeno é chamado de capacidade de expansão, o qual consiste na relação entre o volume da pipoca e o volume do grão de milho. Essa relação pode ser medida em volume/volume (mL/mL) ou volume/gramas (mL/g), sendo a amostra em peso mais precisa, devido à comercialização dos grãos ser efetuada por peso, enquanto o produto final, avaliado por volume.

Além disso, quando comparado com o milho comum, a planta apresenta porte menor, colmo mais fino, menor número de folhas, maior prolificidade, maior tamanho do pendão e grãos menores (Ziegler e Ashman, 1994). Os grãos podem ser encontrados com uma grande variação no tamanho (0,5 a 1,0 cm), no formato (redondo, chato ou pontiagudo) e na coloração (rosa, creme, vermelha, roxa, preta ou azul) (Zinsly e Machado, 1978). Segundo Silva et al. (2016), algumas raças de milho-pipoca apresentam endosperma de coloração branca, amarela, laranja e marrom.

Sua importância econômica está atrelada à grande apreciação popular, sendo que esse sucesso se deve, em parte, à associação da pipoca ao consumo doméstico e a locais de diversão, tais como, cinemas, parques, circos (Popcorn, 2019). Em decorrência do aumento do consumo no mercado brasileiro, seu cultivo tem se expandido para atender à demanda, tornando-se cada vez mais rentável a produção do milho-pipoca para os produtores (Moterle et al., 2012). Porém, existem algumas limitações para a expansão do cultivo de milho-pipoca no País, como: a necessidade de investimento dos produtores em tecnologias apropriadas para o manejo da cultura e adoção de parcerias com empresas que facilite a comercialização dos grãos (Sawazaki, 2010; Kist et al., 2018).

No Brasil, a região de maior produção de grãos é o Centro-Oeste, com o Estado do Mato Grosso como o maior produtor de milho-pipoca (Kist et al., 2018). Segundo Kist et al. (2019), na safra de 2018 a produção de grãos foi de 268.402 mil toneladas e 60.017 mil hectares de área plantada, tendo o maior cultivo concentrado, no município de Campo Novo do Parecis. Em algumas regiões do País, existe uma maior concentração da produção de grãos, principalmente próximo às grandes empresas empacotadoras (Sawazaki, 2010). A proximidade entre os produtores de milho-pipoca e as empresas empacotadoras ocorre por razões de contratos de parceria envolvendo o fornecimento de sementes e a compra parcial ou total da produção (Sawazaki, 2010).

Existe a necessidade de disponibilizar novas cultivares como forma de incentivar o cultivo de milho-pipoca em diferentes regiões do País. Com essa perspectiva, os programas de melhoramento para as principais características do milho-pipoca vêm atuando, nas últimas décadas, na redução das importações dos grãos, a partir do desenvolvimento de novas cultivares adaptadas às diferentes regiões do Brasil (Silva et al., 2010; Silva et al., 2013).

2.2 Principais doenças do milho-pipoca em diferentes safras

O elevado consumo de milho-pipoca pela população promoveu o aumento na produção de grãos. Essa situação levou os produtores a explorarem novas áreas agrícolas para o semeio da cultura, além de buscarem diferentes épocas de cultivo. Entretanto, no Brasil tem-se observado que, houve um aumento da frequência na disseminação e no ataque de patógenos em função da extrema diversidade de sistemas de produção imposta a essa cultura, aliada às novas práticas agrícolas (Cota et al., 2015), resultando em uma maior severidade das doenças e permitindo a ocorrência de outras doenças consideradas secundárias para a cultura.

É reconhecido que, no geral, a época de semeadura promove alteração no ciclo da cultura e modifica aspectos fisiológicos e morfológicos, que podem afetar os componentes de produção (Buso et al., 2017). No Brasil, a produção de grãos em semeio de segunda safra é reduzida, devido às anormalidades climáticas ocorrentes nesse período, principalmente em razão da temperatura, umidade e pela distribuição de chuvas (Vaz-de-Melo et al., 2012; Almeida et al., 2017). Além desses, apontam-se fatores bióticos interferem de forma negativa na cultura, resultando no aumento de inóculos de patógeno, principalmente aqueles causados por fungos (Juliatti et al., 2007b).

Os riscos de perda na produção de grãos, ocasionados por cultivo na primeira safra, correspondente ao período de outubro a março, são menores do que o cultivo em segunda safra, período de maio a setembro. Por esse motivo, existe uma maior tendência do produtor a optar por cultivo de milho-pipoca na primeira safra, período que proporcionará maior produção de grãos e, conseqüentemente, maiores lucros. O cultivo de segunda safra nos últimos 15 anos teve uma crescente expansão (Neto, 2019), proporcionando uma importante alternativa de renda para os produtores, principalmente por ser realizada fora da época normal de cultivo e por

gerar menor custo de produção, em virtude da redução no uso de insumos pra o seu cultivo (Associação Brasileira dos Produtores de Sementes, 2002).

Assim, torna-se comum a ocorrência de diversas doenças na cultura do milho-pipoca, em que as épocas de cultivo influenciam na sua intensidade. Considerando as perdas ocasionadas na produção de grãos na cultura, as doenças que merecem destaque são: o complexo das ferrugens [*Puccinia polysora* Underw, *Puccinia sorghi* Schw. e *Physopellazeae* (Mains) Cummins e Ramachar], a mancha-branca [*Phaeosphaeria maydis* (P. Henn) Rane, Payak e Renfro], a helmintosporiose comum [*Exserohilum turcicum* – (Luttrell) Leonard et Suggs [teleomorfo *Setosphaeria sela* (Pass.) Leonard e Suggs, *Helminthosporium turcicum* Pass], a helmintosporiose maydis [*Bipolaris maydis* Drechsl. (teleomorfo *Cochliobolus heterostrophus* Nisik. e Miyake)], a mancha-de-diplodia [*Stenocarpella macrospora* (Earle) Sutton], a antracnose foliar [*Colletotrichum graminicola* (Ces.) G.W. Wils], a cercosporiose [*Cercosporazeae-maydis* Tehon e E.Y. Daniels], além do enfezamento vermelho e pálido e das podridões de colmo e dos grãos ardidos (Cruz et al., 2010).

Nesse sentido, os principais fatores determinantes para o correto manejo dessas doenças foliares em milho-pipoca são a escolha da época de semeadura ideal e a adoção do cultivo de genótipos resistentes.

2.2.1 Helmintosporiose comum

A helmintosporiose comum, causada pelo fungo *E. turcicum*, é uma doença foliar de importância mundial (Yousuf et al., 2018), ocorrendo amplamente no Brasil e nas principais regiões produtoras do mundo (Harlapur et al., 2008; Wang et al., 2010, 2012), com maior prevalência em áreas úmidas com temperaturas moderadas (Pataky et al., 2006). Os sintomas da doença surgem aproximadamente uma semana após o início da infecção, caracterizando-se por lesões elípticas de coloração marrom-clara. Elas medem de 2,5 a 15 cm de comprimento, apresentando bordas bem definidas que se tornam escuras devido à frutificação do fungo. A expressão dos sintomas dessa doença pode variar dependendo do genótipo (Filho Wordel et al., 2016).

O patógeno *E. turcicum* sobrevive no campo em restos culturais de milho-pipoca. A dispersão de seus esporos é favorecida por respingos de chuva e pela ação do vento, o que lhes possibilita alcançar longas distâncias (White, 2000; Levy e Pataky, 1992). As condições ambientais favoráveis para o desenvolvimento do fungo

são temperaturas entre 18 e 27°C e umidade relativa do ar acima de 90% (Filho Wordel et al., 2016). O patógeno apresenta uma ampla gama de hospedeiros — o sorgo, o capim-sudão, o capim-maçambará e o teosinto — e alta variabilidade patogênica (Muiru et al., 2010).

A doença apresenta um alto impacto econômico. Os danos causados dependem da gravidade e do estágio de desenvolvimento da cultura no momento da infecção, ocorrendo principalmente em condições favoráveis ao desenvolvimento do fungo (Camera et al., 2019). Se a cultivar não apresentar um nível de resistência satisfatório, o dano econômico pode ser ainda mais significativo. As perdas no rendimento de grãos aproximam-se de 50%, quando a doença é grave, e se inicia de duas a três semanas após o florescimento (Shurtleff, 1980), quando as condições ambientais são favoráveis, e as cultivares são suscetíveis (Schipanski, 2011).

2.2.2 Helmintosporiose maydis

A helmintosporiose maydis, causada pelo fungo *B. maydis*, pode ser provocada por três diferentes raças (C, O e T). A gravidade e os sintomas da doença dependem do genótipo do hospedeiro e da raça do patógeno (Ali et al., 2011a). As raças C e T mostram alta patogenicidade da cultivar com os citoplasmas macho estéril C e T, respectivamente (Wei et al., 1988). Em 1970, nos Estados Unidos da América, a raça T provocou uma grave epidemia em cultivares de milho comum que continham o citoplasma T, resultando em prejuízos, naquele ano, superiores a um bilhão de dólares (Costa et al., 2014). No Brasil, entretanto, não há registros históricos da ocorrência de grandes epidemias (Costa et al., 2018).

A raça O é mais prevalente em áreas tropicais e subtropicais, e infecta a ampla gama de genótipos de milho apesar do tipo de citoplasma (Mubeen et al., 2017). Os sintomas causados pela raça O ocorrem somente nas folhas e causam lesões inicialmente pequenas e ovaladas. Essas lesões tornam-se alongadas quando maduras, desenvolvendo-se limitadas pelas nervuras, e apresentam coloração palha. Os sintomas causados pela raça T são lesões ovais e levemente maiores que aquelas causadas pela raça O, e apresentam uma borda de coloração marrom escura. A raça T causa lesões em toda a parte área das plantas, podendo provocar, também, podridão nas espigas. Os sintomas causados pela raça C são caracterizados por lesões estreitas, alongadas e necróticas (Costa et al., 2014). As condições ideais para a esporulação e penetração do fungo consistem na presença

de água livre na superfície das folhas, temperatura variando entre 22 e 30 °C e elevada umidade relativa do ar (Martinez et al., 2010).

A doença apresenta potencial para reduzir o rendimento de grãos em até 70% em genótipos suscetíveis (Ali et al., 2011b; Hussain et al., 2016). Alguns trabalhos têm demonstrado que essa doença tem ocorrido sistematicamente em países como Brasil, Índia, Paquistão, Estados Unidos, entre outros (Casela et al., 2006; Altaf et al. 2016; Singh et al., 2018), apresentando como principal forma de manejo a utilização de genótipos resistentes, rotação de culturas ou aplicação de fungicidas (Costa et al., 2014).

2.2.3 Ferrugem polissora

Outra doença fúngica foliar de grande ocorrência em milho-pipoca é a ferrugem polissora, causada por *P. polysora*, considerada uma das ferrugens mais destrutivas para a cultura. Os sintomas da doença são caracterizados por pústulas predominantemente circulares, que medem de 0,2 a 2 mm de diâmetro, tendo coloração laranja (em plantas jovens), tornando-se de coloração marrom-escura à medida que a planta se aproxima da maturação. Essas pústulas desenvolvem-se em toda a parte aérea da planta, mas são distribuídas principalmente na superfície abaxial das folhas, podendo ocorrer em todos os estádios de desenvolvimento das plantas (Filho Wordel et al., 2016).

As condições ambientais exercem grande influência sobre o desenvolvimento da doença em caráter epidêmico. Sob condições favoráveis à reprodução, a dispersão do fungo ocorre rapidamente, podendo causar grandes epidemias mesmo a partir de um reduzido inóculo inicial (Costa et al., 2019). O patógeno geralmente infecta folhas completamente expandidas da planta, e a doença torna-se mais severa à medida que a planta se desenvolve. A dispersão do fungo a longas distâncias ocorre através do vento, e a sua sobrevivência no ambiente depende da presença de plantas de milho, por tratar-se de um patógeno biotrófico (Balmer e Pereira, 1987).

De acordo com Costa et al. (2012), essa ferrugem pode causar perdas de até 65% em lavouras com histórico de incidência da doença e que, sobretudo, apresentem umidade mais elevada e temperatura na faixa de 25 a 30 °C (Casela, 2002). A utilização da resistência genética é a principal medida de controle (Casela et al., 2006; Dudienas et al., 2013). Porém, sua adoção é dificultada pela elevada

variabilidade do patógeno, o que resulta no surgimento de novas raças do fungo, tornando importante a avaliação da resistência em diferentes regiões e épocas de plantio (Casela e Ferreira, 2002). Outros fatores, como o monocultivo em sistema de plantio direto, associado à ocorrência de clima favorável à propagação do inóculo, têm colaborado para o aumento da ocorrência dessa doença em lavouras brasileiras (Pinho et al., 1999; Costa et al., 2012).

2.3 Análise dialélica para resistência a doenças foliares

Os métodos que compreendem as análises em dialelo são aplicados para obtenção de informações relacionadas com a capacidade combinatória dos genótipos utilizados nos cruzamentos, permitindo estimar parâmetros importantes para a eleição de genitores, bem como compreender os efeitos genéticos envolvidos na expressão das características (Pfann et al., 2009). Nesse mesmo sentido, a análise da capacidade de combinação também é empregada para identificar as melhores combinações híbridas e explorar a heterose para selecionar os melhores cruzamentos para uso direto ou futuro nos programas de melhoramento.

A performance dos genitores e da progênie pode ser desdobrado em componentes associados à capacidade geral de combinação (CGC), que compreende o desempenho médio de um genitor em uma série de cruzamentos e refere-se aos efeitos aditivos dos alelos, e à capacidade específica de combinação (CEC), que indica o desvio da resposta esperado de um dado genótipo, tomando como base as capacidades gerais de combinação de seus genitores; que é representada por efeitos não aditivos (Hallauer et al., 2010; Cruz et al., 2012; Murtadha et al., 2016).

Entre os métodos de análise de dialelo disponíveis, o proposto por Griffing (1956) baseia-se na estimação da capacidade combinatória dos genótipos. Este procedimento permite o cruzamento entre “p” possíveis genitores, dando origem a um máximo de n^2 combinações. Essas combinações podem ser divididas em três grupos que podem ser representados: a) as linhas puras; b) os $n(n-1)/2$ híbridos F_1 ; e c) um conjunto de $n(n-1)/2$ híbridos F_1 recíprocos.

Em milho-pipoca, algumas pesquisas foram desenvolvidas com o objetivo de estudar o controle genético de características associadas à resistência genética de doenças. Para resistência à helmintosporiose comum, estudos de capacidade combinatória indicam que o efeito genético para a resistência pode ser advindo de

efeitos gênicos aditivos (Carson, 1995; Vivek et al., 2010; Kaefer et al., 2017) ou, predominantemente, de efeitos não aditivos (dominância e/ou epistasia) (Carson, 2006; Ogliari et al., 2007; Nihei e Ferreira, 2012). Segundo Vieira et al. (2009), os dois efeitos simultâneos também podem ter importância no controle genético da doença. Para resistência à helmintosporiose maydis (Kumar et al., 2016) e para ferrugem polissora (Colombo et al., 2014), os efeitos aditivo e não aditivo também são observados, porém uma maior importância dos efeitos aditivos é relatada na maioria dos estudos de herança da resistência a essas doenças.

Diferenças no controle genético de características podem ocorrer em razão da população envolvida nos cruzamentos dialélicos (Oliveira et al., 2011) ou em razão de variações ambientais (Engelsing et al., 2011; Nihei e Ferreira, 2012). Dessa forma, é de suma importância a aplicação das análises dialélica no que se refere ao estudo genético com diferentes populações e condições ambientais.

2.4 Modelos mistos via REML/BLUP

Os programas de melhoramento genético vêm obtendo sucesso principalmente pela capacidade do melhorista de traçar eficientes estratégias para a obtenção de genótipos com médias elevadas para as principais características inerentes à cultura. Nesse sentido, a utilização de métodos que proporcionam maior precisão na estimação de parâmetros relevantes para a identificação de genótipos superiores possibilita maior confiabilidade nas análises dos dados (Resende e Dias, 2000; Ramalho e Araújo, 2011).

Encontrar métodos que sejam eficientes durante o processo de seleção é uma boa alternativa, principalmente, para as características cuja variabilidade genética ainda está longe de ser exaurida (Cargnin et al., 2008, 2009). O emprego de procedimentos genético-estatísticos mais refinados, como a metodologia de modelos mistos, é uma tendência no melhoramento genético de plantas, sobretudo, por permitir uma maior acurácia seletiva, solucionando um dos grandes entraves para a obtenção de ganhos genéticos mais expressivos no melhoramento aplicado (Pimentel et al., 2014).

A metodologia de modelos mistos, apresentada por Henderson (1975), foi inicialmente proposta e utilizada para o melhoramento animal (Piepho et al., 2008). Entretanto, vem sendo cada vez mais empregada por melhoristas de espécies vegetais, sobretudo, a partir das facilidades computacionais e dos avanços de

softwares estatísticos, que auxiliaram na otimização dos procedimentos de análise (Bruzzi, 2008).

Os procedimentos de modelos mistos são caracterizados pela presença de um ou mais efeitos fixos, além da média geral, e um ou mais efeitos aleatórios, além do erro experimental (Fritsche-Neto et al., 2010). A adoção de modelos mistos nos programas de melhoramento pode ser atribuída a algumas vantagens que eles conferem, tais como: serem aplicados a um conjunto de dados desbalanceados, sendo, no entanto, aplicados também a dados balanceados (Resende, 2002); apresentarem a estimação e predição não viesada em um único método; considerarem os efeitos da seleção e endogamia ao longo das gerações, quando conhecidos os parentescos dos indivíduos; predizerem os valores genéticos dos indivíduos com base ou não em observações; e reduzirem as variâncias e erros em relação a outros métodos (White e Hodge, 1989).

No entanto, para uma boa eficiência na sua utilização, é necessário ter conhecimentos dos valores de variância e covariância dos efeitos aleatórios. Porém, estes valores são, na prática, desconhecidos. Assim, na tentativa de sanar essa dificuldade, o método *Restricted Maximum Likelihood* – máxima verossimilhança restrita (REML, sigla em inglês) estima, de forma fiel, os componentes da variância atribuídos ao *Best Linear Unbiased Prediction* – melhor predição linear não viesada (BLUP, sigla em inglês), que realiza a predição dos valores genéticos (Resende, 2004). Desta forma, o emprego de modelos mistos do tipo REML/BLUP passa a apresentar vantagens, como melhor estimação e predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos, tanto intra quanto interpopulacionalmente (Resende, 2000), proporcionando maior poder de discriminação entre genótipos (Resende, 2002).

No melhoramento vegetal, a sua utilização vem sendo amplamente difundida na estimação dos parâmetros e na predição dos valores genéticos de genótipos, permitindo maior precisão na seleção, maior ganho genético e, conseqüentemente, maior eficiência dos programas de melhoramento. Embora a metodologia REML/BLUP tenha maior utilização para o melhoramento de plantas perenes e florestais, como açazeiro (Neto et al., 2007), cacauzeiro (Resende e Dias, 2000), eucalipto (Garcia e Nogueira, 2005) e pinus (Resende et al., 1996), há situações em que a eficiência do BLUP tem sido comprovada também em plantas de ciclos semiperenes, como cana-de-açúcar (Silva, 2009) e mamoeiro (Vivas et al., 2014a e b), e o procedimento vem ganhando aplicação a culturas anuais, como milho

(Iemma, 2003), feijão-comum (Bertoldo et al., 2009), arroz (Borges et al., 2010), feijão-caupi (Barros et al., 2011), soja (Pinheiro et al., 2013), e milho-pipoca (Arnhold et al., 2009; Valente, 2010; Ematné et al., 2012; Freitas et al., 2013).

A utilização da metodologia REML/BLUP na rotina dos programas de melhoramento de milho-pipoca ainda é pouco frequente, e, em se tratando de doenças foliares, este fato é inexistente. Para a obtenção de resultados mais precisos, que aproveitem ao máximo as informações disponíveis, a estimação do controle genético das características via modelos mistos torna-se uma estratégia interessante a ser explorada nos programas de melhoramento. Valente (2010) utilizou a metodologia de REML/BLUP na estimação do controle genético para capacidade de expansão e produção de grãos e avaliou a eficiência do BLUP na predição do desempenho de híbridos. Com os resultados da pesquisa, concluiu-se que o uso de modelos mistos é uma alternativa eficiente na análise dialélica, proporcionando boa acurácia nas estimações dos parâmetros genéticos.

2.5 Abordagem multivariada na seleção de genótipos

A busca por genótipos de milho-pipoca de alta qualidade, requer que o material genético selecionado reúna, simultaneamente, alto potencial produtivo, elevada capacidade de expansão (Vieira et al., 2009; Amaral Junior et al., 2010; Silva et al., 2013) e tolerância a doenças (Scapim et al., 2010). Para atender às exigências do mercado, os programas de melhoramento genético avaliam um grande número de características fenotípicas. Entretanto, encontram grandes dificuldades para selecionar genótipos que reúnam o maior número de características de interesse. Para tanto, o emprego da estatística multivariada vem sendo adotado com o intuito de analisar, simultaneamente, múltiplas características de um objeto de investigação, na interpretação do conjunto de dados obtidos, levando em consideração as correlações existentes entre as mesmas (Hair et al., 2009). Assim, mostra-se muito útil para análises experimentais em diversas áreas de investigação (Resende, 2007).

A análise multivariada dispõe de vários métodos e técnicas que ajudam na interpretação teórica de um conjunto de dados (Moita Neto, 2004). Quando o interesse consiste em utilizar técnicas exploratórias de sintetização da estrutura de variabilidade dos dados, os métodos a serem utilizados podem ser os seguintes: análise de componentes principais, análise fatorial, análise de correlações

canônicas, análise de agrupamento, análise discriminante e análise de correspondência. Por sua vez, quando o interesse é realizar apenas inferências estatísticas, são utilizados os métodos de estimação de parâmetros, os testes de hipóteses, a análise de variância, covariância e a regressão multivariada (Mingoti, 2007).

A análise de componente principal (ACP) é uma ferramenta útil para a seleção de genótipos quando a intenção for considerar, na análise, várias características e as relações existentes entre elas. O método consiste na transformação de um conjunto original de variáveis em outro conjunto substancialmente menor de variáveis (chamados de componentes principais ou CPs) não correlacionadas, que contém a maior parte da informação do conjunto de dados original (Hongyu et al., 2015; Leite et al., 2016). Desta forma, os componentes principais apresentam o mínimo de perda de informação, preservando ao máximo as informações originais.

A interpretação dos CPs é realizada por valores numéricos denominados escores, sendo calculados para cada indivíduo e agrupados de acordo com as suas variâncias e o seu comportamento dentro da população. Desta maneira, a técnica agrupa os indivíduos de uma população segundo a variação de suas características (Barbosa et al., 2013). Os resultados de uma ACP são seguidos pela construção de planos, em que os eixos ortogonais são os componentes principais (Vianna et al., 2013; Dallastra et al., 2014), sendo o primeiro plano, formado pelos 1º e 2º CPs, denominado plano principal, vez que detém o máximo de informação (de Araújo e Coelho, 2009). Caso a proporção de informação explicada por este plano não seja substancialmente capaz de explicar uma maior porcentagem da variação total dos dados, é necessário examinar outros planos (denominados planos complementares, p.ex., 1ª/3ª, 2ª/3ª, etc.).

A utilização da técnica de componentes principais para a discriminação de genótipos tem sido empregada em diversas culturas. Pedreira et al. (2008) utilizaram a técnica para identificar as variáveis proporção de panícula e de colmo, teores de proteína bruta e de fibra em detergente ácido e produção de matéria seca como características importantes a serem analisadas nos programas de avaliação de híbridos de sorgo. Bertini et al. (2010) utilizaram a técnica de componentes principais, associada a outros métodos multivariados, para avaliar a divergência genética em feijão-caupi, identificando 13 genótipos com características superiores

quanto aos caracteres de produção, precocidade e qualidade do grão. Oliveira et al. (2018) empregaram a técnica para selecionar genótipos de feijão — *Phaseolus vulgaris* L. —, bem como para verificar a associação entre as variáveis e observaram que a técnica permitiu selecionar genótipos, com elevada aptidão para a produção de vagem e genótipos que podem ser descartados por não apresentarem bom desempenho para as características avaliadas. Chandrashekara et al. (2014) identificaram grupos de genótipos resistentes e susceptíveis à *B. maydis* e à *E. turcicum* em milho e observaram a existência de associação negativa entre resistência à doença e rendimento de grãos.

3. TRABALHOS

3.1 MÉRITO GENÉTICO DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA A MÚLTIPLAS DOENÇAS FOLIARES E ATRIBUTOS AGRONÔMICOS¹

RESUMO

A resistência genética a doenças foliares no milho-pipoca permite alcançar maiores produtividades com menores custos. Desta forma, o desenvolvimento de genótipos resistentes torna-se de grande importância; porém, a realização de uma seleção eficiente de genitores e híbridos depende da existência de variabilidade genética e do conhecimento do controle genético das características. Assim, objetivou-se, com este estudo, quantificar o mérito genético de linhagens e o valor genotípico dos híbridos, bem como o efeito recíproco, e inferir sobre o controle genético das características incidência e severidade associadas à resistência à *Exserohilum turcicum*, *Bipolaris maydis*, *Puccinia polysora* e das características agronômicas, rendimento de grãos e capacidade de expansão, bem como avaliar os efeitos das inter-relações das características na seleção de genitores e híbridos. Foram avaliadas 56 combinações híbridas (F_{1s} e os recíprocos) em duas épocas de cultivo.

¹Parte da tese de doutorado aceita na revista Functional Plant Breeding Journal - FPBJ

Utilizou-se o delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições. Independentemente da época de cultivo, o componente genético não aditivo apresentou maior importância para os caracteres avaliados. Não foi observado efeito recíproco para as características avaliadas. As linhagens L61, L70 e L76 destacaram-se nas duas épocas de cultivo para aumentar o nível de resistência a múltiplas doenças associadas a elevados ganhos para RG e CE. Os híbridos L61 x L76, L61 x L77 e L76 x P1 foram os mais promissores entre os cruzamentos testados para serem cultivados nas duas épocas de cultivo, com a intenção de reduzir os níveis de múltiplas doenças e obter maiores rendimentos de grãos e capacidade de expansão.

Palavras-chave: *Zea mays*, controle genético, resistência a doenças, seleção de genótipos.

GENETIC MERIT OF POPCORN LINES AND HYBRIDS FOR MULTIPLE LEAF DISEASES AND AGRONOMIC TRAITS

ABSTRACT

Popcorn lines with genetic resistance to leaf diseases allow the production of higher yields at lower costs. Thus, the development of resistant genotypes becomes essential, while the selection efficiency of parents and hybrids depends on the existence of genetic variability and knowledge about the genetic trait control. The objective of this study was, therefore, to determine the genetic merit of lines and the genotypic value of hybrids, as well as the reciprocal effect, and to draw conclusions on the genetic control of the incidence and severity traits associated with resistance to *Exserohilum turcicum*, *Bipolaris maydis*, *Puccinia polysora* and the agronomic traits grain yield and popping expansion, as well as to assess the effects of the interrelations of the traits on parent and hybrid selection. Fifty-six hybrid combinations (F₁ and reciprocal crosses) were evaluated in two growing seasons. A

randomized block design with four replicates was used. Regardless of the growing season, the non-additive genetic component had the greatest influence on the traits studied, whereas no reciprocal effect was observed. The performance of lines L61, L70, and L76 was exceptionally good in both growing seasons by increasing the level of multiple disease resistance associated with high gains in GY and PE. Hybrids L61 x L76; L61 x L77; and L76 x P1 were the most promising of the crosses tested for growing in both seasons, targeting a decrease in the levels of several diseases and an increase in grain yields and popping expansion.

Keywords: *Zea mays*, genetic control, disease resistance, genotype selection.

INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L.) é um tipo especial de milho muito consumido no Brasil, que vem sendo cultivado em maior escala pelos agricultores do País, principalmente, por apresentar um maior valor econômico em relação ao milho comum (Vieira et al., 2011; Amaral Júnior et al., 2016; Ribeiro et al., 2016). Entretanto, esta cultura apresenta grande susceptibilidade a pragas e doenças, estando sujeita ao ataque de inúmeros patógenos causadores de doenças foliares, que ocasionam reduções significativas no rendimento e na qualidade dos grãos (Ribeiro et al., 2016; Kurosawa et al., 2017).

Entre as doenças foliares que afetam o milho-pipoca, destacam-se as helmintosporioses causadas pelos fungos *Exserohilum turcicum* (Pass.) K.J Leonard e Suggs (sinônimo de *Helminthosporium turcicum* Pass.) e *Bipolaris maydis* (Nisik.) Shoemaker (sinônimo de *Helminthosporium maydis* Nisik), como as duas principais doenças (Ishfaq et al., 2014; Wang et al., 2014; Hurni et al., 2015; Amaral Júnior et al., 2016; Kurosawa et al., 2017). Sob condições climáticas favoráveis associadas a hospedeiros susceptíveis, são reportadas perdas no rendimento de grãos que variam de 27 a 90% para *E. turcicum* (Ferguson e Carson, 2007; Muiru et al., 2010; Wang et al., 2010; Ding et al., 2015) e de aproximadamente 70% para *B. maydis* (Mubeen et al., 2017).

Outra importante doença é a ferrugem polissora causada por *Puccinia polysora* (Underw.), em que o ataque desse fungo causa uma redução significativa na capacidade fotossintética das plantas, podendo ocorrer, para alguns casos, a senescência prematura das folhas e, conseqüentemente, a redução na produtividade. Essa doença pode resultar em até 65% de perda na produtividade em lavouras de milho, especialmente em áreas com histórico da doença (Costa et al., 2012; Teixeira et al., 2017).

Diante deste cenário, para reduzir os problemas de perdas no rendimento, uma importante estratégia é o desenvolvimento de cultivares com resistência genética às principais doenças (Vieira et al., 2009; Ayiga-Aluba et al., 2015; Ding et al., 2015; Chen et al., 2016; Amaral Júnior et al., 2016; Ribeiro et al., 2016; Kurosawa et al., 2017). Para tanto, o estudo de capacidades combinatórias de genitores utilizados, previamente selecionados, é uma etapa essencial na otimização

das estratégias de melhoramento de plantas. Nesse aspecto, os cruzamentos dialélicos constituem-se em opções exequíveis para tal finalidade (Hallauer et al., 2010).

Estudos de capacidade combinatória indicam que o efeito genético para a resistência à *E. turcicum* pode ser advindo de efeitos gênicos aditivos (Carson, 1995; Vivek et al., 2010; Kaefer et al., 2017) ou, predominantemente, de efeitos não aditivos (dominância e/ou epistasia) (Carson, 2006; Ogliari et al., 2007; Nihei e Ferreira, 2012). Segundo Vieira et al. (2009), os dois efeitos ocorrendo simultaneamente também podem ter importância no controle genético da doença. Para *B. maydis* (Kumar et al., 2016) e para *P. polysora* (Colombo et al., 2014), os efeitos aditivo e não aditivo também são observados, porém uma maior importância dos efeitos aditivos é relatada na maioria dos estudos de herança da resistência a essas doenças.

Diferenças no controle genético de características podem ocorrer em razão da população envolvida nos cruzamentos dialélicos (Oliveira et al., 2011) ou em razão de variações ambientais. Engelsing et al. (2011) e Nihei e Ferreira (2012), ao utilizarem cruzamentos dialélicos para avaliar a capacidade combinatória dos genitores, observaram que os componentes da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) podem variar de acordo com o ambiente. Por causa disso, deve-se notar que há falta de informações consistentes para direcionar programas de melhoramento sob condições distintas de cultivo para as doenças foliares em milho-pipoca.

Desta maneira, o objetivo do presente trabalho foi quantificar o valor genético aditivo das linhagens e o valor genotípico dos híbridos, bem como o efeito recíproco, e inferir sobre o controle genético das características associadas à resistência a *E. turcicum*, *B. maydis*, *P. polysora* e as características agrônômicas — rendimento de grãos e capacidade de expansão — em duas épocas de cultivo; bem como avaliar os efeitos das inter-relações das características na seleção de genitores e híbridos.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram selecionadas de acordo com o interesse dessa pesquisa, oito linhagens (S_7) de milho-pipoca (Tabela 1), a partir de trabalhos desenvolvidos por Kurosawa et al. (2016; 2017; 2018). O delineamento genético adotado seguiu o esquema de dialelo completo, conforme metodologia proposta por Griffing (1956), incluindo os recíprocos, resultando em 56 combinações híbridas.

Tabela 1. Descrição das linhagens parentais de milho-pipoca utilizadas no dialelo completo com os recíprocos para a obtenção de 56 combinações híbridas

| Genótipos | Variedade Originária | Adaptação Climática | Instituição de Desenvolvimento |
|-----------|----------------------|---------------------|--------------------------------|
| P8 | Híbrido IAC-112 | Temperado/Tropical | UEM |
| P1 | Híbrido triplo Zelia | Temperado/Tropical | UEM |
| L55 | Beija-flor | Temperado/Tropical | UENF |
| L61 | BRS-Angela | Temperado/Tropical | UENF |
| L70 | BRS-Angela | Temperado/Tropical | UENF |
| L76 | Viçosa | Temperado/Tropical | UENF |
| L77 | Viçosa | Temperado/Tropical | UENF |
| L88 | Viçosa | Temperado/Tropical | UENF |

UEM = Universidade Estadual de Maringá; UENF = Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

Os híbridos dialélicos, juntamente com as linhagens genitoras, foram avaliados em experimentos realizados em duas épocas de cultivo: primeira época (outubro de 2014 a janeiro de 2015) e segunda época (abril a julho 2015). A temperatura (°C) e a umidade relativa do ar (%) — máxima e mínima — em ambas as épocas de cultivo foram coletadas diariamente a partir do Banco de Dados Meteorológicos do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), referente a cada época de cultivo. Por conseguinte, foram confeccionados gráficos no programa Microsoft Excel © 2010, os quais constam na Figura 1. O eixo Y principal (à esquerda) consiste na variação apresentada pela temperatura (°C), e o eixo Y secundário (direita) representa a umidade relativa do ar (%).

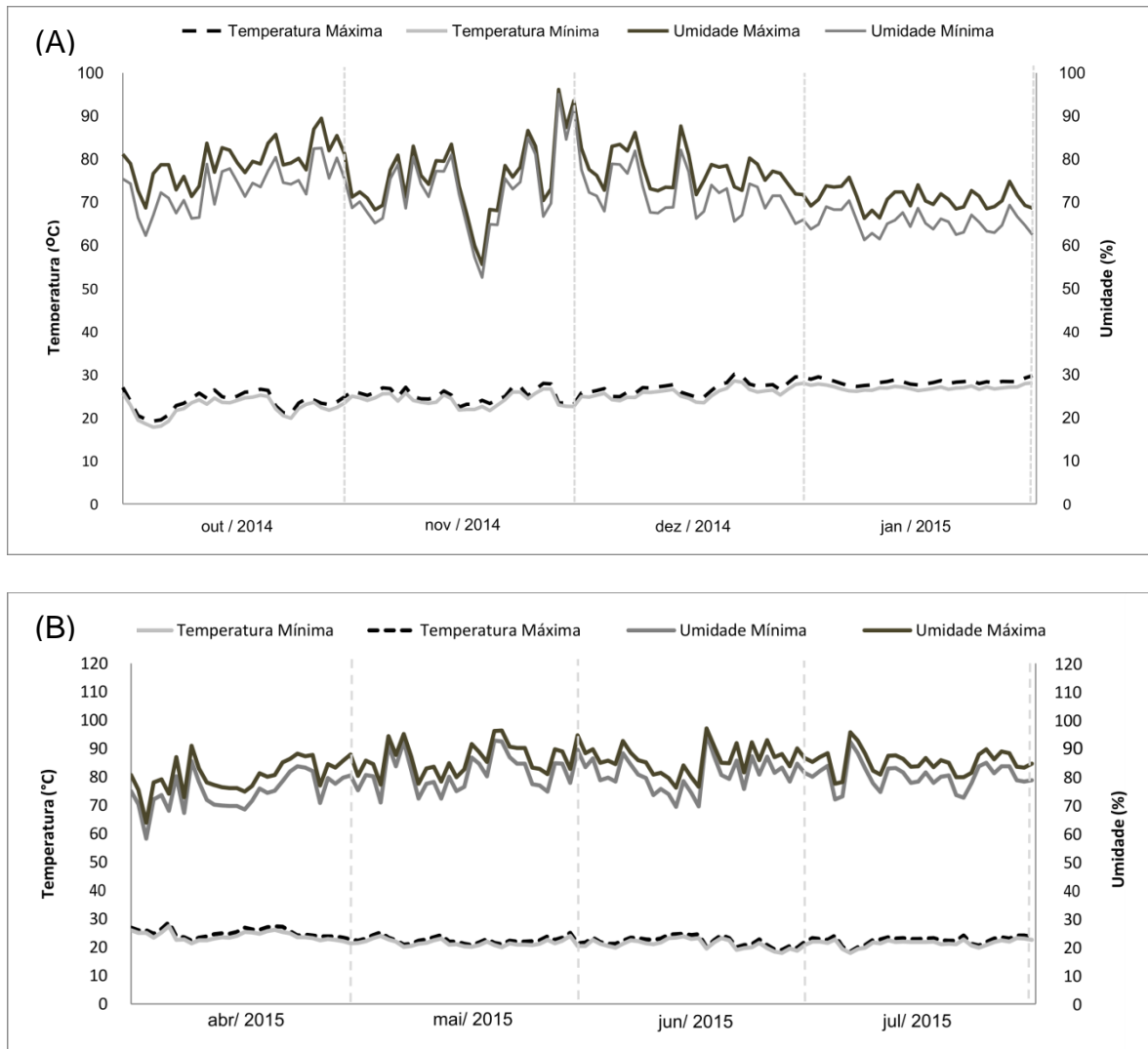


Figura 1: Temperatura e umidade relativa do ar coletadas a partir da estação de Campos dos Goytacazes (OMM: 83698) e processadas pelo Banco de dados Meteorológicos do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET). Primeira época de cultivo (A); Segunda época de cultivo (B).

Os experimentos foram conduzidos na área experimental da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), localizada no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes, Região Norte do estado do Rio de Janeiro, Brasil.

Adotou-se o delineamento experimental de blocos casualizados com quatro repetições. As parcelas experimentais foram constituídas por linhas de 5,00 m com 25 plantas por fileira e espaçamento de 0,20 x 0,90 m entre plantas e fileiras, respectivamente. As parcelas foram adubadas por ocasião da semeadura com 60 kg

ha⁻¹ de K₂O; 30 kg ha⁻¹ de N, e 60 kg ha⁻¹ de P₂O₅; e com 100 kg ha⁻¹ de N. A irrigação foi feita por aspersão, e as aplicações de herbicidas e inseticidas foram realizadas sempre que necessárias.

As doenças foliares avaliadas foram as helmintosporioses, causadas pelos patógenos *B. maydis* e *E. turcicum*, e ferrugem polissora, causada pelo patógeno *P. polysora*, sendo manifestadas por infecção natural dos agentes patogênicos em condições de campo. A performance dos genótipos em relação a essas doenças foi monitorada pelas estimativas de incidência — proporção de folhas lesionadas, considerando todas as folhas da planta, expressa em percentagem — e severidade — quantificada pela porcentagem de área foliar com sintomas ao longo da primeira folha abaixo da primeira espiga. Para essas avaliações, utilizou-se o seguinte procedimento: das 25 plantas que constituíam a parcela experimental, foram eliminadas as cinco plantas iniciais e as cinco finais, considerando-se, então, as 15 plantas centrais como a parcela útil. A primeira planta da parcela útil foi marcada e avaliada, sendo que as duas subsequentes foram omitidas, repetindo, assim, o procedimento. Dessa maneira, foram avaliadas, em cada parcela, cinco plantas e obtida a média de três avaliações, que foram realizadas em intervalo de sete dias após o florescimento feminino.

A avaliação da incidência de *B. maydis* (IBM), *E. turcicum* (IET) e *P. polysora* (IPP) foi realizada visualmente com o auxílio da escala de notas da Agroceres (1996). Esta escala apresenta intervalo entre 1 e 9, 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.

A severidade foi avaliada visualmente considerando uma escala diagramática para cada doença. Assim, a severidade de *B. maydis* (SBM) foi estimada com o auxílio da escala diagramática com valores percentuais 1, 5, 25 e 50% da área foliar lesionada, de acordo com a metodologia adotada por James (1971). Já, para *E. turcicum* (SET), a severidade foi estimada com o auxílio da escala diagramática baseada nos valores percentuais 0,5; 1,6; 5,0; 15; 37; 66; 87; 96% da área foliar lesionada (Viera et al., 2014). A severidade de *Puccinia polysora* (SPP) foi estimada com o auxílio de escala diagramática baseada em valores percentuais entre 5 e 100% da área foliar lesionada, com modificações (Chester, 1950).

Avaliaram-se também as seguintes características agronômicas: rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). O RG foi determinado por meio da pesagem dos grãos após a eliminação do sabugo e expresso em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. A CE foi determinada por meio da média de duas repetições por tratamento, sendo cada repetição representada por 30 g de grãos. Os grãos foram submetidos à expansão em fornos micro-ondas, em saco de papel especial para pipocamento, na potência de 1.000 W, por dois minutos e vinte segundos. Posteriormente, o volume de pipoca resultante da expansão foi quantificado em proveta de 2.000 mL, e o resultado final foi ponderado na massa inicial de 30 g de grãos, sendo expresso em mL/g.

Para a análise estatística, o seguinte modelo foi adotado:

$$y_{ijkl} = \mu + e_l + b_k(e_l) + g_{1_i} + g_{2_j} + s_{ij} + r_{1_i} + r_{2_j} + ge_{1_{il}} + ge_{2_{il}} + se_{ijl} + re_{1_{il}} + re_{2_{jl}} + e_{ijkl}$$

em que:

μ = constante geral; e_l = efeito fixo das épocas; $b_k(e_l)$ = efeito fixo da interação bloco x época; g_{1_i} e g_{2_j} = efeitos aleatórios das capacidades gerais de combinação (CGC), envolvendo os genitores i e j , sendo g_{1_i} e $g_{2_j} \sim N(0, \sigma_g^2)$; s_{ij} = efeitos aleatórios da capacidade específica de combinação (CEC), envolvendo os genitores i e j , sendo $s_{ij} \sim N(0, \sigma_s^2)$; r_{1_i} e r_{2_j} = efeitos aleatórios da capacidade específica de combinação manifestada no cruzamento recíproco (RE), envolvendo os genitores i e j , sendo r_{1_i} e $r_{2_j} \sim N(0, \sigma_r^2)$; $ge_{1_{il}}$ e $ge_{2_{il}}$ = efeitos aleatórios das interações da capacidade geral de combinação (CGC) x época, envolvendo as épocas e_1 e e_2 , sendo $ge_{1_{il}}$ e $ge_{2_{il}} \sim N(0, \sigma_{ge}^2)$; se_{ijl} = efeito aleatório da interação da capacidade específica de combinação (CEC) x época, envolvendo as épocas e_1 e e_2 , sendo $se_{ijl} \sim N(0, \sigma_{se}^2)$; $re_{1_{il}}$ e $re_{2_{jl}}$ = efeitos aleatórios das interações da capacidade específica de combinação manifestada no cruzamento recíproco (RE) x época, envolvendo as épocas e_1 e e_2 , sendo $re_{1_{il}}$ e $re_{2_{jl}} \sim N(0, \sigma_{re}^2)$; e e_{ijkl} = erro médio aleatório associado às observações $ijkl$, sendo $e_{ijkl} \sim N(0, \sigma_e^2)$.

Os componentes de variância foram estimados pelo método REML, por meio do algoritmo AI, utilizando o pacote Asreml (Butler, 2009); os testes de hipóteses sobre os componentes de variância genética foram realizados pelo teste razão de

verossimilhança (LRT), utilizando o pacote Asreml Plus (Brien, 2016). Para estimar o mérito genético das linhagens, utilizaram-se os BLUPs da capacidade geral de combinação dos genitores (CGC) e, para a estimação do mérito genético dos híbridos, foram utilizados os valores genotípicos totais dos híbridos somados à média geral da característica em cada época. Dessa maneira, a CGC de um genitor, em uma dada época, é expressa por:

$$CGC_{il} = \mu + g_{1i} + ge_{1il}$$

O valor genotípico do híbrido, para uma dada época (h_{ijl}), é dado por:

$$h_{ijl} = \mu + g_{1i} + g_{2j} + s_{ij} + ge_{1il} + se_{ijl}$$

Com o intuito de obter a relação entre as respostas dos genitores e das combinações híbridas sob as duas épocas de avaliação, foram estimadas as correlações entre as características dentro de cada época. Para isso, utilizaram-se os BLUPs da capacidade geral de combinação dos genitores (CGC) e os valores genotípicos dos híbridos. Todas as análises genético-estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional R (R Core Team, 2014).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Componentes de variância

O componente de variância da CEC apresentou efeito significativo pelo Teste de Razão de Verossimilhança (LRT, Likelihood Ratio Test) para a incidência e severidade de *E. turcicum* (IET e SET, respectivamente), incidência de *B. maydis* (IBM), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE), constatando-se uma predominância do componente CEC em relação ao componente CGC para essas características (Tabela 2). Esses resultados sugerem que determinadas combinações híbridas exibem diferenças em seu desempenho, que não podem ser explicadas pelas simples médias dos pais e suas capacidades gerais de combinação, considerando-se que os efeitos não aditivos dos genes apresentam maior importância no controle dessas características.

Tabela 2. Análise conjunta das estimativas dos componentes de variância para resistência a *E. turcicum* (IET, SET), *B. maydis* (IBM, SMB), *P. polysora* (IPP, SPP), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE) em milho-pipoca em duas épocas de cultivo

| Parâmetros | Características | | | | | | | |
|-------------|---------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|-----------------------|--------------------|
| | IET | SET | IBM | SBM | IPP | SPP | RG | CE |
| CGC | 0,00 ^{ns} | 2,08 ^{ns} | 10,68* | 0,00 ^{ns} | 0,00 ^{ns} | 0,00 ^{ns} | 0,38 ^{ns} | 1,04 ^{ns} |
| CEC | 68,69** | 2,71** | 18,41** | 0,00 ^{ns} | 0,00 ^{ns} | 0,04 ^{ns} | 1156418,00** | 4,57** |
| RE | 0,00 ^{ns} | 0,00 ^{ns} | 0,00 ^{ns} | 0,00 ^{ns} | 0,00 ^{ns} | 0,01 ^{ns} | 0,04 ^{ns} | 0,00 ^{ns} |
| CGC x época | 40,66** | 0,87** | 3,55** | 0,09** | 2,96** | 1,03** | 24209,30* | 1,66** |
| CEC x época | 22,39 ^{ns} | 0,82 ^{ns} | 2,26* | 0,18** | 1,54* | 1,86* | 3304,20 ^{ns} | 1,65* |
| RE x época | 0,00 ^{ns} | 0,01 ^{ns} | 0,00 ^{ns} | 0,00 ^{ns} | 0,00 ^{ns} | 0,39* | 0,06 ^{ns} | 0,06 ^{ns} |
| Erro | 57,92 | 9,91 | 2,26 | 0,13 | 31,63 | 16,58 | 583291,00 | 13,12 |

**P<0.01, *P<0.05 e ^{ns} não significativo pelo teste LRT (Teste de Razão de Verossimilhança). CGC = componente de variância genética do efeito da CGC; CEC = componente de variância genética do efeito da CEC; RE = componente da variância genética do efeito recíproco; CGC x época = interação do componente da variância genética do efeito da CGC com a época; CEC x época = interação do componente da variância genética do efeito da CEC com a época; RE x época = interação do componente da variância genética do efeito recíproco com a época; Erro = componente variância do resíduo.

A respeito do controle genético da resistência a *E. turcicum*, alguns autores relatam que este é predominantemente qualitativo, com ação gênica de efeitos não aditivos (Carson, 2006; Ogliari et al., 2007; Nihei e Ferreira, 2012). A ocorrência dos componentes de variância com predominância de efeitos não aditivos nos resultados encontrados neste estudo sugere a possibilidade de obter novas cultivares a partir de cruzamentos explorando de maneira mais eficiente o efeito da complementação alélica, visando a melhoria na resistência à *E. turcicum*. Por outro lado, há estudos indicando que vários genes de efeitos aditivos são responsáveis por controlar a expressão da resistência à *E. turcicum* (Carson, 1995; Vivek et al., 2010; Kaefer et al., 2017). Entretanto, a resistência quantitativa pode ser encontrada sob a ação de efeitos aditivos e não-aditivos (Vieira et al., 2009).

A característica incidência de *B. maydis* (IBM) diferiu estatisticamente quanto aos componentes genéticos de variância do efeito da CGC e CEC (Tabela 2), indicando a existência de variabilidade entre os efeitos da CGC associados a efeitos gênicos aditivos, e entre os efeitos da CEC associados aos não aditivos; entretanto, há um predomínio da CEC sobre a CGC, demonstrando que os efeitos dos genes não aditivos apresentam uma maior importância no controle da resistência dessa característica. Carson et al. (2004) observaram, em estudo de mapeamento de QTLs (*Quantitative Trait Loci*), que os efeitos aditivos e não aditivos dos genes participam do controle genético da resistência à *B. maydis* em milho. Entretanto, Kumar et al. (2016) afirmam que somente os efeitos aditivos são de grande importância para o controle genético da resistência de *B. maydis* em genótipos de milho tropical. Dessa forma, sugere-se considerar tanto os efeitos aditivos quanto os não aditivos na expressão da característica; por conseguinte, métodos de melhoramento que explorem ambos os efeitos — como seleção recorrente recíproca interpopulacional — constituem-se em estratégias oportunas para desenvolver cultivares resistentes à *B. maydis*.

Com relação a RG, a predominância dos componentes genéticos de variância do efeito da CEC para rendimento de grãos indica que as combinações híbridas apresentaram melhor desempenho comparado ao desempenho médio das linhagens envolvidas. Resultados semelhantes foram reportados por Pereira e Amaral Júnior (2001), Rangel et al. (2007), Oliveira et al. (2016), demonstrando a importância dos efeitos não aditivos para a expressão dessa característica.

Para o conjunto de genitores em estudo, o componente genético de variância para CE foi predominantemente não aditivo. Esses resultados também foram reportados por Oliveira (2016), que observou os efeitos não aditivos com maior importância na herança dessa característica e recomendou a exploração de híbridos para o aumento significativo na média da expansão da pipoca. Babu et al. (2006) e Li et al. (2007) encontraram ação gênica dominante, parcialmente dominante e de sobredominância em quatro QTLs para capacidade de expansão. Todavia, outros autores demonstraram que a ação gênica aditiva é a de maior importância para aumentar a capacidade expansão (Pereira e Amaral Júnior, 2001; Freitas Junior et al., 2006; Cabral et al., 2015). Uma possível explicação para essa diferença é que a estrutura genética da população pode influenciar ações gênicas distintas para uma mesma característica.

Observou-se que o componente genético de variância do efeito recíproco RE não apresentou significância para quaisquer das características avaliadas (Tabela 2), revelando que não há diferença significativa entre os híbridos e seus recíprocos, ou seja, não haverá ganhos com inversão na ordem dos genitores em cruzamentos. O componente de variância da interação RE x Época para a característica severidade de *P. polysora* (SPP) foi significativo em $P < 0,05$; entretanto, essas estimativas foram de baixa magnitude, o que parece ser pouco expressivas para a resistência dessa doença no conjunto de genitores avaliados. Resultados semelhantes foram reportados por Vieira et al. (2012), avaliando doenças na cultura do milho sob condições ambientais distintas.

Verificou-se também que a interação da CGC x época apresentou diferenças altamente significativas ($p < 0,01$) para a maioria das características avaliadas (Tabela 2), evidenciando que as variações ambientais ocorridas em ambas as épocas de cultivo resultaram em diferenças no desempenho médio dos genitores, indicando a existência de genitores específicos para cada época. Dessa maneira, as estimativas de contribuição dos efeitos gênicos aditivos deverão ser expressas individualmente para cada época de avaliação. De certo modo, esses resultados eram esperados, tendo em vista que a intensidade e a severidade das doenças variam de acordo com época de cultivo (Kurosawa et al., 2016).

Tratando-se da interação do CEC x época, notou-se que houve diferenças significativas pelo teste de LRT para as variáveis IBM, SBM, IPP, SPP e CE (Tabela 2), demonstrando que houve uma resposta diferenciada dos genótipos em cada

época quanto à capacidade combinatória das linhagens avaliadas e o desempenho dos híbridos (Niehi e Ferreira, 2012). Nesta situação, os componentes genéticos de CEC também devem ser analisados individualmente para cada ambiente. Outros autores também observaram significância da interação dos efeitos de CGC e CEC para com ambientes em estudos relacionados à resistência a doenças e à produtividade em milho (Paterniani et al., 2000; Carson, 2001; Lopes et al., 2007; Guimarães et al., 2009; Vivek et al., 2010; Niehi e Ferreira, 2012; Vieira et al., 2012).

Mérito genético das linhagens

A seleção de genitores baseada no mérito genético aditivo possibilita obter genótipos que apresentam um potencial genético para serem fenotipicamente superiores. Conforme Cruz et al. (2012), valores elevados de CGC, positivos ou negativos, indicam que o genitor é muito superior ou inferior aos demais genitores utilizados no dialelo.

Com base nas estimativas do mérito genético aditivo (CGC), que correspondem às estimativas preditas de (CGC + CGC x época), somadas à média geral da característica, observou-se, na primeira época de cultivo, que, para as características incidência e severidade, relacionadas à resistência a *E. turcicum*, *P. polysora* e *B. maydis*, as linhagens L61 e L70 destacaram-se por apresentarem as menores estimativas de CGC (Tabela 3). Dessa maneira, na primeira época, essas linhagens foram os genitores que mais contribuíram com alelos favoráveis para aumentar os níveis de resistência a essas doenças em seus cruzamentos dialélicos. Em contrapartida, a linhagem L88 exibiu as maiores estimativas de CGC para as características relacionadas à resistência de *B. maydis* e *P. polysora*. Já, para *E. turcicum*, as linhagens L77 e L55 foram as que menos contribuíram para elevar os níveis de resistência dessa doença (Tabela 3). Neste cenário, essas linhagens tendem a produzir híbridos com maior susceptibilidade a essas doenças.

Tabela 3. Estimativas do mérito genético aditivo (CGC), somadas à média geral da característica, na primeira e segunda época de cultivo para as características de resistência a *E. turcicum* (IET, SET), *B. maydis* (IBM, SBM), *P. polysora* (IPP, SPP), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE)

| Genitores | 1ª época | | | | | | | |
|-----------|----------|------|-------|------|-------|-------|---------|-------|
| | IET | SET | IBM | SBM | IPP | SPP | RG | CE |
| L55 | 15,53 | 6,78 | 13,20 | 0,08 | 30,62 | 15,25 | 3385,90 | 31,11 |
| L61 | 12,58 | 2,84 | 8,36 | 0,07 | 25,89 | 12,06 | 3265,31 | 31,31 |
| L70 | 13,72 | 3,77 | 8,81 | 0,07 | 25,30 | 13,14 | 3240,61 | 32,58 |
| L76 | 14,43 | 2,70 | 11,85 | 0,08 | 27,49 | 12,71 | 3364,63 | 32,05 |
| L77 | 17,09 | 3,61 | 14,18 | 0,09 | 29,47 | 14,17 | 3378,01 | 32,27 |
| L88 | 16,67 | 3,44 | 16,45 | 0,11 | 31,10 | 15,27 | 3406,71 | 30,45 |
| P1 | 13,29 | 4,39 | 11,73 | 0,09 | 26,98 | 13,31 | 3519,61 | 32,39 |
| P8 | 13,25 | 4,04 | 13,73 | 0,07 | 29,64 | 14,64 | 3339,81 | 33,52 |
| Genitores | 2ª época | | | | | | | |
| | IET | SET | IBM | SBM | IPP | SPP | RG | CE |
| L55 | 34,65 | 7,49 | 18,06 | 0,25 | 0,88 | 0,06 | 3390,34 | 25,84 |
| L61 | 30,56 | 4,81 | 15,47 | 0,12 | 1,09 | 0,07 | 3553,74 | 30,53 |
| L70 | 28,98 | 5,42 | 16,04 | 0,17 | 0,81 | 0,05 | 3652,34 | 28,41 |
| L76 | 13,70 | 2,09 | 16,52 | 0,17 | 0,87 | 0,05 | 3553,94 | 26,98 |
| L77 | 14,14 | 2,42 | 22,66 | 0,53 | 0,65 | 0,03 | 3486,24 | 28,01 |
| L88 | 16,68 | 2,52 | 25,72 | 0,54 | 0,61 | 0,05 | 3524,14 | 26,03 |
| P1 | 26,37 | 5,00 | 23,50 | 0,56 | 0,51 | 0,05 | 3295,34 | 30,46 |
| P8 | 21,74 | 4,11 | 23,88 | 1,30 | 1,00 | 0,05 | 3538,84 | 28,37 |

IET= Incidência de *E. turcicum*; SET= Severidade de *E. turcicum*; IBM= Incidência de *B. maydis*; SBM= Severidade de *B. maydis*; IPP= Incidência de *P. polysora*; SPP= Severidade de *P. polysora*; RG= Rendimento de grãos; CE= Capacidade de expansão.

Para rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE), não foram encontradas linhagens responsáveis por aumentar a média das duas características simultaneamente, o que pode ser explicado pelo fato de essas características serem correlacionadas negativamente (Daros et al., 2004; Rangel et al., 2011; Freitas et al., 2013; Cabral et al., 2016). Deste modo, a linhagem P8 apresentou maiores estimativas de CGC para CE, incrementando a média dessa característica em seus cruzamentos. Para RG, as linhagens P1 e L88 expressaram os maiores valores de CGC.

Na segunda época, as linhagens L76 e L61 foram as que mais contribuíram para a redução de *E. turcicum* e *B. maydis*, respectivamente. Assim como na primeira época, o genitor L61 destaca-se como importante fonte de alelos favoráveis para incrementar a resistência a *B. maydis*. Em relação a *P. polysora*, as linhas P1 e L77 exibiram as menores estimativas de CGC para essa característica,

sendo, pois, as mais promissoras (Tabela 3). Em geral, os genitores apresentaram, na segunda época, maiores estimativas de CGC para incidência e severidade das doenças em relação à primeira época, exceto para ferrugem polissora, que não apresentou variabilidade significativa para CGC na segunda época de cultivo (Tabela 3).

De acordo com Engelsing et al. (2011) e Nihei e Ferreira (2012), fatores ambientais podem influenciar a expressão de genes envolvidos na resistência, possivelmente pelas variações provocadas na latitude, temperatura, umidade relativa do ar e adubação. Neste estudo, possivelmente fatores ambientais favoreceram uma maior intensidade de *B. maydis* e *E. turcicum* na segunda época de cultivo, o que propiciaram diferenças na CGC das linhagens entre as épocas. Desta maneira, a seleção de genitores na segunda época é mais favorável para distinguir os genótipos resistentes. Por sua vez, para a ferrugem polissora, o ambiente foi desfavorável para a seleção de genitores.

Para RG, as linhas L70 e L76 apresentaram as maiores estimativas de CGC contribuindo, nessa época, para aumentar o rendimento de grãos de milho-pipoca. Já, para CE, as linhagens L61 e P1 apresentaram as mais elevadas estimativas de CGC; portanto, são consideradas promissoras para serem utilizadas em programas de melhoramento, quando se desejam aumentos na expansão da pipoca (Tabela 3).

As linhagens L61, L70 e L76 exibiram os melhores valores de CGC para o conjunto de variáveis avaliadas nas duas épocas de cultivo, demonstrando que esses genótipos são bastante promissores, podendo ser utilizados em programas de melhoramento de milho-pipoca como fontes de alelos favoráveis para o desenvolvimento de cultivares resistentes a *E. turcicum*, *B. maydis* e *P. polysora* associados a ganhos elevados para rendimento de grãos e capacidade de expansão.

Correlação entre as características com os méritos genéticos das linhagens

A correlação entre características utilizando o mérito genético aditivo (CGC + CEC x época) permite verificar a possibilidade de realizar a seleção simultânea de características ao selecionar genitores e, assim, obter progressos mais rápidos para duas características em relação ao uso de seleção direta. Entretanto, diferenças na correlação entre características em milho-pipoca pode ocorrer em função da época de cultivo, indicando que determinados ganhos simultâneos entre características

ocorrerão em função da adaptação do genótipo em uma determinada época de cultivo. Para tanto, foram obtidas estimativas da correlação do mérito genético aditivo dos genitores entre características dentro de cada época. As correlações foram estimadas apenas nos casos em que os componentes de variância de CGC foram estatisticamente maiores que zero ($p < 0,05$). Assim, na primeira época de cultivo, não foram obtidas as correlações com IET, SBM, CE e RG, e, na segunda época, não foram apresentadas as correlações com IPP, SPP e RG.

Os resultados da primeira época apontaram correlação significativa apenas entre IBM e IPP ($r = 0,93$; $p < 0,01$); IBM e SPP ($r = 0,84$; $p < 0,01$); e IPP e SPP ($r = 0,81$; $p < 0,01$) (Tabela 4). A alta correlação entre a incidência *B. maydis* e *P. polysora* na primeira época de cultivo permite obter ganhos simultâneos ao selecionar genitores para apenas uma doença. Em programas de melhoramento, a seleção simultânea acelera o processo de seleção para mais de uma característica e, conseqüentemente, a obtenção de cultivares resistentes para mais de uma doença.

Tabela 4. Correlações entre as estimativas do mérito genético aditivo (CGC), para primeira época de cultivo (diagonal superior), segunda época de cultivo (diagonal inferior), relativas a IET (%), SET (%), IBM (%), SBM (%), IPP (%), SPP (%), RG ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) e CE ($\text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$)

| Características | IET | IBM | IPP | SPP | SET | SBM | CE | RG |
|-----------------|---------------------|---------------------|--------------------|--------------------|---------------------|--------------------|----|----|
| IET | ❖ | - | - | - | - | - | - | - |
| IBM | -0,44 ^{ns} | ❖ | 0,93 ^{**} | 0,84 ^{**} | 0,21 ^{ns} | - | - | - |
| IPP | - | - | ❖ | 0,91 ^{**} | 0,43 ^{ns} | - | - | - |
| SPP | - | - | - | ❖ | 0,61 ^{ns} | - | - | - |
| SET | 0,96 ^{**} | -0,35 ^{ns} | - | - | ❖ | - | - | - |
| SBM | -0,27 ^{ns} | 0,75 [*] | - | - | -0,18 ^{ns} | ❖ | - | - |
| CE | 0,26 ^{ns} | -0,13 ^{ns} | - | - | 0,1 ^{ns} | 0,04 ^{ns} | ❖ | - |
| RG | - | - | - | - | - | - | - | ❖ |

P valor: **, *, ns correspondem a: $p < 0,01$; $p < 0,05$; não significativo.

IET= Incidência de *E. turcicum*; SET= Severidade de *E. turcicum*; IBM= Incidência de *B. maydis*; SBM= Severidade de *B. maydis*; IPP= Incidência de *P. polysora*; SPP= Severidade de *P. polysora*; RG= Rendimento de grãos; CE= Capacidade de expansão.

Para a segunda época, as correlações significativas ocorreram entre IBM e SBM ($r = 0,75$; $p = 0,03$); e IET e SET ($r = 0,96$, $p < 0,01$). Dessa maneira, pode-se realizar a seleção dos genitores resistentes para *B. maydis* e *E. turcicum* utilizando apenas uma característica — incidência ou severidade. Diante disso, e para maior

praticidade, recomenda-se utilizar as características relacionadas à incidência como variável principal nos experimentos conduzidos no campo, sob condições de infecção natural das doenças, conforme propalado por Kurosawa et al. (2018).

Valor genotípico dos híbridos

Para as características relacionadas às doenças nas duas épocas de cultivo, observa-se que as combinações híbridas com as menores estimativas de h_{ijl} apresentaram, pelo menos, uma linhagem com baixa estimativa de CGC (Tabelas 4 e 5). Isso demonstra que o efeito desejável de acumulação alélica dos genitores traduziu-se em uma boa complementação gênica nas combinações híbridas. São desejáveis que as combinações híbridas com estimativas de CEC mais favoráveis envolvam, pelo menos, um dos genitores que tenha apresentado o mais favorável efeito de GGC (Cruz et al., 2014).

Tabela 5. Estimativas do valor genotípico dos híbridos (h_{ijl}) somadas à média geral da característica, na primeira e segunda época de cultivo para as características de resistência a *E. turcicum* (IET, SET), *B. maydis* (IBM, SBM), *P. polysora* (IPP, SPP), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE)

| Genótipo | IET | | SET | | IBM | | SBM | | IPP | | SPP | | RG | | CE | |
|----------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|-------------------------|
| | 1 ^a época | 2 ^a época | 1 ^a época | 2 ^a época | 1 ^a época | 2 ^a época | 1 ^a época | 2 ^a época | 1 ^a época | 2 ^a época | 1 ^a época | 2 ^a época | 1 ^a época | 2 ^a época | 1 ^a época | 2 ^a época |
| L55xL61 | 14,27 | 45,36 | 5,06 | 8,36 | 5,61 | 9,97 | 0,04 | 0,02 | 27,37 | 1,38 | 12,27 | 0,17 | 3302,29 | 3474,31 | 31,70 | 28,80 |
| L55xL70 | 13,30 | 44,96 | 5,43 | 8,59 | 7,35 | 10,51 | 0,04 | 0,03 | 27,88 | 1,14 | 12,81 | 0,02 | 3480,87 | 3750,99 | 31,56 | 25,24 |
| L55xL76 | 10,60 | 18,07 | 3,30 | 3,81 | 11,87 | 13,1 | 0,05 | 0,06 | 29,81 | 0,79 | 14,96 | 0,04 | 3841,81 | 3882,34 | 32,64 | 23,59 |
| L55xL77 | 15,39 | 13,84 | 6,10 | 3,76 | 14,64 | 18,77 | 0,06 | 0,25 | 32,49 | 0,56 | 15,87 | 0,03 | 3074,09 | 3057,53 | 31,18 | 26,35 |
| L55xL88 | 18,47 | 21,54 | 5,11 | 3,63 | 14,43 | 20,12 | 0,33 | 0,14 | 33,71 | 0,69 | 16,68 | 0,06 | 3621,80 | 3599,89 | 32,46 | 26,93 |
| L55xP1 | 13,88 | 45,93 | 7,21 | 9,52 | 8,98 | 19,41 | 0,06 | 0,22 | 29,00 | 0,52 | 13,49 | 0,04 | 3196,31 | 2827,93 | 29,35 | 28,11 |
| L55xP8 | 13,67 | 21,55 | 6,94 | 6,37 | 14,41 | 20,45 | 0,06 | 0,50 | 34,18 | 1,23 | 16,35 | 0,06 | 2821,10 | 2920,34 | 30,15 | 23,27 |
| L61xL70 | 17,81 | 48,18 | 3,95 | 8,31 | 5,26 | 11,28 | 0,04 | 0,04 | 23,75 | 0,90 | 11,33 | 0,04 | 2633,58 | 3187,01 | 32,42 | 30,78 |
| L61xL76 | 7,64 | 14,75 | 1,30 | 1,92 | 6,95 | 9,12 | 0,06 | 0,06 | 24,81 | 1,63 | 10,75 | 0,06 | 4204,83 | 4561,54 | 32,67 | 31,91 |
| L61xL77 | 5,77 | 6,72 | 0,95 | 0,87 | 8,14 | 15,56 | 0,09 | 0,07 | 26,05 | 1,14 | 13,79 | 0,06 | 3895,82 | 4175,34 | 33,65 | 30,78 |
| L61xL88 | 8,06 | 13,05 | 0,96 | 1,60 | 8,62 | 17,93 | 0,04 | 0,04 | 28,42 | 0,68 | 13,32 | 0,03 | 4086,31 | 4381,94 | 30,43 | 28,86 |
| L61xP1 | 6,14 | 25,6 | 2,29 | 4,14 | 4,95 | 13,38 | 0,05 | 0,02 | 24,28 | 1,00 | 12,47 | 0,13 | 3792,34 | 3722,76 | 33,79 | 34,54 |
| L61xP8 | 7,56 | 27,97 | 2,45 | 5,05 | 5,81 | 14,72 | 0,05 | 0,09 | 25,58 | 1,21 | 10,73 | 0,04 | 3810,01 | 4141,29 | 34,21 | 31,97 |
| L70xL76 | 10,82 | 15,87 | 3,31 | 3,25 | 6,15 | 9,26 | 0,06 | 0,05 | 23,85 | 0,90 | 13,22 | 0,06 | 4115,13 | 4605,04 | 32,54 | 26,73 |
| L70xL77 | 7,03 | 5,04 | 1,39 | 0,95 | 6,91 | 17,02 | 0,07 | 0,09 | 25,71 | 0,70 | 14,59 | 0,04 | 4386,84 | 4771,64 | 33,97 | 28,64 |
| L70xL88 | 10,90 | 13,35 | 1,64 | 2,06 | 9,81 | 18,48 | 0,06 | 0,12 | 27,50 | 0,84 | 15,09 | 0,12 | 4758,33 | 5167,74 | 33,67 | 29,50 |
| L70xP1 | 11,77 | 29,41 | 4,49 | 5,90 | 5,37 | 17,84 | 0,06 | 0,05 | 22,88 | 0,63 | 13,15 | 0,06 | 3737,59 | 3807,34 | 34,95 | 31,90 |
| L70xP8 | 9,44 | 23,28 | 3,35 | 4,90 | 8,04 | 17,51 | 0,09 | 0,17 | 27,02 | 0,75 | 12,66 | 0,01 | 3865,63 | 4347,88 | 34,08 | 27,36 |
| L76xL77 | 12,09 | 2,33 | 2,90 | 0,36 | 11,28 | 16,04 | 0,09 | 0,06 | 28,73 | 0,61 | 12,79 | 0,01 | 4443,05 | 4600,85 | 31,28 | 24,50 |
| L76xL88 | 14,59 | 7,73 | 2,22 | 0,62 | 13,75 | 21,07 | 0,10 | 0,12 | 30,32 | 0,65 | 14,70 | 0,09 | 4248,77 | 4425,11 | 29,56 | 24,04 |
| L76xP1 | 9,39 | 9,51 | 3,62 | 2,17 | 9,37 | 17,70 | 0,05 | 0,15 | 25,13 | 0,47 | 11,55 | 0,02 | 4215,93 | 4019,64 | 33,38 | 31,22 |
| L76xP8 | 7,79 | 8,41 | 1,68 | 1,09 | 10,82 | 18,73 | 0,13 | 0,26 | 29,09 | 1,32 | 15,90 | 0,13 | 3933,59 | 4183,37 | 34,47 | 29,64 |
| L77xL88 | 16,41 | 4,64 | 2,28 | 0,01 | 17,42 | 27,57 | 0,10 | 0,26 | 32,66 | 0,41 | 15,89 | 0,03 | 4552,71 | 4623,61 | 32,00 | 26,39 |
| L77xP1 | 11,78 | 12,21 | 3,51 | 2,44 | 11,64 | 23,59 | 0,10 | 0,61 | 27,80 | 0,28 | 13,12 | 0,01 | 3405,41 | 3151,47 | 34,09 | 32,12 |
| L77xP8 | 12,71 | 6,55 | 2,99 | 1,48 | 14,20 | 25,60 | 0,07 | 1,34 | 30,17 | 1,06 | 15,42 | 0,09 | 4066,81 | 4232,17 | 33,63 | 27,52 |
| L88xP1 | 12,96 | 16,62 | 2,51 | 2,67 | 15,02 | 30,54 | 0,20 | 0,92 | 29,44 | 0,31 | 15,59 | 0,03 | 4450,01 | 4184,32 | 34,20 | 31,09 |
| L88xP8 | 15,21 | 12,45 | 5,01 | 2,98 | 18,13 | 31,62 | 0,06 | 1,85 | 33,26 | 0,72 | 18,31 | 0,05 | 4097,39 | 4260,17 | 32,08 | 25,25 |
| P1xP8 | 13,35 | 19,31 | 5,31 | 5,37 | 14,91 | 26,73 | 0,07 | 1,03 | 27,90 | 0,56 | 13,85 | 0,03 | 3595,02 | 3423,09 | 35,04 | 31,80 |

IET= Incidência de *E. turcicum*; SET= Severidade de *E. turcicum*; IBM= Incidência de *B. maydis*; SBM= Severidade de *B. maydis*; IPP= Incidência de *P. polysora*; SPP= Severidade de *P. polysora*; RG= Rendimento de grãos; CE= Capacidade de expansão.

A capacidade de expansão, produtividade e resistência a doenças são consideradas características de maior importância no milho-pipoca (Scapim et al., 2010) e, por conseguinte, a obtenção de genótipos que agreguem essas características, simultaneamente, é de grande importância para o produtor. Neste aspecto, na primeira época de cultivo, os híbridos L61 x L70, L70 x L77, L61 x L76, L70 x L76, L61 x P1 e L61 x P8 expressaram as menores estimativas de h_{ijl} no conjunto de doenças avaliadas, destacando-se como híbridos promissores. Entretanto, apenas os híbridos L70 x L76, L70 x L77, L61 x P1 e L61 x P8 expressaram estimativas elevadas h_{ijl} também para RG e CE (Tabela 5).

Na segunda época de cultivo, não foi possível selecionar muitas combinações com ganhos simultâneos para as doenças e características agrônômicas. Porém, é válida a seleção de alguns híbridos promissores para aumentos de rendimentos de grãos, capacidade de expansão e redução da incidência e severidade de, pelo menos, uma doença. Nesse aspecto, as combinações L61 x L77, L76 x P1 e L77 x P1 destacaram-se por exibirem as menores estimativas para *E. turcicum*, bem como elevadas estimativas positivas para RG e CE. De forma análoga, as combinações L61 x L76 e L61 x L70 destacaram-se por apresentarem elevada estimativa positiva para CE e RG, bem como menores estimativas para as características relacionadas à resistência a *B. maydis*.

Ao considerar as duas épocas de cultivo, os híbridos L61 x L76, L61 x L77 e L76 x P1 apresentaram baixas estimativas h_{ijl} para o conjunto de doenças avaliadas, assim como elevadas estimativas para o rendimento de grãos, sendo mais indicados para serem recomendados para cultivos em ambas as épocas avaliadas.

Correlação entre as características com o valor genotípico dos híbridos

As correlações com o valor genotípico dos híbridos (h_{ijl}) foram estimadas entre as características avaliadas em duas épocas de cultivo, com a intenção de observar o grau de associação dessas características para a seleção de híbridos. Essas estimativas foram consideradas apenas nos casos em que os componentes de variância do valor genotípico foram estatisticamente maiores que zero ($p < 0,05$). Assim, na primeira época de cultivo, não foram obtidas as correlações com SBM, e, na segunda época, não foram apresentadas as

correlações com IPP e SPP. Quanto às estimativas de correlação de rendimento de grãos (RG) para com as demais características em ambas as épocas de cultivo, é possível observar que houve associação significativa e negativa entre IET ($r = -0,37$; $p < 0,05$) e SET ($r = -0,70$; $p < 0,01$), na primeira época (acima da diagonal), e, na segunda época de cultivo (abaixo da diagonal), para a característica SET ($r = -0,70$; $p < 0,01$) (Tabela 6). Essa relação evidencia que quanto maior a intensidade e severidade de *E. turcicum*, menor será o rendimento de grãos na cultura. Correlações negativas entre rendimento de grãos e doenças foliares em milho foram reportadas por Santos et al. (2002), Brito et al. (2013) e Dudienas et al. (2013).

Tabela 6. Correlações entre as estimativas do valor genotípico dos híbridos (h_{ijl}) para a primeira época de cultivo (diagonal superior), segunda época de cultivo (diagonal inferior), relativos a IET (%), SET (%), IBM (%), SBM (%), IPP (%), SPP (%), RG ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) e CE ($\text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$)

| Características | IET | IBM | IPP | SPP | SET | SBM | CE | RG |
|-----------------|---------------------|---------------------|--------|--------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| IET | ❖ | 0,52** | 0,55** | 0,40* | 0,64** | - | -0,41* | -0,37* |
| IBM | -0,41* | ❖ | 0,87* | 0,80** | 0,23 ^{ns} | - | -0,19 ^{ns} | 0,15 ^{ns} |
| IPP | - | - | ❖ | 0,81** | 0,37* | - | -0,46** | -0,06 ^{ns} |
| SPP | - | - | - | ❖ | 0,20 ^{ns} | - | -0,14 ^{ns} | 0,13 ^{ns} |
| SET | 0,96** | -0,32 ^{ns} | - | - | ❖ | - | -0,36 ^{ns} | -0,70** |
| SBM | -0,25 ^{ns} | 0,82** | - | - | -0,12 ^{ns} | ❖ | - | - |
| CE | 0,13 ^{ns} | -0,09 ^{ns} | - | - | 0,04 ^{ns} | -0,1 ^{ns} | ❖ | 0,25 ^{ns} |
| RG | -0,59** | 0,55 ^{ns} | - | - | -0,70** | -0,07 ^{ns} | -0,05 ^{ns} | ❖ |

P valor: **, *, ns correspondem a: $p < 0,01$; $p < 0,05$; não significativo. IET= Incidência de *E. turcicum*; SET= Severidade de *E. turcicum*; IBM= Incidência de *B. maydis*; SBM= Severidade de *B. maydis*; IPP= Incidência de *P. polysora*; SPP= Severidade de *P. polysora*; RG= Rendimento de grãos; CE= Capacidade de expansão.

Na primeira época de cultivo, a incidência de *B. maydis* correlacionou-se positivamente e estatisticamente maior que zero ($p < 0,01$) com IET ($r = 0,52$), IPP ($r = 0,87$) e SPP ($r = 0,80$). Dessa maneira, podem-se selecionar híbridos considerando essas características simultaneamente, proporcionando a obtenção de genótipos que contemplem resistências às principais doenças foliares que afetam a cultura do milho-pipoca.

Na segunda época de cultivo, houve alta correlação significativa e positiva entre IBM e SMB ($r = 0,82$; $p < 0,01$); IET e SET ($r = 0,96$; $p < 0,01$), ou seja, quanto

maior a proporção de folhas doentes, maior foi a percentagem de área foliar lesionada na folha da primeira espiga para essas características. Segundo Amorim (1995) e Bergamin Filho (1996), nas doenças foliares, a severidade retrata melhor a quantidade de doença; entretanto, a sua determinação é considerada menos fidedigna, devido à maior subjetividade nas estimativas e necessidade de treinamento ou uso contínuo de uma escala diagramática (Bordin et al., 2018). De forma análoga à correlação da CGC na segunda época entre essas características, é possível a recomendação e a utilização apenas da incidência de *B. maydis* e *E. turcicum* para a discriminação dos híbridos mais resistentes, otimizando o tempo de avaliação dessas doenças em campo. Entretanto, novas avaliações são necessárias para extrapolar essas informações para outro conjunto de genótipos.

CONCLUSÕES

- 1- Os efeitos gênicos não aditivos foram mais importantes para as características relacionadas a *E. turcicum*, *B. maydis* e *P. polysora*, capacidade de expansão e rendimento de grãos no conjunto de genótipos avaliados.
- 2- Não houve efeito recíproco para as características associadas à resistência a doenças e a características agronômicas.
- 3- Os genitores L61, L70 e L76 foram os que mais contribuíram nas duas épocas de cultivo para aumentar o nível de resistência a *E. turcicum*, *B. maydis* e *P. polysora*, associados a ganhos satisfatórios para RG e CE.
- 4- As combinações L61 x L76, L61 x L77 e L76 x P1 são de interesse para serem cultivadas nas duas épocas, com a intenção de reduzir os níveis de múltiplas doenças e obter maiores rendimentos de grãos.
- 5- A elevada correlação entre as características da mesma doença (*B. maydis* e *E. turcicum*) na segunda época de cultivo leva a crer que a seleção dos genitores e híbridos possa ser realizada com base apenas na incidência da doença.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agrocerec. 1996. Guia Agrocerec de sanidade. São Paulo, 72p.
- Amaral Júnior, AT; Santos, A; Gerhardt, I.F.S; Kurosawa, R.N.F; Moreira, N.F.; Pereira, M.G.; Gravina, G.A.; Silva, F.H.L. 2016. Proposal of a super trait for the optimum selection of popcorn progenies based on path analysis. *Genetics and Molecular Research*, 15(4).
- Amorim, L. 1995. Avaliação de doenças. In: Bergamin Filho, A., Kimati, H., Amorim, L. Manual de fitopatologia, 3ed. Agronômica Ceres, São Paulo, p.647-671.
- Ayiga-Aluba, J.; Edema, R.; Tusiime, G.; Asea, G.; Gibson, P. 2015. Response to two cycles of S₁ recurrent selection for turcicum leaf blight in an open-pollinated maize variety population (Longe 5). *Advances in Applied Science Research*, 6(12):4-12.
- Babu, R.; Nair, S.K.; Kumar, A.; Rao, H.S.; Verma, P.; Gahalain, A.; Gupta, H.S. 2006. Mapping QTLs for popping ability in a popcorn x flint corn cross. *Theoretical and Applied Genetics*, 112(7):1392-1399.
- Bergamin Filho, A.; Amorim, L. 1996. Doenças de plantas tropicais: epidemiologia e controle econômico, Agronômica Ceres, São Paulo.
- Bordin, L.C.; Casa, R.T.; Marcuzzo, L.L.; Souza, C.A.; Gheller, A.; Zancan, R.L.; Stoltz, J.C. 2018. Relações lineares entre incidência e severidade foliar em patossistema múltiplo de manchas foliares em arroz irrigado. *Summa Phytopathologica*, 42(3):239-242.
- Brien, C. 2016. asremlPlus: Augments the Use of “ASReml-R” in Fitting Mixed Models. Available from URL. <https://cran.rproject.org/package=asremlPlus>
- Cabral, P.D.S.; Amaral Júnior, A.T. do; Viana, A.P.; Vieira, H.D.; Freitas, I.L.J.; Vittorazzi, C.; Vivas, M. 2015. Combining ability between tropical and temperate

- popcorn lines for seed quality and agronomic traits. *Australian Journal of Crop Science*, 9(4):256-263.
- Carson, M.L. 2006. Response of a maize synthetic to selection for components of partial resistance to *Exserohilum turcicum*. *Plant Disease*, 90(7):910-914
- Carson, M.L. 1995. A new gene in maize conferring the chlorotic halo reaction to infection by *Exserohilum turcicum*. *Plant Disease*, 79(7):717-720.
- Carson, M.L. 2001. Inheritance of resistance to *Phaeosphaeria* leaf spot of maize. *Plant Disease*, 85(7):798-800.
- Carson, M.L.; Stuber, C.W.; Senior, M.L. 2004. Identification and mapping of quantitative trait loci conditioning resistance to southern leaf blight of maize caused by *Cochliobolus heterostrophus* race 0. *Phytopathology*, 94(8):862-867.
- Chen, G.; Wang, X.; Long, S.; Jaqueth, J.; Li, B.; Yan, J.; Ding, J. 2016. Mapping of QTL conferring resistance to northern corn leaf blight using high-density SNPs in maize. *Molecular breeding*, 36(1):4.
- Chester, K.S. 1950. Plant disease losses: their appraisal and interpretation. *Plant disease losses: their appraisal and interpretation*, 193:189–362
- Colombo, G.A.; Vaz-de-Melo, A.; Taubinger, M.; de Castro Tavares, R.; Ribeiro da Silva, R. 2014. Análise dialélica para resistência a ferrugem polissora em milho em diferentes níveis de adubação fosfatada. *Bragantia*, 73(1).
- Costa, D.F.; Vieira, B.S.; Lopes, E.A.; Moreira, L.C.B. 2012. Aplicação de fungicidas no controle de doenças foliares na cultura do milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 11(1): 98-105.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético, 4^o ed. UFV, Viçosa, Brasil. 514p.

- Ding, J.; Ali, F.; Chen, G.; Li, H.; Mahuku, G.; Yang, N.; Narro, L.; Magorokosho, C.; Makumbi, D.; Yan, J. 2015. Genome-wide association mapping reveals novel sources of resistance to northern corn leaf blight in maize. *BMC Plant Biol.* 15(1):206.
- Dudienas, C.; Fantin, G.M.; Aildson, P.; Duarte, A.P.; Ticelli, M.; Bárbaro, I.M.; Freitas, R.S.; Leão, P.C.L.; Czentini Filho, G.; Bolonhezi, D.; Pântano, A.P. 2013. Severidade de ferrugem polissora em cultivares de milho e seu efeito na produtividade. *Summa Phytopathologica*, 39(1):16-23.
- Engelsing, M.J.; Rozzetto, D.S.; Coimbra, J.L.M.; Zanin, C.G.; Guidolin, A.F. 2011. Capacidade de combinação em milho para resistência a *Cercospora zea-maydis*. *Revista Ciência Agronômica*, 42(1):232-241.
- Ferguson, L.M.; Carson, M.L. 2007. Temporal variation in *Setosphaeria turcica* between 1974 and 1994 and origin of races 1, 23, and 23N in the United States. *Phytopathology*, 97(11):1501-1511.
- 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(11):1599-1607.
- Freitas, I.L.J.; Amaral Júnior, A.T.; Viana, A.P.; Pena, G.F.; Cabral, P.S.; Vittorazzi, C.; Silva, T.R.C. 2013. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48(11):1464-1471.
- Guimarães, P.S.; Paterniani, M.E.A.G.Z.; Dudienas, C.; Lüders, R.R.; Gallo, P.B. 2009. Capacidade combinatória para resistência à mancha branca em linhagens endogâmicas de milho. *Summa Phytopathologica*, 35(4):282-287.
- Hallauer, A.R.; Miranda Filho, J.D.; Carena, M.J. 2010. Breeding plans. In *Quantitative genetics in maize breeding*, Springer, New York, NY, p.577-653.

- Hurni, S.; Scheuermann, D.; Krattinger, S.G.; Kessel, B.; Wicker, T.; Herren, G.; Fitze, M.N.; Breen, J.; Presterl, T.; Ouzunova, M.; Keller, B. 2015. The maize disease resistance gene Htn1 against northern corn leaf blight encodes a wall-associated receptor-like kinase. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(28):8780-8785.
- Hussain, H.; Raziq, F.; Khan, I.; Shah, B.; Altaf, M.; Attaullah Ullah, W.; Naeem, A.; Adnan, M.; Junaid, K.; Shah, S.R.A.; Iqbal, M. 2016. Effect of *Bipolaris maydis* (Y. Nisik & C. Miyake) shoemaker at various growth stages of different maize cultivars. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 4(2):439-444.
- Ishfaq, A.; Dar, Z.A.; Lone, A.A.; Ali, G.; Gazal, A.; Hamid, B.; Mohiddin, F.A. 2014. Disease reaction studies of maize (*Zea mays* L.) against turcicum leaf blight involving indigenously identified cyosterile source. *African Journal of Microbiology Research*, 8(27):2592-2597.
- James, W.C. 1971. A manual of assessment keys of plant diseases. Canada Department of Agriculture Publication, 1458, 80p.
- Kaefer, K.A.C.; Schuelter, A.R.; Schuster, I.; Marcolin, J.; Vendruscolo, E.C.G. 2017. Association mapping and genetic control for northern leaf blight (*Exserohilum turcicum*) resistance in maize lines. *Australian Journal of Crop Science*, 11(10):1346-1353.
- Kumar, B.; Hooda, K.S.; Gogoi, R.; Kumar, V.; Kumar, S.; Abhishek, A.; Bhati, P.; Sekhar, J.C.; Yathish, K.R.; Singh, V.; Das, A.; Mukri, G.; Varghese, E.; Kaur, H.; Malik, V.; Yadav, O.P. 2016. Inheritance study and stable sources of maydis leaf blight (*Cochliobolus heterostrophus*) resistance in tropical maize germplasm. *Cereal Research Communications*, 44(3):424-434.
- Kurosawa, R.D.N.F.; Vivas, M.; Amaral, A.T.D.; Ribeiro, R.M.; Miranda, S.B.; Pena, G.F.; Leite, J.T.; Mora, F. 2017. Popcorn germplasm resistance to fungal diseases caused by *Exserohilum turcicum* and *Bipolaris maydis*. *Bragantia*, 77(1):36-47.

- Kurosawa, R.N.; Vivas, M.; Júnior, A.T.A.; dos Santos, A.; Mafra, G.S.; Guimarães, A.G.; Schwantes, I.A. 2016. Reaction of popcorn germplasm to polysora rust under field conditions and natural inoculation. *Tropical Plant Pathology*, 41(6):415-422.
- Li, Y.L.; Dong, Y.B.; Niu, S.Z.; Cui, D.Q. 2007. QTL for popping characteristics in popcorn. *Plant breeding*, 126(5):509-514.
- Lopes, M.T.G.; Lopes, R.; Brunelli, K.R.; Silva, H.P.; Matiello, R.R.; Camargo, L.E.A. 2007. Controle genético da resistência à mancha-de-*Phaeosphaeria* em milho. *Ciência Rural*, 37(3):605-611.
- Mubeen, S.; Rafique, M.; Munis, M.F.H.; Chaudhary, H.J. 2017. Study of southern corn leaf blight (SCLB) on maize genotypes and its effect on yield. *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences*, 16(3):210-217.
- Muiru, E.; Koopmann, B.; Tiedemann, A.V.; Mutitu, E.W.; Kimenju, W. 2010. Race Typing and Evaluation of Aggressiveness of *Exserohilum turcicum* Isolates of Kenyan, German and Austrian Origin. *World Journal of Agricultural Sciences*, 6(3):277-284.
- Nihei, T.H.; Ferreira, J.M. 2012. Análise dialélica de linhagens de milho com ênfase na resistência a doenças foliares. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47(3):369-377.
- Ogliari, J.B.; Guimarães, M.A.; Giraldo, I.O.; Carmargo, L.E.A. 2007. New resistance genes in the *Zea mays*: *Exserohilum turcicum* pathosystem. *Genetics and Molecular Biology*. 28(3):435-439.
- Oliveira, GH 2016. Capacidade combinatória e correlação em populações de milho-pipoca (Tese: Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas), 61p, Universidade Estadual Paulista- UNESP, Câmpus de Jaboticabal, São Paulo.

- Oliveira, L.R.D.; Miranda, G.V.; De Lima, R.O.; Souza, L.V.D.; Galvão, J.C.C.; Santos, I.C.D. 2011. Combining ability of tropical maize cultivars in organic and conventional production systems. *Ciência Rural*, 41(5):739-745.
- Paterniani, M.E.A.G.Z.; Sawazaki, E.; Dudienas, C.; Duarte, A.P.; Gallo, P.B. 2000. Diallel crosses among maize lines with emphasis on resistance to foliar diseases. *Genetics and Molecular Biology*, 23(2):381-385.
- Pereira, M.G.; Amaral Júnior, A.T. 2001. Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop breeding and applied biotechnology*, 1(1):3-10.
- R Core Team. 2014. R: A Language and Environment for Statistical Computing. Available from URL. <http://www.r-project.org/>.
- Rangel, R.M.; Amaral Júnior, A.T.; Gonçalves, L.S.; 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(2):473-481.
- Rangel, R.M.; Amaral Júnior, A.T.; Viana, A.P.; Júnior, S.D.P.F.; Pereira, M.G. 2007. Prediction of popcorn hybrid and composite means. *Crop breeding and applied biotechnology*, 7(3):287-295.
- Ribeiro, R.M.; Amaral Júnior, A.T.; Pena, G.F.; Vivas, M.; Kurosawa, R.N.; Gonçalves, L.S.A. 2016. History of northern corn leaf blight disease in the seventh cycle of recurrent selection of an UENF-14 popcorn population. *Acta Scientiarum Agronomy*, 38(4):447-455.
- Santos, P.G.; Juliatti, F.C.; Buiatti, A.L.; Hamawaki, O.T. 2002. Avaliação do desempenho agrônômico de híbridos de milho em Uberlândia, MG. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 37(5):597-602.

- Scapim, C.A.; Amaral Júnior, A.T.; Vieira, R.A.; Moterle, L.M.; Texeira, L.R.; Viganó, J.; Sandoval Júnior, G.B. 2010. Novos compostos de milho-pipoca para o Brasil. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, 31(2):321-330.
- Teixeira, F.F.; Portugal, A.F., Oliveira, M.S.; Silva, D.D.; Guimaraes, L.J.M.; Guimaraes, P.D.O.; Parentoni, S.N. 2017. Pré-melhoramento de milho para resistência à mancha-branca e à ferrugem-polissora. *Embrapa Milho e Sorgo*, 16(2):273-286.
- Vieira, R.A.; Tessmann, D.J.; Hata, F.T.; Souto, E.R.; Mesquini, R.M. 2009. Resistência de híbridos de milho-pipoca a *Exserohilum turcicum*, agente causal da helmintosporiose do milho. *Scientia Agraria*. 10(5):391-395.
- Vieira, R.A.; Mesquini, R.M.; Silva, C.N.; Hata, F.T.; Tessmann, D.J.; Scapim, C.A. 2014. A new diagrammatic scale for the assessment of northern corn leaf blight. *Crop Protection*, 56:55-57.
- Vieira, R.A.; Scapim, C.A.; Moterle, L.M.; Tessmann, D.J.; Amaral Júnior, A.T.; Gonçalves, L.A.S. 2012. The breeding possibilities and genetic parameters of maize resistance to foliar diseases. *Euphytica*, 185(3):325-336.
- Vieira, R.A.; Scapim, C.A.; Tessmann, D.J.; Hata, F.T. 2011. Análise dialéctica da produtividade, capacidade de expansão e resistência à ferrugem-polissora em linhagens de milho-pipoca. *Revista Ciência Agronômica*, 42(3):774-780.
- Vivek, B.; Odongo, O.; Njuguna, J.; Imanywoha, J.; Bigirwa, G.; Diallo, A.; Pixley, K. 2010. Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of African maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Euphytica*. 172(3): 329-340.
- Wang, P.; Souma, K.; Kobayashi, Y.; Iwabuchi, K.; Sato, C.; Masuko, T. 2010. Influences of Northern Leaf Blight on corn silage fermentation quality, nutritive value and feed intake by sheep. *Animal Science Journal*, 81(4):487-493.

Wang, X.; Zhang, Y.; Xu, X.; Li, H.; Wu, X.; Zhang, S.; Li, X. 2014. Evaluation of maize inbred lines currently used in Chinese breeding programs for resistance to six foliar diseases. *The Crop Journal*, 2(4):213-222.

3.2 RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA A MÚLTIPLAS DOENÇAS E CORRELAÇÃO ENTRE INTENSIDADE DE DOENÇAS FOLIARES E CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS

RESUMO

A perda de produtividade de grãos e da qualidade da pipoca é cada vez mais comum em decorrência da infecção de patógenos causadores de doenças foliares. A resistência genética é a principal medida de controle, por ser aplicável em grandes áreas e possuir reduzidos custos e impacto ambiental comparado ao controle químico. Desse modo, faz-se necessária a seleção de híbridos com resistência a múltiplas doenças e superioridade para rendimento de grãos e capacidade de expansão. Objetivou-se, no presente estudo, selecionar híbridos de milho-pipoca que reúnam resistência a *Exserohilum turcicum*, *Bipolaris maydis* e *Puccinia polysora*, bem como detenham altos níveis de capacidade de expansão e rendimento de grãos. Além disso, buscou-se identificar quais características influenciam mais a seleção dos genótipos avaliados considerando duas épocas de cultivo (primeira e segunda época). Foram avaliados 28 híbridos

oriundos do cruzamento dialélico completo entre oito linhagens endogâmicas (P8, P1, L55, L61, L70, L76, L77 e L88). Para tal, utilizou-se o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições. As características avaliadas foram: incidência de *P. polysora* (IPP), *B. maydis* (IBM) e *E. turcicum* (IET); severidade de *P. polysora* (SPP), *B. maydis* (SBM) e *E. turcicum* (SET); rendimento de grãos (RG), e capacidade de expansão (CE). Os dados dos experimentos foram submetidos à Análise de Componentes Principais (ACP) através do software R. Por meio dos resultados, constatou-se que, nas duas épocas, os dois primeiros componentes principais explicaram 72,39% e 75,73% da variação total, respectivamente. As características avaliadas, IET e IPP, na primeira época de cultivo; e IET e SET, na segunda época de cultivo, foram as de maior importância na distinção dos híbridos. Foi possível a seleção dos híbridos P8 x L76 e L70 x P8 para serem utilizados na primeira época; e a do híbrido L77 x L61 para utilização na segunda época de cultivo, por se destacarem para o maior *quantum* de características favoráveis à resistência a múltiplas doenças foliares, bem como para RG e CE.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; resistência genética; análise multivariada.

POPCORN HYBRID RESISTANCE TO MULTIPLE DISEASES AND CORRELATION BETWEEN LEAF DISEASE INTENSITY AND AGRONOMIC TRAITS

ABSTRACT

Grain yield and popcorn quality losses have become more and more common as a result of attacks by pathogens responsible for leaf diseases. Using resistant hybrids is the primary method of control, being applied in large areas and having low costs and environmental impact when compared to chemical control. As such, there is a need to select hybrids with resistance to multiple diseases and

superiority for grain yield and popping expansion. In the present study, the purpose was to select popcorn hybrids that meet resistance to *E. turcicum*, *B. maydis*, and *P. polysora*, and have high levels of popping expansion and grain yield. Furthermore, the research focused on identifying which traits most influence the selection of genotypes evaluated taking into account two growing seasons (summer and winter seasons). Twenty-eight hybrids from the diallel cross among eight inbred lines (P8, P1, L55, L61, L70, L76, L77, and L88) were evaluated. For this purpose, it was used a randomized block design with four replicates in two growing seasons. The traits investigated were the incidence of *P. polysora* (IPP), *B. maydis* (IBM), and *E. turcicum* (IET); severity of *P. polysora* (SPP), *B. maydis* (SBM), and *E. turcicum* (SET); grain yield (GY); and popping expansion (PE). Data from the experiments were submitted to the principal component analysis by means of the R software. Results showed that, in the summer and winter harvests, the first two principal components accounted for 72.39% and 75.73% of the total variation, respectively. Among the traits considered, IET and IPP, in the summer harvest, and IET and SET, in the winter harvest, were the most significant in the distinction of hybrids. Hybrids P8 x L76 and L70 x P8 were selected for the summer harvest and hybrid L77 x L61, for the winter harvest, since they stood out for the greater number of traits favorable to resistance to multiple leaf diseases, as well as for grain yield and popping expansion.

Keywords: *Zea mays* L.; genetic resistance; multivariate analysis.

INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta* (Sturtev.) L. H. Bailey), caracterizado como milho especial, é amplamente difundido no Brasil e apresenta elevada importância econômica, decorrente de uma grande demanda e consumo do produto. Apesar disso, são escassas as informações oficiais a respeito da sua produção e comercialização, notadamente no Brasil. Esse fato está relacionado, principalmente, à preferência das empresas empacotadoras por sementes importadas (Freitas Júnior et al., 2009; Carvalho et al., 2015) e à falta de cultivares adaptadas às diferentes regiões de cultivo brasileira (Moterle et al., 2012; Carvalho et al., 2013; Gonçalves et al., 2014). Também é reduzido o número de cultivares disponíveis pela iniciativa pública. Neste aspecto, de acordo com o Registro Nacional de Cultivares (MAPA, 2018), das 112 cultivares registradas, apenas 26% são oriundas de instituições públicas e disponíveis para livre utilização comercial.

A busca por novas cultivares em programas de melhoramento de milho-pipoca encontra um grande desafio, que é obter genótipos que apresentem alto potencial agrônomo para rendimento de grãos — característica de maior interesse do produtor — aliada à elevada capacidade de expansão — característica de qualidade de interesse do consumidor (Amaral Junior et al., 2010; Silva et al., 2013). Inobstante, a geração de genótipos superiores para resistência a doenças assume elevada importância para a cultura, por se tratar de espécie mais frágil do que o milho comum (Arnhold, 2008; Vieira et al., 2009; Vieira et al., 2011; Kurosawa et al., 2017; Kurosawa et al., 2018).

Não por acaso, se na cultura do milho comum a ocorrência de doenças foliares causa prejuízos na qualidade e produção de grãos, em milho-pipoca, tais doenças tornam-se ainda mais prejudiciais. Entre as doenças foliares, destacam-se a helmintosporiose comum [*Exserohilum turcicum* (Pass.) K.J Leonard e Suggs (1974); teleomorfo *Setosphaeria turcica* (Luttr.) Leonard e Suggs (1974)]; helmintosporiose maydis [*Bipolaris maydis* (Nisik e Myiake) Shoemaker (1959); teleomorfo *Cochliobolus heterostrophus* (Drechsler) Drechsler (1934)]; e a ferrugem polissora causada por *Puccinia polysora* Underw. (1897). As perdas na lavoura em decorrência das doenças variam de acordo com o ano e a localização.

Muitos fatores influenciam a sua ocorrência, incluindo condições ambientais, genótipo do hospedeiro e tempo (fase de crescimento da cultura) da infecção, práticas de manejo das diferentes culturas e histórico de doenças anteriores (Munkvold e White, 2016). A utilização de controle químico pode diminuir a incidência dessas doenças, mas esses métodos não são econômicos e ambientalmente viáveis para a produção de grãos. Por outro lado, a exploração da resistência genética é uma abordagem que favorece o custo-benefício do ponto de vista econômico e ambiental, reduzindo as perdas de rendimento causadas por essas doenças.

Para obter genótipos com alta qualidade da pipoca, elevada produtividade e com resistência a doenças, é necessário que o material selecionado reúna, simultaneamente, todas essas características, satisfazendo às exigências do produtor, das empresas de sementes e do consumidor final. Embora os programas de melhoramento genético avaliem um grande número de variáveis fenotípicas, ainda existem dificuldades em selecionar genótipos que reúnam o maior número de características de interesse. Todavia, a técnica de análise multivariada tem sido adotada nos estudos genéticos, permitindo avaliar as características considerando maior número de variáveis e suas respectivas correlações (Ledo et al., 2003; Hair et al., 2009).

Algumas técnicas multivariadas, como os Componentes Principais (CPs), podem ser utilizadas para selecionar genótipos superiores e simultaneamente analisar várias características e as relações entre elas. Entre os objetivos da técnica, destaca-se a possibilidade de redução do conjunto de dados, mantendo o máximo de informações relevantes quanto possível no menor número de componentes (Hongyu et al., 2016). Estudos para seleção de genótipos foram realizados com Análise de Componentes Principais (ACP) em diferentes culturas, tais como sorgo (Pedreira et al., 2008); feijão-caupi (Bertini et al., 2010); feijão comum (Oliveira et al., 2018); milho (Chandrashekara et al., 2014); e soja (Vianna et al., 2013; Dallastra et al., 2014; Leite et al., 2018). Neste sentido, o uso desta técnica em milho-pipoca permitirá selecionar genótipos superiores para resistência a doenças foliares e características agronômicas. Torna-se oportuno frisar que, embora destacado potencial, tal abordagem ainda não foi empregada em milho-pipoca para o estudo conjunto de resistência a doenças com

característica de interesse agrônômico e de qualidade da pipoca, o que confere a este estudo um caráter inovador.

Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo selecionar híbridos de milho-pipoca que reunissem resistência a *E. turcicum*, *B. maydis*, e *P. polysora*, bem como superioridade para capacidade de expansão e rendimento de grãos. Além disso, pretendeu-se identificar as características de maior importância na seleção de híbridos, quando avaliados em duas épocas de cultivo.

MATERIAL E MÉTODOS

Condução do experimento

Dois experimentos foram implementados no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes, na Região Norte do estado do Rio de Janeiro. O primeiro foi conduzido na primeira época de cultivo, entre outubro de 2014 e janeiro de 2015; o segundo foi conduzido na segunda época de cultivo, entre abril e julho de 2015. Os dados de temperatura (°C) e umidade relativa do ar (%), com a máxima e mínima, foram coletados diariamente a partir do Banco de Dados Meteorológicos do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), referente a cada época de cultivo. Por conseguinte, foram confeccionados gráficos no programa Microsoft Excel © 2010, os quais constam na Figura 1. O eixo Y principal (à esquerda) consiste na variação apresentada pela temperatura (°C), e o eixo Y secundário (à direita) representa a umidade relativa do ar (%).

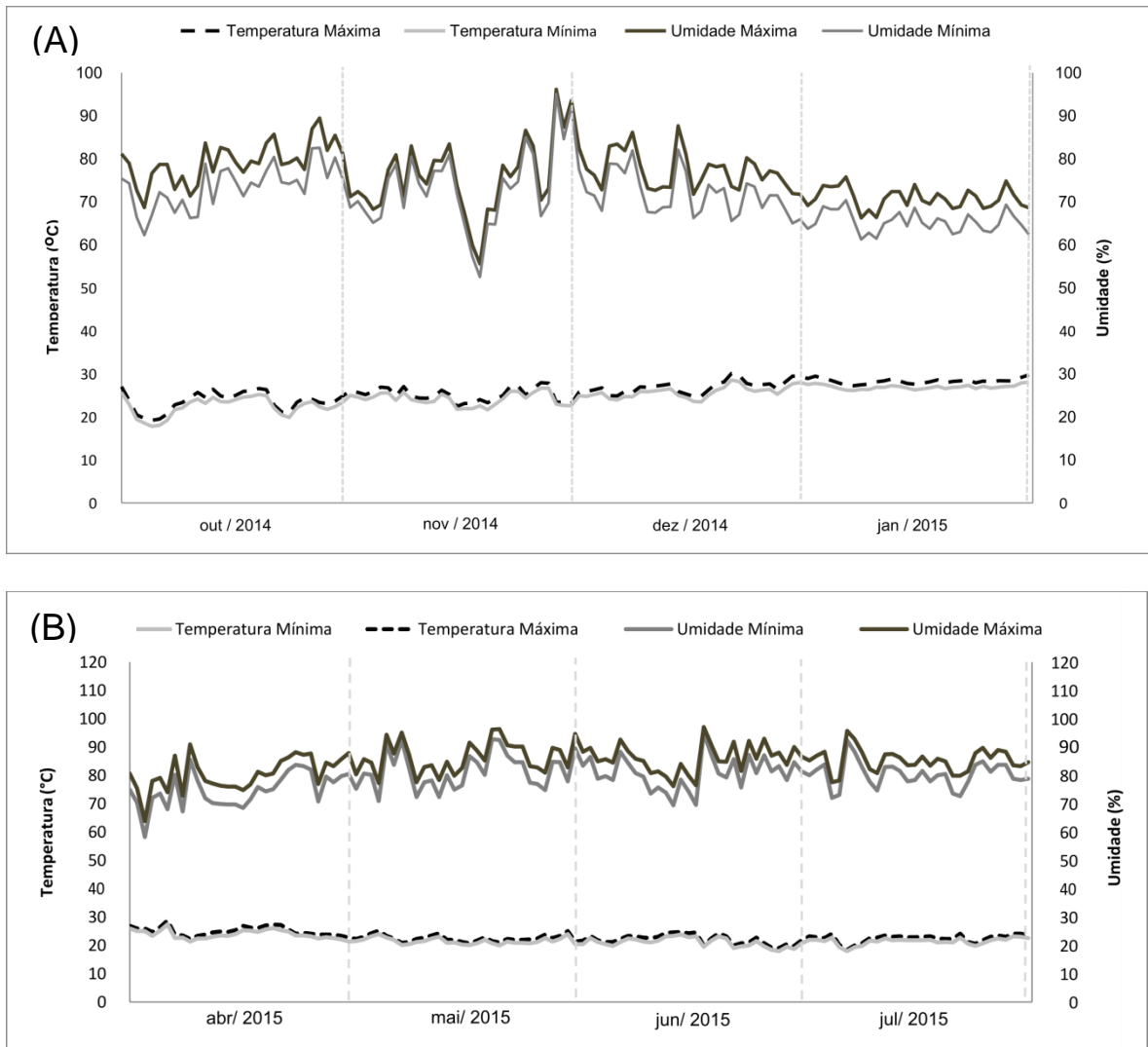


Figura 1: Temperatura e umidade relativa do ar coletadas a partir da estação de Campos dos Goytacazes (OMM: 83698) e processadas pelo Banco de Dados Meteorológicos do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET). Primeira época de cultivo (A); Segunda época de cultivo (B).

O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados com quatro repetições. As parcelas experimentais foram constituídas por linhas de 5,00 m, com 25 plantas por linha e espaçamento de 0,20 x 0,90 m entre plantas e entre linhas, respectivamente. As parcelas foram adubadas por ocasião da semeadura com 60 kg ha⁻¹ de K₂O; 30 kg ha⁻¹ de N; e 60 kg ha⁻¹ de P₂O₅, e com 100 kg ha⁻¹ de N. A irrigação foi feita por aspersão, e as aplicações de herbicidas e inseticidas foram realizadas sempre que necessárias.

Material vegetal

Neste estudo, foram avaliados 28 híbridos simples (Tabela 1), derivados de um dialelo completo entre oito linhagens (L55, L61, L70, L76, L77, L88, P1 e P8) em sétima geração de autofecundação, originadas do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF).

Tabela 1. Identificação de 28 híbridos simples (F_{1s}) e descrição das linhagens genitoras de milho-pipoca utilizadas na composição de dialelo completo

| Híbridos | Híbridos | Identificação | Híbridos |
|-----------|------------------------|---------------------|-----------------------|
| L88 x L76 | P8 x L88 | L70 x P8 | P1 x L61 |
| P8 x L76 | L61 x L88 | L77 x P8 | L77 x L70 |
| L61 x L76 | L70 x L88 | L55 x P8 | L55 x L70 |
| L70 x L76 | L77 x L88 | P1 x P8 | P1 x L70 |
| L77 x L76 | L55 x L88 | L70 x L61 | L55 x L77 |
| L55 x L76 | P1 x L88 | L77 x L61 | P1 x L77 |
| P1 x L76 | L61 x P8 | L55 x L61 | P1 x L55 |
| Genitores | Variedades Originárias | Adaptação Climática | Instituição de Origem |
| L55 | Beija-flor | Temperado/Tropical | UENF |
| L61 | BRS-Angela | Temperado/Tropical | UENF |
| L70 | BRS-Angela | Temperado/Tropical | UENF |
| L76 | Viçosa | Temperado/Tropical | UENF |
| L77 | Viçosa | Temperado/Tropical | UENF |
| L88 | Viçosa | Temperado/Tropical | UENF |
| P1 | Híbrido triplo Zelia | Temperado/Tropical | UEM |
| P8 | Híbrido IAC-112 | Temperado/Tropical | UEM |

Características avaliadas

As características avaliadas foram as reações às doenças foliares: ferrugem polissora, helmintosporiose comum e helmintosporiose maydis; além das características agronômicas: capacidade de expansão e rendimento de grãos. Foram realizadas três avaliações das doenças, ocorridas em intervalos de sete dias após o florescimento feminino. Nas avaliações das doenças foliares, foram consideradas apenas as cinco plantas centrais da parcela, tal como realizado por

Santos et al. (2017). A reação dos tratamentos às doenças foliares foi monitorada por meio da manifestação dos sintomas pela infecção natural em campo, utilizando as estimativas de incidência e severidade dos sintomas.

A incidência de *P. polysora* (IPP), *B. maydis* (IBM) e *E. turcicum* (IET) consistiu na porcentagem de folhas com sintomas em relação às folhas assintomáticas, sendo esta avaliação realizada com base na escala de notas estabelecida pela Agroceres (1996), com notas que variam de 1 a 9, em que a nota 1 indica 0% de incidência; 2 – 0,5% de incidência; 3 – 10% de incidência; 4 – 30% de incidência; 5 – 50% de incidência; 6 – 70% de incidência; 7 – 80% de incidência; 8 – 90% de incidência; e 9 – 100% de incidência foliar.

A avaliação de severidade das doenças foliares, que determina a área de tecido foliar lesionada, foi realizada com o auxílio de escala diagramática. Na avaliação da severidade de *E. turcicum* (SET), utilizou-se a escala diagramática proposta por Viera et al. (2014), baseada em porcentagens de 0,5; 1,6; 5,0; 15; 37; 66; 87; e 96% da área foliar lesionada. A severidade de *B. maydis* (SBM) foi avaliada baseada na escala diagramática com porcentagens de 1; 5; 25; e 50% da área foliar lesionada, conforme a metodologia proposta por James (1971). A severidade de *P. polysora* (SPP) foi estimada pela escala diagramática de Cobb, com modificações (Chester, 1950), fundamentada em valores percentuais entre 5 e 100% da área foliar lesionada.

O rendimento de grãos (RG) foi determinado por meio da pesagem dos grãos após a remoção da espiga e expresso em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. A capacidade de expansão (CE) foi estabelecida pela média de duas repetições por tratamento, cada uma representada por 30 g de grãos. Os grãos foram colocados em forno de micro-ondas, em saco de papel especial para pipocamento, com potência de 1.000 W, e aquecidos durante 2 minutos e 20 segundos. Após a expansão dos grãos, o volume de pipoca foi quantificado em um béquer de 2.000 mL, e o resultado final foi ajustado em relação ao peso inicial de 30 g, e expresso em mL de pipoca/g de grãos.

Análise estatística

Os dados obtidos referentes às avaliações de incidência e severidade das doenças foliares e das características agrônômicas foram submetidos à análise de variância com a significância dos efeitos verificada pelo teste F, em 5% de

probabilidade (dados não apresentados). Com isso, as análises posteriores foram realizadas apenas para as características que apresentaram efeito significativo para cada época de cultivo. Desta forma, na primeira época de cultivo, foram consideradas as características: IBM, IET, SET, IPP, SPP, RG e CE. Na segunda época de cultivo, as características avaliadas foram: IBM, SBM, IET, SET, RG e CE. As médias dos híbridos foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott em 5% de probabilidade.

Procedeu-se ao diagnóstico de multicolinearidade por meio da análise do Número de Condição (NC), que representa a razão entre o maior e o menor autovalor da matriz de correlação. Segundo Montgomery e Peck (1981), se $NC < 100$, a colinearidade é fraca; se $100 < NC < 1.000$, a colinearidade é de moderada a forte; e se $NC > 1.000$, a colinearidade é severa. Com a constatação de colinearidade fraca, realizou-se a análise de componentes principais utilizando todas as características significativas. As análises descritas anteriormente foram realizadas utilizando o software estatístico GENES (Cruz, 2013).

Todos os dados foram padronizados e passaram a apresentar média = 0 e variância = 1. A Análise dos Componentes Principais (ACP) foi realizada sobre uma matriz de correlação fenotípica. Para determinar o número de componentes principais que explicam a maior parte da variação dos dados, foi utilizado o método proposto por Kaiser (1958). O biplot foi obtido com base nos valores dos genótipos, utilizando o CP1 no eixo horizontal e o CP2 no eixo vertical. As análises foram processadas no software R Core Team (2014).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise de componentes principais

Na primeira época de cultivo, a análise de componentes principais revelou que os dois primeiros componentes principais apresentaram autovalores superiores a um, explicando, em conjunto, 72,39% da variância acumulada contida nas sete variáveis originais (Tabela 2). Na segunda época de cultivo, os dois componentes principais foram suficientes para explicar 75,73% da variância total acumulada presente nas seis variáveis avaliadas (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativas dos autovalores associados aos componentes principais, juntamente com a sua importância relativa e acumulada, para oito características de milho-pipoca em duas épocas de cultivo (primeira e segunda épocas), em Campos dos Goytacazes, RJ

| Componentes | Autovalor (λ_i) | | Variância Explicada (%) | | Variância Acumulada (%) | |
|-------------|---------------------------|----------------------|-------------------------|----------------------|-------------------------|----------------------|
| | 1 ^a época | 2 ^a época | 1 ^a época | 2 ^a época | 1 ^a época | 2 ^a época |
| 1 | 3,28 | 2,72 | 46,87 | 45,31 | 46,87 | 45,31 |
| 2 | 1,79 | 1,83 | 25,52 | 30,42 | 72,39 | 75,73 |
| 3 | 0,78 | 0,92 | 11,17 | 15,32 | 83,56 | 91,05 |
| 4 | 0,58 | 0,36 | 8,36 | 6,02 | 91,92 | 97,07 |
| 5 | 0,27 | 0,14 | 3,85 | 2,26 | 95,77 | 99,33 |
| 6 | 0,17 | 0,04 | 2,40 | 0,67 | 98,17 | 100,00 |
| 7 | 0,13 | - | 1,83 | - | 100,00 | - |

Segundo Cruz et al. (2012), variações totais acima de 80% obtidas nos dois ou três primeiros componentes principais possibilitam a análise dos genótipos utilizando gráficos de dispersão. Em contrapartida, estudos com análise de componentes principais em diferentes culturas apresentaram resultados favoráveis com a variação total abaixo da recomendada, de 80%, nos dois primeiros componentes (Pedreira et al., 2008; Costa et al., 2013; Oliveira et al., 2018).

Para a determinação do número de Componentes Principais (CPs), verificou-se que, nas duas épocas de cultivo, somente os dois primeiros CPs

gerados a partir desta análise apresentaram autovalores maiores que um. Seguindo o critério de Kaiser (1958), são considerados, na ACP, apenas os componentes principais que apresentam autovalores maiores que um ($\lambda_i > 1$), demonstrando que esses seriam os valores estatisticamente significativos. Alguns autores relataram que autovalores acima de um geram componentes com quantidades significativas de informação das variáveis originais (Bertini et al., 2010; Dallastra et al., 2014; Leite et al., 2018). Assim, os dois primeiros CPs nas duas épocas de cultivo foram considerados adequados para representar efetivamente a variância amostral total, sendo estes utilizados para o estudo do conjunto de dados (Tabela 2).

Segundo Hongyu et al. (2015), o poder discriminatório das variáveis em cada componente principal é medido por correlação. Desse modo, a caracterização das variáveis de maior importância daquelas de menor contribuição para a seleção permite a melhor utilização dos recursos no programa de melhoramento, possibilitando discriminar genótipos com eficiência. Portanto, na primeira época de cultivo, os descritores IET (0,88) e IPP (0,88) apresentaram igualmente a maior contribuição para o componente gerado (Figura 2A).

Por outro lado, no segundo componente principal (CP2), destacaram-se RG (0,80) e CE (-0,71). Essas características contribuem significativamente para a variabilidade dos híbridos, apresentando maior influência em relação à variância acumulada. Portanto, nesta época de cultivo, essas variáveis seriam as mais responsivas para selecionar híbridos de milho-pipoca. Na segunda época de cultivo, a análise de componentes principais permitiu a redução de seis descritores para dois componentes principais. No CP1, observa-se que os descritores de maior peso foram IET (0,93) e SET (0,92), e, no CP2, os descritores de maior contribuição em valor absoluto foram SBM (0,85), IBM (0,74) e RG (-0,67) (Figura 2B).

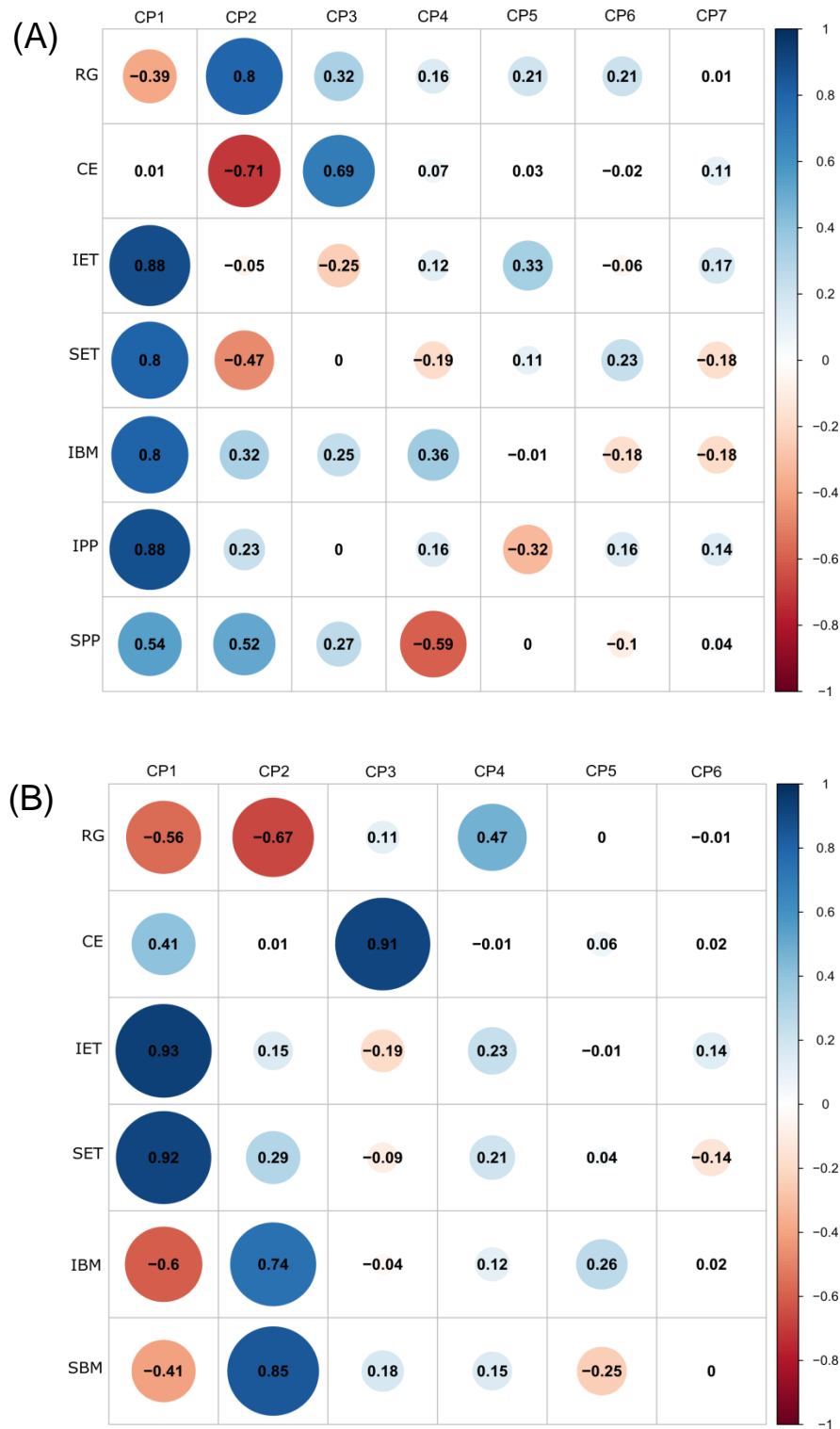


Figura 2. Correlações entre os componentes principais e as características: RG = rendimento de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$); CE = capacidade de expansão ($\text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$); IET = incidência de *E. turcicum* (%); SET = severidade de *E. turcicum* (%); IBM = incidência de *B. maydis* (%); SBM = severidade de *B. maydis* (%); IPP = incidência de *P. polysora* (%); e SPP = severidade de *P. polysora* (%), avaliadas em duas épocas de cultivo em Campos dos Goytacazes, RJ. Primeira época de cultivo (A); Segunda época de cultivo (B);

Por outro lado, no segundo componente principal (CP2), destacaram-se RG (0,80) e CE (-0,71). Essas características contribuem significativamente para a variabilidade dos híbridos, apresentando maior influência em relação à variância acumulada. Portanto, nesta época de cultivo, essas variáveis seriam as mais responsivas para selecionar híbridos de milho-pipoca. Na segunda época de cultivo, a análise de componentes principais permitiu a redução de seis descritores para dois componentes principais. No CP1, observa-se que os descritores de maior peso foram IET (0,93) e SET (0,92), e, no CP2, os descritores de maior contribuição em valor absoluto foram SBM (0,85), IBM (0,74) e RG (-0,67) (Figura 2B).

Vale ressaltar que, para o CP1, nas duas épocas de cultivo (Figura 2A e B), ficou evidente o contraste da contribuição entre RG (contribuição negativa) e as doenças foliares (contribuição positiva). A diferença entre os valores negativos e positivos encontrados nas variáveis resulta em respostas distintas nos híbridos, ou seja, quando o valor de uma variável contribui para aumentar, o valor da outra contribui para diminuir. Desta forma, as doenças avaliadas contribuem de forma a reduzir o rendimento de grãos nos cultivos de milho-pipoca em diferentes colheitas. Observa-se também uma relação inversa entre RG e CE nas duas safras ao considerar os dois componentes principais, o que confirma a correlação negativa entre essas características (Carpentieri-Pípolo et al., 2002; Rangel et al., 2011; Freitas et al., 2013; Cabral et al., 2015).

Os resultados demonstraram que, nas duas épocas de cultivo, os atributos associados à resistência às doenças apresentaram maior relevância para discriminação dos híbridos nos dois primeiros componentes principais, seguidos por RG e CE. Como já se sabe, e conforme demonstrado pelos resultados, embora a seleção de genótipos de milho-pipoca nos programas de melhoramento seja baseada principalmente nas características de interesse, quais sejam, RG e CE, variáveis associadas a estresses bióticos, tais como as doenças foliares, podem influenciar direta ou indiretamente a redução dos valores dessas características. Por essa razão, a inclusão de caracteres associados à resistência a doenças faz-se necessária no processo seletivo dos genótipos superiores.

Análise biplot

Com base na Figura 3A, nota-se que as variáveis relacionadas às doenças foliares IET, SET, IBM, IPP e SPP apresentaram, na primeira época de cultivo, contribuições similares para o CP1. Isso foi verificado pelas variáveis que têm vetor de maior comprimento e que foram mais próximas ao eixo CP1 (Figura 3B). Essa situação demonstra que as características relacionadas às doenças possuem uma correlação positiva entre si e uma correlação negativa para com RG, o que também pode ser observado na segunda época de cultivo. Esses resultados corroboram os de Chandrashekara et al. (2014), que, avaliando helmintosporiose maydis e helmintosporiose turcicum em milho, encontraram associações positivas entre as doenças e negativas com rendimento de grãos. Evidências sobre perdas na produtividade de grãos decorrentes do aumento de ataque dos patógenos *E. turcicum* (Ferguson e Carson, 2007; Muiru et al., 2010; Wang et al., 2010; Ding et al., 2015), *B. maydis* (Hussain et al., 2016; Mubeen et al., 2017) e *P. polysora* (Costa et al., 2012; Teixeira et al., 2017) são reportadas na literatura, reafirmando a relação negativa existente entre as doenças causadas por esses patógenos e o rendimento de grãos.

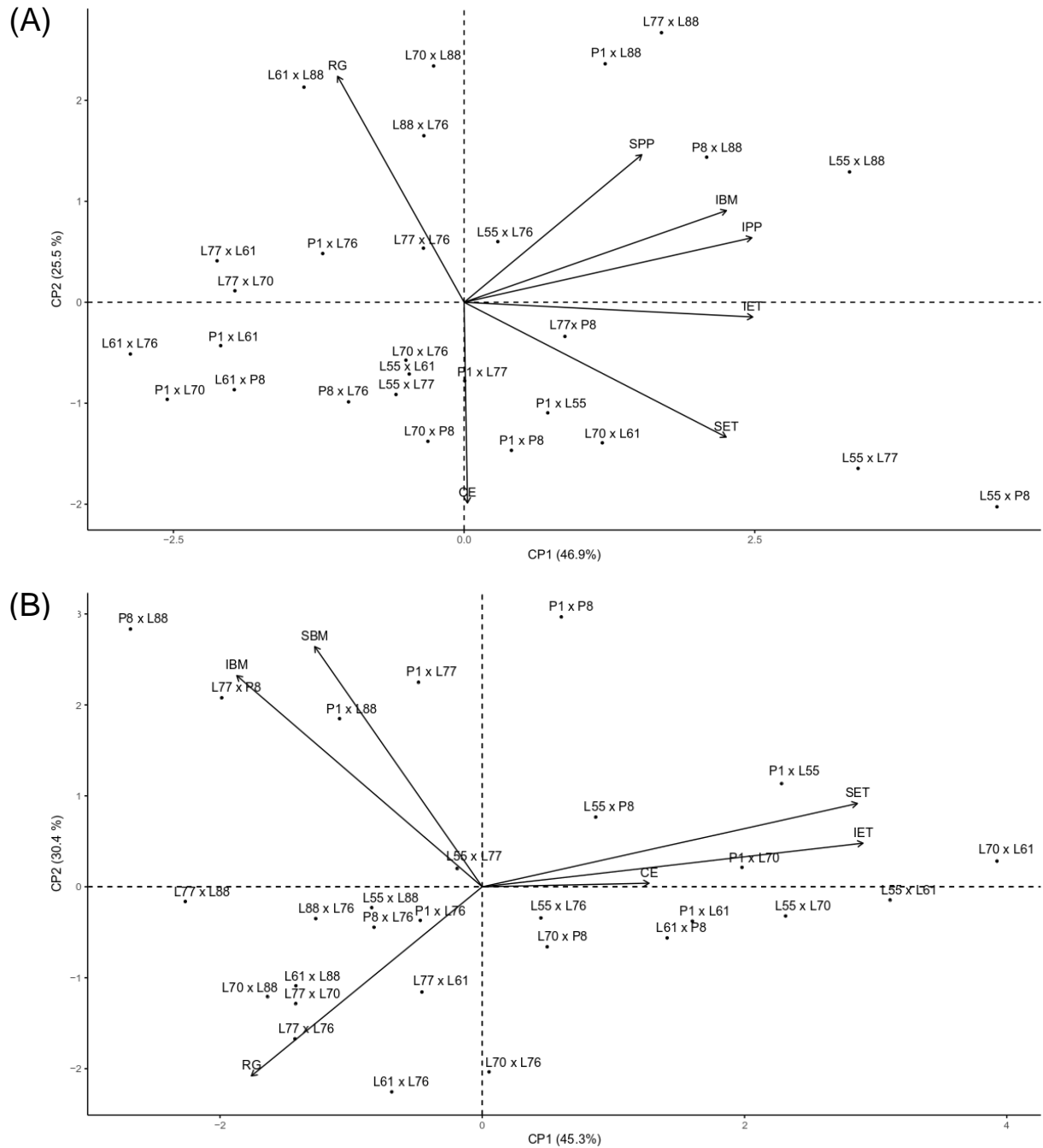


Figura 3. Gráfico biplot com dispersão de 28 genótipos de milho-pipoca em função dos componentes principais PC1 x PC2, apresentando as projeções de seis características em Campos dos Goytacazes, RJ. Primeira época de cultivo (A); Segunda época de cultivo (B); RG = rendimento de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$); CE = capacidade de expansão ($\text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$); IET = incidência de *E. turcicum* (%); SET = severidade de *E. turcicum* (%); IBM = incidência de *B. maydis* (%); SBM = severidade de *B. maydis* (%); IPP = incidência de *P. polysora* (%); e SPP = severidade de *P. polysora* (%).

Pela análise das projeções dos vetores na primeira época de cultivo e da posição no gráfico, observa-se a existência de correlações altamente positivas entre as características IPP, IBM e SPP, tendo em vista que suas projeções estão no mesmo quadrante (Figura 3A). Arnhold (2008), ao estudar as correlações genotípicas entre doenças foliares em famílias S₁ de milho-pipoca, também observou correlação positiva entre a severidade de ferrugem (*Puccinia sp.*) e severidade de *B. maydis*. Diferentes doenças correlacionadas positivamente contribuem para a obtenção de maiores ganhos genéticos em resistência em milho-pipoca, visto que a seleção proporcionará ganhos para as duas variáveis, facilitando, assim, o trabalho dos melhoristas na obtenção de genótipos resistentes a *B. maydis* e *P. polysora*. Nesta mesma época, essa situação também pode ser observada em relação às características IET e SET. No entanto, observou-se haver menor correlação entre SET e a ocorrência de IBM ou IPP e SPP, o que dificulta utilizar a seleção indireta para selecionar híbridos para essas variáveis nesta época de cultivo.

Na segunda época de cultivo, verificou-se que houve correlação forte entre a incidência e severidade para as doenças avaliadas, ou seja, entre IET e SET e entre IBM e SBM (Figura 3B). A presença de correlação positiva entre essas variáveis demonstra que, na prática, há a possibilidade de avaliar apenas o caráter de mais fácil mensuração, pois a seleção estará sendo realizada de forma indireta também para a outra variável. De posse dessas informações, podem-se concentrar maiores esforços na avaliação de uma única característica, descartando a avaliação das outras variáveis que pouco contribuem para a distinção dos híbridos.

Outro ponto observado foi a correlação das características associadas à resistência a *E. turcicum* com a capacidade de expansão, que demonstrou-se pequena e positiva nas duas épocas, o que indica que a CE pode ser influenciada por meio da escolha de híbridos com maior resistência a *E. turcicum*. Entretanto, na segunda época, a correlação foi mais alta, o que indica que esta época foi melhor para a maximização do potencial da CE e da resistência à *E. turcicum* nos híbridos avaliados, o que pode ser observado nos resultados obtidos no presente trabalho (Figura 5).

Para facilitar a seleção e a melhor visualização da dispersão dos híbridos, foi plotado um gráfico bidimensional formado por CP1 e CP2 com os scores de

cada híbrido sobre a porcentagem de incidência e severidade de doenças foliares, rendimento de grãos e capacidade de expansão (Figuras 3A e B). Nestes casos, os híbridos são influenciados pela proximidade de cada característica ao eixo de cada componente principal. Desta forma, quando a seleção for baseada na redução das doenças foliares, o interesse é obter híbridos com menores valores de *scores*. Em contrapartida, se a seleção para característica de maior importância estiver relacionada com o rendimento de grãos e a capacidade de expansão, o ideal é que os híbridos selecionados sejam os de maiores *scores*.

Na primeira época de cultivo, pode-se observar que o CP1 foi responsável por agregar os híbridos L61 x L76 e P1 x L70, localizados mais à esquerda do eixo CP1, por exibir os menores *scores* para IET e IPP (Figura 3A). Tal fato permite afirmar que esses híbridos irão contribuir para a redução dos níveis dessas doenças, o que é corroborado ao observar os valores médios desses híbridos para essas características (Figura 4). No segundo componente principal (CP2), os híbridos L77 x L88 e P1 x L88 destacaram-se por apresentarem elevado *score*, que resultaram na sua posição extrema no eixo superior CP2 (Figura 2a). A superioridade desses híbridos para RG, principal característica que explica a variabilidade dos dados no eixo CP2, também pode ser observada pelo teste de média (Figura 4). Entretanto, para as demais características, os híbridos não apresentaram médias elevadas (Figura 4).

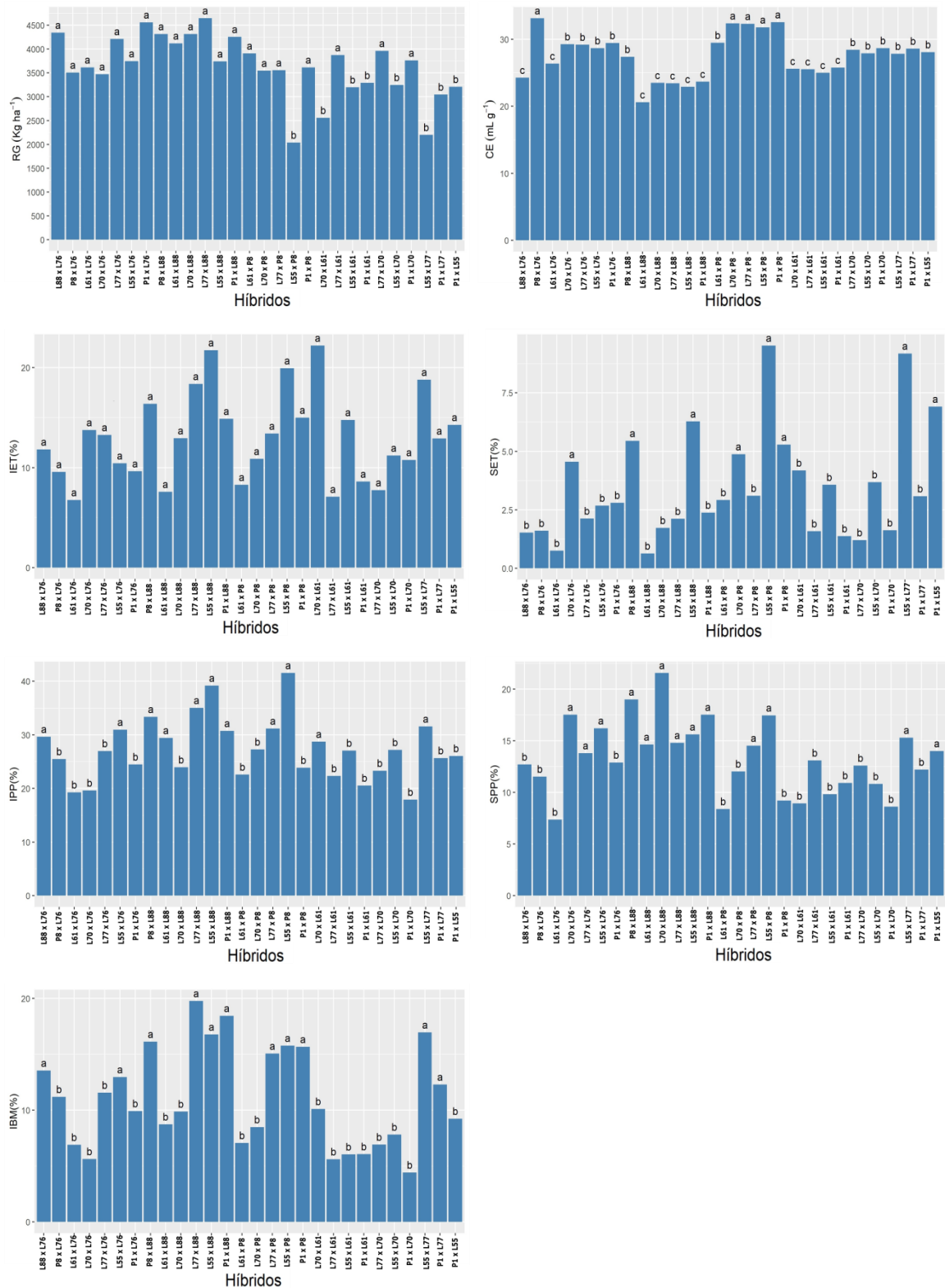


Figura 4. Desempenho médio de 28 híbridos, na primeira época de cultivo, para: IET = incidência de *E. turcicum* (%); SET = severidade de *E. turcicum* (%); IBM = incidência de *B. maydis* (%); IPP = incidência de *P. polysora* (%); SPP = severidade de *P. polysora*; RG = rendimento de grãos (kg.ha⁻¹); e CE = capacidade de expansão (mL.g⁻¹).

Ao observar os dois componentes principais — CP1 e CP2 —, os híbridos L88 x L76, P1 x L76, L61 x L88, L70 x L88, L77 x L61 e L77 x L70 destacaram-se por apresentar os menores *scores* para as características representadas pelo CP1 e maiores *scores* para as características representadas pelo CP2 (Figura 3a). Porém, ao considerar as médias para os caracteres avaliados nestes híbridos, observa-se que todos os híbridos apontados apresentaram, para capacidade de expansão, uma estimativa de média abaixo do recomendável — 30 mL g⁻¹ — para comercialização da pipoca (Figura 4). Sendo assim, embora seja uma fonte de resistência, os híbridos não são adequados para recomendação comercial. Contudo, foi possível destacar os híbridos P8 x L76 e L70 x P8, uma vez que estes pares apresentaram *scores* e médias desejáveis para as características relacionadas às doenças foliares, rendimento de grãos e capacidade de expansão.

Na segunda época de cultivo, a análise do Biplot com os componentes principais caracterizou os híbridos em duas dimensões distintas relacionadas à resistência a helmintosporiose maydis e turcicum (Figura 3B). Em relação ao CP1, os híbridos com menores *scores* foram: P8 x L88, L77 x L88 e L77 x P8, localizados à esquerda do eixo CP1, que podem ser distinguidos como promissores para resistência a IBM e SBM. Por outro lado, os híbridos L61 x L76 e L70 x L76, plotados na região abaixo do eixo CP2, constituem-se como os de maior interesse para seleção quanto aos menores *scores* para IET e SET. Todos os híbridos de milho-pipoca mencionados constituem-se como de maior resistência aos patógenos *B. maydis* e *E. turcium*, por apresentarem as menores médias para os atributos relacionados à resistência a essas doenças. Contudo, o híbrido L77 x L61 destacou-se devido à superioridade dos valores fenotípicos para as seis características que compõem os dois eixos principais. A ampla dispersão dos genótipos nos dois componentes principais, em ambas as épocas de cultivo, demonstrou que há elevada variabilidade nas respostas dos híbridos às doenças. Nas duas épocas de cultivo, foi possível identificar tanto grupos de híbridos com maior nível de resistência a, pelo menos, uma das doenças foliares estudadas, quanto grupos de híbridos com maior nível de resistência a todas essas doenças.

Na primeira época de cultivo, os híbridos L61 x L76, P1 x L76, L61 x P8, L77 x L61, P1 x L61, L77 x L70 e P1 x L70 foram agrupados opostamente à incidência e severidade de doenças, indicando maior nível de resistência a múltiplas doenças por parte desses genótipos (Figura 5).

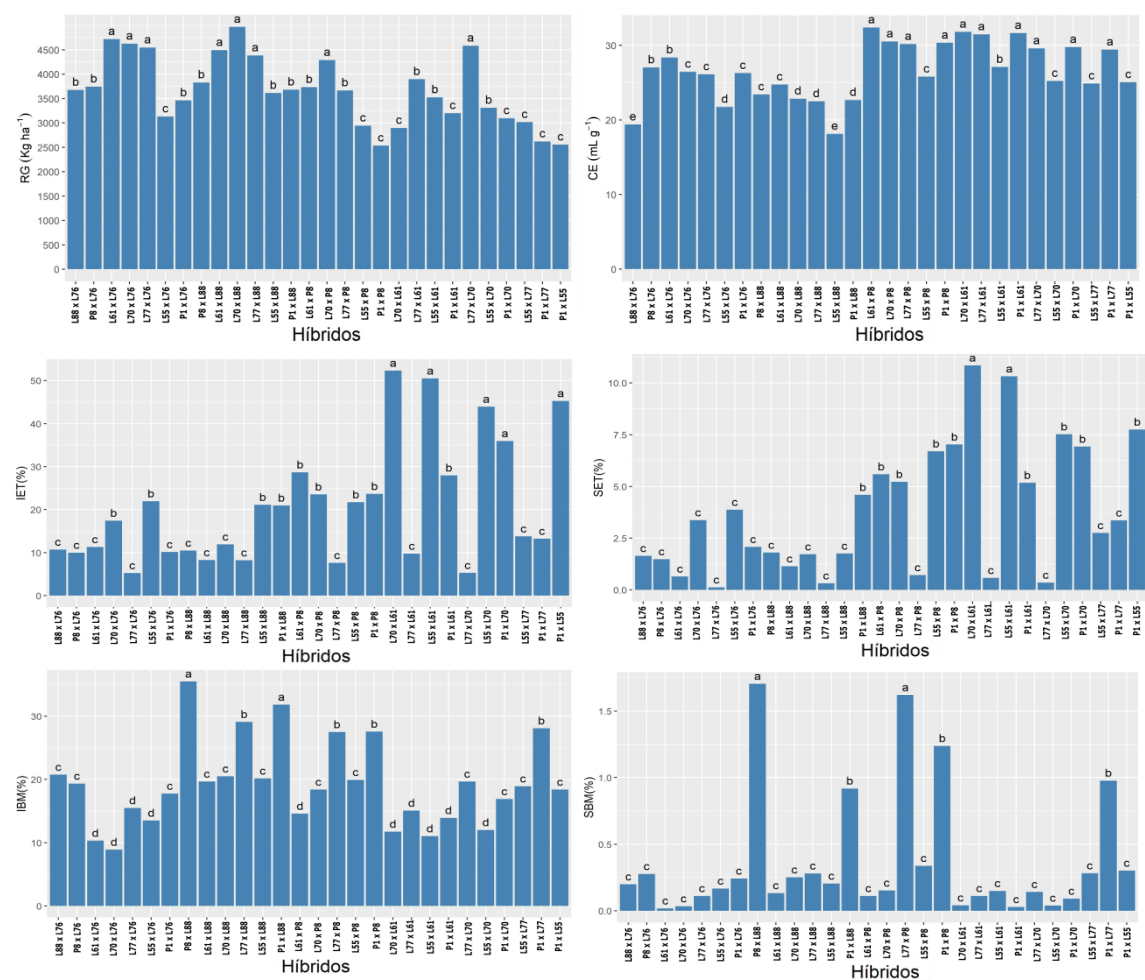


Figura 5. Desempenho médio de 28 híbridos, na segunda época de cultivo, para: IET = incidência de *E. turcicum* (%); SET = severidade de *E. turcicum* (%); IBM = incidência de *B. maydis* (%); SBM = severidade de *B. maydis* (%); RG = rendimento de grãos (kg.ha⁻¹); e CE = capacidade de expansão (mL.g⁻¹).

Entre os parentais desses híbridos, observa-se maior frequência das linhagens L61, L70 e P1. De forma semelhante, na safra de inverno, os híbridos L61 x L76, L70 x L76, L77 x L76, L61 x L88, L70 x L88, L77 x L61 e L55 x L77 foram agrupados opostamente aos caracteres relacionados às doenças. Esses

híbridos possuem como genitores mais frequentes as linhagens L61, L70 e L76. Essas linhagens já haviam sido apontadas anteriormente no trabalho de Kurosawa et al. (2017) como fontes de resistência a, pelo menos, uma ou duas dessas doenças foliares. A resistência presente nessas linhagens pode ser resultado, provavelmente, da origem do material genético, cuja genealogia apresenta um bom desempenho para resistência a algumas doenças foliares mencionadas neste estudo (Miranda et al., 2003; Arnhold et al., 2008) ou, da forma como foram desenvolvidas, a partir de estratégias como a seleção recorrente, utilizada para aumentar o nível de resistência a doenças foliares em cultivares de milho suscetíveis (Parteniani e Miranda Filho, 1978; Bleicher e Balmer, 1993).

CONCLUSÕES

- 1- As características IET e IPP; IET e SET foram as que mais contribuíram para diferenciar os híbridos avaliados na primeira época de cultivo e segunda época de cultivo, respectivamente.
- 2- Há correlação positiva entre todas as doenças foliares avaliadas durante a primeira época de cultivo. Na segunda época de cultivo, uma correlação forte e positiva foi observada entre a incidência e severidade de *B. maydis* e *E. turcicum*.
- 3- Capacidade de expansão correlaciona-se positivamente com a resistência a *E. turcium* e negativamente com rendimento de grãos.
- 4- Os híbridos P8 x L76 e L70 x P8 destacaram-se por apresentar resistência a múltiplas doenças e alta produtividade e capacidade de expansão na primeira época de cultivo. Na segunda época de cultivo, o híbrido L77 x L61 apresentou a melhor aptidão para o conjunto de variáveis avaliadas.
- 5- Na primeira época de cultivo, os híbridos L61 x L76, P1 x L76, L61 x P8, L77 x L61, P1 x L61, L77 x L70 e P1 x L70 são de interesse para serem utilizados como fonte de resistência a múltiplas doenças. Na segunda época de cultivo, os híbridos L61 x L76, L70 x L76, L77 x L76, L61 x L88, L70 x L88, L77 x L61 e L55 x L77 destacaram-se como os mais promissores para fonte de resistência a *B. maydis* e *E. turcicum*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agrocerec. 1996. Guia Agrocerec de sanidade. São Paulo, 72p.
- Amaral Júnior, A. T., Freitas Júnior, S. P., RANGEL, R. M., Pena, G. F., Ribeiro, R. M., Morais, R. C., Schuelter, A. R. (2010) Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. *Genet. Mol. Res.* 9: 340–347.
- Arnhold, E. (2008) Seleção para resistência a doenças foliares em famílias S₁ de milho-pipoca. *Rev. Ceres*, 55: 89-93.
- Balmer, E., Pereira, O.A.P. Doenças do milho. In: Paterniani, E.; Viegas, G.P. (Eds.) (1987) *Melhoramento e produção do milho*. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, v.2, cap. 14, p.595-634.
- Bertini, C. H.C.M., de Almeida, W. S., Moura da Silva, A. P., Lima e Silva, J. W., Teófilo, E. M. (2010) Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. *Acta Sci. Agron.* 32: 613-619.
- Bleicher, J. and Balmer, E. (1993) Efeitos da seleção recorrente fenotípica sobre a resistência a *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonarde & Suggs em milho. *Pesq. agropec. bras.* 28:1291- 1295.
- Cabral, P. D. S., Amaral Junior, A. T., Viana, A.P., Vieira, H. D., Freitas, I. L. J., Vittorazzi, C., Vivas, M. (2015) Combining ability between tropical and temperate popcorn lines for seed quality and agronomic traits. *Aust. J. Crop Sci.* 9: 256.
- Carvalho, C., Kist, B. B., Santos, C. E., Muller, I., Beling, R. R. (2015) *Anuário brasileiro de milho 2015*. Santa Cruz do Sul, RS: Editora Gazeta- Santa Cruz LTDA. Disponível em:<<http://www.editoragazeta.com.br/produto/anuario-brasileiro-do-milho-2015/>> Acesso em: 13 de abr. 2019

- Carvalho, M. S. N., Mangolin, C. A., Scapim, C. A., Da Silva, T. A., Da Silva, M. D. F. P. (2013) A collection of popcorn as a reservoir of genes for the generation of lineages. *Mol. Biotechnol.* 53: 300-307.
- Chandrashekara, C., Jha, S. K., Arun Kumar, R., Agrawal, P. K. (2014) Identification of new sources of resistance to Turcicum Leaf Blight and Maydis Leaf Blight in maize (*Zea mays* L.). *SABRAO J. Breed. Genet.* 46: 44-55.
- Chester K.S. (1950) Plant disease losses: their appraisal and interpretation. *Plant Dis Rep (Suppl)*, 193:189–362.
- Costa, D.F., Vieira, B.S., Lopes, E.A., Moreira, L.C.B. (2012) Aplicação de fungicidas no controle de doenças foliares na cultura do milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 11: 98-105.
- Costa, K. D. S., de Carvalho, I. D. E., Santos, L. D. S., dos Santos, P. R., da Silva, J. W. (2013) Selection of descriptors in cane sugar by means of principal components. *Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável*, 8: 207-210.
- Cruz, C. D. (2013) Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Sci. Agron.* 35: 271-276.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 668 p.
- Dallastra, A., Unêda-Trevisoli, S. H., Ferraudo, A. S., & Di Mauro, A. O. (2014) Multivariate approach in the selection of superior soybean progeny which carry the RR gene. *Rev. Cienc. Agron.* 45: 588-597.
- Ding, J., Ali, F., Chen, G., Li, H., Mahuku, G., Yang, N., Narro, L., Magorokosho, C., Makumbi, D., Yan, J. (2015) Genome-wide association mapping reveals novel sources of resistance to northern corn leaf blight in maize. *BMC Plant Biol.* 15:206.

- Ferguson, L.M., Carson, M.L. (2007) Temporal variation in *Setosphaeria turcica* between 1974 and 1994 and origin of races 1, 23, and 23N in the United States. *Phytopathology*, 97: 1501-1511.
- Freitas, I.L. de. J., Amaral Júnior, A.T. do., Viana, A.P., Pena, G.F., Cabral, P. da. S., Vittorazzi, C., Silva, T.R. da. C. (2013) Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. *Pesq. agropec. bras.* 48: 1464-1471.
- Gonçalves, A., Simões, L., Freitas Júnior, S. D. P., Amaral Júnior, A. T., Scapim, C. A.; Rodrigues, R., Marinho, C. D., Pagliosa, E. S. (2014) Estimating combining ability in popcorn lines using multivariate analysis. *Chilean J. Agric. Res.* 74: 10-15.
- Hair, J. F., Black, W. C., Babin, B. J., Anderson, R. E., Tatham, R. L. (2009) Análise multivariada de dados. 6.ed. Porto Alegre: Bookman, 679p
- Hongyu, K., Sandanielo, V. L. M., de Oliveira Junior, G. J. (2016) Análise de componentes principais: resumo teórico, aplicação e interpretação. *E&S Engineering and Science*, 5: 83-90.
- Hussain, H., Raziq, F., Khan, I., Shah, B., Altaf, M., Attaullah Ullah, W., Naeem, A., Adnan, M., Junaid, K., Shah, S.R.A., Iqbal, M. (2016) Effect of *Bipolaris maydis* (Y. Nisik and C. Miyake) shoemaker at various growth stages of different maize cultivars. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 4:439-444.
- James, W.C. (1971) A manual of assessment keys of plant diseases. Canada Department of Agriculture Publication, 1458, 80 p.
- Kaiser, H. F. (1958) The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. *Psychometrika*, 23:187-200.
- Kurosawa, R. D. N. F., Vivas, M., Amaral, A. T. D., Ribeiro, R. M., Miranda, S. B., Pena, G. F., Leite, J. T., Mora, F. (2018) Popcorn germplasm resistance to fungal

- diseases caused by *Exserohilum turcicum* and *Bipolaris maydis*. *Bragantia*, 77: 36-4.
- Kurosawa, R. D. N. F., Amaral Junior, A. T. D., Vivas, J. M. S., Guimarães, A. G., Miranda, S. B., Dias, V. M., Scapim, C. A. (2017) Potential of popcorn germplasm as a source of resistance to ear rot. *Bragantia*, 76: 378-385.
- Ledo, C. D. S., Ferreira, D. F., Ramalho, M. A. P. (2003) Análise de variância multivariada para os cruzamentos dialélicos. *Ciência e Agrotecnologia*, 27: 1214-1221.
- Leite, W. D. S., Unêda-Trevisoli, S. H., Silva, F. M. D., Silva, A. J. D., Mauro, A. O. D. (2018) Identification of superior genotypes and soybean traits by multivariate analysis and selection index. *Rev. Ciênc. Agron.*49: 491-500.
- Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA). Registro nacional de cultivares–RNC. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/guia-de-servicos/registro-nacional-de-cultivares-rnc>. Acesso em: 16 de fev. 2018.
- Miranda, G. V., Coimbra, R. R., Godoy, C. L., Souza, L. V., Guimarães, L. J. M. and Melo, A. V. (2003) Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho pipoca. *Pesq. agropec. bras.* 38: 681-688.
- Montgomery, D.C., Peck, E. (1981) A Introduction to linear regression analysis. New York: John Wiley and Sons, 504p.
- Moterle, L. M., Braccini, A. D. L., Scapim, C. A., Pinto, R. J. B., Gonçalves, L. S. A., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A. T. (2012) Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. *Euphytica*, 185:337-347.
- Mubeen, S., Rafique, M., Munis, M.F.H., Chaudhary, H.J. (2017) Study of southern corn leaf blight (SCLB) on maize genotypes and its effect on yield. *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences*, 16:210-217.

- Muiru, E., Koopmann, B., Tiedemann, A.V., Mutitu, E.W., Kimenju, W. (2010) Race Typing and Evaluation of Aggressiveness of *Exserohilum turcicum* Isolates of Kenyan, German and Austrian Origin. *World J. Agric. Sci.* 6:277-284.
- Munkvold, G. P., White, D. G. (Eds.). (2016) Compendium of corn diseases. St. Paul, Minnesota, USA: APS Press.
- Oliveira, T. R. A., Gravina, G. A., Oliveira, G. H. F., Araujo, L. C., Araujo, K. C., Cruz, D. P., Amaral Junior, A. T., Vivas, M., Daher, R. F. (2018) Multivariate analysis used as a tool to select snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *Australian Journal of Crop Science.* 12: 67-73.
- 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.
- Paterniani, E., Miranda Filho, J.B. Melhoramento de populações. In: Paterniani, E. (Ed.). (1978) *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Piracicaba: ESALQ. cap. 6, p.202-246.
- Pedreira, M., Gimenes, N., Moreira, A., Reis, R., Berchielli, T. (2008) Características agrônômicas e bromatológicas de híbridos de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) MOENCH), cultivados para produção de silagem. *Ars Veterinaria*, 21: 183-192.
- R Core Team. 2014. R: Uma linguagem e ambiente para computação estatística. Disponível em: <http://www.r-project.org/>.
- Rangel, R.M., Amaral Júnior, A.T. do., Gonçalves, L.S., Freitas Júnior, S. de P., Candido, L.S. (2011) Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho-pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Rev. Ciênc. Agron.* 42: 473-481.
- Santos, J.S., Amaral Júnior, A. T. , Vivas, M. , Mafra, G. S., Pena, F. G., Silva, F. H. L., Guimaraes, A. G. (2017) Genetic control and combining ability of agronomic

- attributes and northern leaf blight-related attributes in popcorn. *Genet. Mol. Res.* 16: 1-11.
- Silva, T. R. D. C., Amaral Júnior, A. T. D., Gonçalves, L. S. A., Candido, L. S., Vittorazzi, C., Scapim, C. A. (2013) Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. *Acta Sci. Agron.* 35: 57-63.
- Teixeira, F.F., Portugal, A.F., Oliveira, M.S., Silva, D.D., Guimaraes, L.J.M., Guimaraes, P.D.O., Parentoni, S.N. (2017) Pré-melhoramento de milho para resistência à mancha-branca e à ferrugem-polissora. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 16:273-286.
- Vianna, V. F., Desideriosup, J. A., de Santiagosup, S., Juniorsup, J. A. F., Ferraudosup, A. S. (2013) The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. *Afr. J. Agric. Res.* 8:4162-4169.
- Vieira, R.A., Mesquini, R.M., Silva, C.N., Hata, F.T., Tessmann, D.J., Scapim, C.A. (2014) A new diagrammatic scale for the assessment of northern corn leaf blight. *Crop Prot.* 56: 55-57.
- Vieira, R. A., Scapim, C. A., Tessmann, D. J., Hata, F. T. (2011) Diallel analysis of yield, popping expansion, and southern rust resistance in popcorn lines. *Rev. Ciênc. Agron.* 42: 774-780.
- Vieira, R. A., de Araújo Rodovalho, M., Scapim, C. A., Tessmann, D. J., Teixeira do Amaral Júnior, A., Souto Bignotto, L. (2009) Desempenho agrônômico de novos híbridos de milho-pipoca no Noroeste do Estado do Paraná, Brasil. *Acta Sci. Agron.* 31:29-36.
- Wang, P., Souma, K., Kobayashi, Y., Iwabuchi, K., Sato, C., Masuko, T. (2010) Influences of Northern Leaf Blight on corn silage fermentation quality, nutritive value and feed intake by sheep. *J. Anim. Sci.* 81:487-493.

4. RESUMO E CONCLUSÕES

O desenvolvimento de cultivares produtivas que apresentem elevada capacidade de expansão e que exibam resistência a doenças destacam-se como principais objetivos de um programa para melhoramento de milho-pipoca. Para tanto, o estudo de características que influenciam essas variáveis faz-se necessário. Desta maneira, foram apresentadas, nesta tese, informações sobre atributos associados à resistência genética de doenças foliares, além de informações sobre o rendimento de grãos e a capacidade de expansão.

O objetivo geral foi estimar parâmetros essenciais para determinar a melhor estratégia de melhoramento para desenvolver genótipos com resistência genética a múltiplas doenças foliares e com boa performance para características agronômicas, além de selecionar genótipos para serem cultivados em diferentes épocas e que tenham uma boa aceitação pelo mercado consumidor de milho-pipoca.

Foram conduzidos dois experimentos, um em cada época de cultivo (primeira e segunda épocas), no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes, na Região Norte do estado do Rio de Janeiro. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. Os tratamentos avaliados foram obtidos do cruzamento entre oito linhagens (L88, L77, L76, L70, L55, L61, P8 e P1) em sétima geração de autofecundação (S₇), seguindo esquema de dialelo completo, incluindo os recíprocos, resultando em 56 combinações híbridas. As características avaliadas foram: rendimento de grãos,

capacidade de expansão, incidência e severidade de *B. maydis*, *E. turcicum* e *P. polysora*.

A tese está subdividida em dois artigos. O primeiro trabalho consistiu em estimar o controle genético via modelos mistos de atributos associados à resistência genética a doenças foliares e de características agronômicas importantes na produção de milho-pipoca. Foram avaliadas 56 combinações híbridas (F_{1s} e os recíprocos) com os genitores. As análises foram realizadas utilizando modelos mistos, e os componentes de variância foram estimados pelo método REML.

O segundo trabalho consistiu em utilizar a técnica de componentes principais para selecionar híbridos de milho-pipoca que reúnam resistência a múltiplas doenças e que apresentem superioridade para capacidade de expansão e rendimento de grãos. O trabalho tencionou ainda identificar as características mais influentes na seleção dos genótipos quando avaliados em duas épocas de cultivo. Para tanto, os tratamentos avaliados foram: 28 combinações híbridas (F_{1s}).

As principais conclusões foram:

- Os resultados encontrados neste estudo permitiram identificar parâmetros iniciais e importantes que podem ser utilizados em programas de melhoramento de milho-pipoca, sobretudo naqueles que tencionam desenvolver genótipos resistentes a doenças foliares.
- O desenvolvimento de híbridos para redução de doenças foliares e elevado rendimento de grãos e capacidade de expansão em milho-pipoca é a estratégia mais eficiente para obtenção de sucesso em programas de melhoramento, devido aos efeitos gênicos não aditivos serem responsáveis pelo controle dessas variáveis.
- O efeito recíproco testado para as características avaliadas foi não significativo, o que permite utilizar apenas os híbridos F_{1s} nas próximas análises para essas variáveis.
- A significância da interação dos componentes de variância da CGC e CEC com os ambientes evidenciaram respostas distintas dos genótipos a diferentes épocas de cultivo.
- As linhagens L61, L70 e L76 apresentaram maior concentração de alelos favoráveis para o incremento das características associadas à resistência

às múltiplas doenças e níveis altos de rendimentos de grãos e capacidade de expansão nas duas épocas de cultivo, sendo as mais indicadas para a formação de novos híbridos de milho-pipoca.

- As combinações L61 x L76, L61 x L77 e L76 x P1 proporcionaram maior efeito combinatório para resistência a múltiplas doenças e maiores rendimentos de grãos simultaneamente, sendo estes híbridos promissores para serem cultivados nas duas épocas de cultivo.
- Foram identificados dois CPs indicados na seleção de genótipos, permitindo a identificação de genótipos resistentes a múltiplas doenças e com bom desempenho para capacidade de expansão e rendimento de grãos.
- Na primeira época de cultivo, a incidência de *P. polysora* e *E. turcicum* foi a característica que mais contribuiu para a diferenciação dos híbridos avaliados. Na segunda época de cultivo, a incidência e severidade de *E. turcicum* foram as mais importantes.
- A estratégia de seleção contendo resistência a múltiplas doenças foliares permitiu destacar híbridos de milho-pipoca mais produtivos e com bom desempenho para capacidade de expansão.
- Na primeira época de cultivo, os híbridos L61 x L76, P1 x L76, L61 x P8, L77 x L61, P1 x L61, L77 x L70 e P1 x L70 são de interesse para serem utilizados como fonte de resistência a múltiplas doenças. Na segunda época de cultivo, os híbridos L61 x L76, L70 x L76, L77 x L76, L61 x L88, L70 x L88, L77 x L61 e L55 x L77 destacaram-se como os mais promissores como fonte de resistência a *B. maydis* e *E. turcicum*.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Adee, E., Duncan, S. (2017) Timing of strobilurin fungicide for control of top dieback in corn. *Plant Health Prog.* 18: 129-135.
- Ali, F., Muneer, M., Rahman, H., Noor, M., Shahwar, D., Shaukat, S., Yan, J. (2011a) Heritability estimates for yield and related traits based on testcross progeny performance of resistant maize inbred lines. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 9:438-443.
- Ali, F., Rahman, H., Durrishahwar, Nawaz, I., Munir, M., Ullah, H. (2011b) Genetic analysis of maturity and morphological traits under Maydis Leaf Blight (MLB) epiphytotics in maize (*Zea mays* L.). *J. Agric. Biol. Sci.* 6: 13-19.
- Almeida, R. de., Forcelini, C. A., Fiallos, F. R. G. (2017) Chemical control of foliar diseases in soybean depends on cultivar and sowing date. *Biosci. J.* 33:1188-1196.
- Altaf, M., Raziq, F., Khan, I., Hussain, H., Shah, B., Ullah, W., Naeem, A., Adnan, M., Junaid, K., Shah, S.R.A., Attaullah Mazhar, I. (2016) Study on the response of different maize cultivars to various inoculum levels of *Bipolaris maydis* (Y. Nisik & C. Miyake) shoemaker under field conditions. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 4: 533-537.

- Amaral Júnior, A. T. D., Poltronieri, T. P. D. S., Santos, P. H. D. D., Vivas, M., Gerhardt, I. F. S., Carvalho, B. M., Carvalho, B. M., Freitas, C. S. da., Silveira, S. F. D. (2019) Reaction of popcorn lines (s7) cultivated in distinct phosphorus levels to *Bipolaris maydis* infection. *Summa Phytopathol.* 45 :18-22.
- Amaral Júnior, A. T., Freitas Júnior, S. P., Rangel, R. M., Pena, G. F., Ribeiro, R. M., Morais, R. C., Schuelter, A. R. (2010) Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. *Genet. Mol. Res.* 9: 340–347.
- Arnhold, E., Mora, F., Silva, R.G., Good-God, P.I.V., Rodovalho, M.A. (2009) Evaluation of top-cross popcorn hybrids using mixed linear model methodology. *Chilean J. Agric. Res.* 69: 46-53.
- Associação Brasileira dos Produtores de Sementes (2002) *Anuário Abrasem*. Brasília, DF.
- Barbosa, A.M., Brown, J.A., Real, R. (2013) modEvA an R package for model evaluation and analysis. *Beta version*, available upon request.
- Barros, F.R., Anunciação Filho, C.J. da., Rocha, M. de M., Nunes, J.A.R., Silva, K.J.D., Freire Filho, F.R., Ribeiro, V.Q. (2011) Potencial genético de progênes de feijão-caupi segregantes quanto ao tipo da inflorescência. *Pesq. agropec. bras.* 46: 182-189.
- Bennetzen, J.L., Chandler, V.L., Schnable, P. (2001) National Science Foundation Sponsored Workshop Report. Maize Genome Sequencing Project. *Plant Physiol.* 127: 1572–1578.
- Bertini, C.H.C.D.M., Almeida, W.S., Silva, A.P.M., Silva, J.W.L., Teófilo, E.M. (2010) Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. *Acta Sci. Agron.* 32: 613-619.

- Bertoldo, J.G., Coimbra, J.L.M., Guidolin, A.F.; Nodari, R.O., Elias, H.T., Barili, L.D., Vale, N.M. do., Rozzetto, D.S. (2009) Rendimento de grãos em feijão preto: o componente que mais interfere no valor fenotípico é o ambiente. *Cienc. Rural*, 39: 1974-1982.
- Borges, V., Soares, A.A., Reis, M.S., Resende, M.D.V., Cornélio, V.M.O., Leite, N.A., Vieira, A.R. (2010) Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. *Bragantia*, 69: 833-841.
- Brunson, A. M. (1955) Pop corn. In: SPRAGUE, G.F., ed. *Corn and corn improvement*. New York, Academic Press, p.423-439.
- Bruzi, A. (2008). *Aplicações da análise de modelos mistos em programas de seleção recorrente do feijoeiro comum*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Lavras-MG, Universidade Federal de Lavras, 73p.
- Buso, W. H. D., Borges, L., da Costa, S. M., Junior, L. A. L. (2017) Desempenho agrônômico de híbridos de milho em três épocas de semeadura no Cerrado goiano. *Journal of neotropical agriculture*, 4:46-52.
- Cargnin, A., Souza, M.A. de., Fronza, V., Fogaça, C.M. (2009) Genetic and environmental contributions to increased wheat yield in Minas Gerais, Brazil. *Sci. agric.* 66:317-322.
- Cargnin, A., Souza, M.A. de., Fronza, V. (2008) Progress in breeding of irrigated wheat for the Cerrado region of Brazil. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.* 8:39-46.
- Carvalho, C., Kist, B. B., Santos, C. E., Muller, I., Beling, R. R. (2015) *Anuário brasileiro de milho 2015*. Santa Cruz do Sul, RS: Editora Gazeta- Santa Cruz LTDA. Disponível em:<<http://www.editoragazeta.com.br/produto/anuario-brasileiro-do-milho-2015/>> Acesso em: 13 de abr. 2019.

- Carvalho, M. S. N., Mangolin, C. A., Scapim, C. A., Da Silva, T. A., Da Silva, M. D. F. P. (2013) A collection of popcorn as a reservoir of genes for the generation of lineages. *Mol. Biotechnol.* 53: 300-307.
- Casela, C.R., Ferreira, A.S.da., Pinto, N.F. (2006) Doenças na Cultura do Milho. Circular Técnica (INFOTECA-E). Sete Lagoas, MG. Embrapa Milho e Sorgo.
- Casela, C.R. (2005) Variabilidade genética de patógenos e resistência de cultivares. In: Seminário Nacional de Milho Safrinha, 8, Campinas: Instituto Agrônômico, p. 189-194.
- Casela, C.R., Ferreira, A.S. (2002) Variability in isolates of *Puccinia polysora* in Brazil. *Fitopatol. Bras.* 27: 414-416.
- Camera, J. N., Forcelini, C. A., Koefender, J., Golle, D. P., Schoffel, A., Deuner, C. C. (2019) Reação de híbridos de milho a helmintosporiose e ferrugem comum, e controle químico de helmintosporiose. *Arq. Inst. Biol.* 86: 1-10.
- Chandrashekara, C., Jha, S. K., Arun Kumar, R., Agrawal, P. K. (2014) Identification of new sources of resistance to *Turcicum* Leaf Blight and *Maydis* Leaf Blight in maize (*Zea mays* L.). *SABRAO J. Breed. Genet.* 46: 44-55.
- Costa, D. F., Vieira, B.S., Lopes, E.A., Moreira, L.C.B. (2012) Aplicação de fungicidas no controle de doenças foliares na cultura do milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 11: 98-105.
- Costa, R. V. da., Cota, L. V., da Silva, D. D., de Almeida, R. E. M., Campos, L. J. M. (2019) *Reação de híbridos de milho à ferrugem-polissora*. Circular Técnica (INFOTECA-E). Sete Lagoas, MG. Embrapa Milho e Sorgo.
- Costa, R. V. da., Cota, L. V., Silva, D. D. da., Campos, L. J. M., Almeida, R. E. M. de., Bernardes, F. P., Pereira, L. A. O. A. (2018) *Reação de híbridos comerciais de milho à mancha-de-bipolaris em diferentes épocas de semeadura*. Técnica, 238. Sete Lagoas, MG. Embrapa Milho e Sorgo.

- Costa, R. V. da., Silva, D. D. da., Cota, L. V. (2014) *Mancha-de-bipolaris-do milho*. Técnica, 207. Sete Lagoas, MG: Embrapa Milho e Sorgo.
- Costa, R. V. da., Cota, L. V., Silva, D. D. da., Meirelles, W. F., Lanza, F. E. (2012) Viabilidade técnica e econômica da aplicação de estrobilurinas em milho. *Trop. plant pathol.* 37: 246-254.
- Cota, L. V., da Costa, R. V., da Silva, D. D., Landau, E. C., Guimarães, D. P., Machado, J. R., Mendonça, L.B.P., da Silva, A.F., Tardin, F.D., Meirelles, W. F. (2018) *Monitoramento do uso de fungicidas na cultura do milho no Brasil*. Circular Técnica (INFOTECA-E). Sete Lagoas, MG. Embrapa Milho e Sorgo.
- Cota, L. V., Costa, R. V., Silva, D. D. (2015) Manejo de doenças. In: Borém, A.; Galvão, J. C. C.; Pimentel, M. A. *Milho: do plantio à colheita*. 1. ed. Viçosa: UFV, p. 294-322.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4.ed. Viçosa: UFV, v.1, 514p.
- Cruz, J. S., Pereira Filho, I. A., Alvarenga, R. C., Contijo Neto, M. M., Viana, J. H. M., Oliveira, M. F. de., Matrangolo, W. J. R., Albuquerque Filho, M. R. de. (2010) *Sistema de Produção 1*. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária: Embrapa Milho e Sorgo. (Versão Eletrônica - 6ª edição).
- Dallastra, A.M., Unêda-Trevisoli, S. H., Ferraudo, A.S., Mauro, A.O. (2014) Abordagem multivariada na seleção de progênies de soja superiores e portadoras do gene RR. *Ciência Agronômica*, 45: 588-597.
- de Araujo, W. O., Coelho, C. J. (2009) *Análise de componentes principais (PCA)*. University Center of Anápolis, Anápolis.

- Dudienas, C., Fantin, G. M., Duarte, A. P., Ticelli, M., Bárbaro, I. M., Freitas, R. S., Pântano, A. P. (2013) Severidade de ferrugem polissora em cultivares de milho e seu efeito na produtividade. *Summa Phytopathol.* 39:16-23.
- Ematné, H.J., Souza, J.C., Biudes, G.B., Nunes, J.A.R., Guedes, F.L. (2012) Genetic progress of phenotypic recurrent selection in popcorn. *Ciênc. agrotec.* 36:25-30.
- Faria, M.V., Mendes, M.C., Rossi, E.S., Possatto Junior, O., Rizzardi, D.A., Galak, E., Silva, C.A., Faria, C.M.D.R. (2015) Análise dialéctica da produtividade e do progresso da severidade de doenças foliares em híbridos de milho em duas densidades populacionais. *Semin. Cienc. Agrar.* 36: 123-134.
- Filho, I.A.P., Cruz, J.C., Pacheco, C.A.P., Costa, R.V. Agência Embrapa de Informação Tecnológica. *Milho pipoca*. Disponível em <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONT000fy9zxynl02wx5ok0pvo4k359f3bo9.html>>. Acesso em: 6 de nov. 2019.
- Filho Wordel, J.A., Ribeiro, L.P., Chiaradia, L. A., Madalóz, J.C., Nesi, C.N. (2016) *Pragas e doenças do Milho: diagnose, danos e pragas de manejo*. Boletim técnico, 170. Florianópolis, SC. Epagri
- Freitas Júnior, S.P., Amaral Junior, A.T., Rangel, R.M., Viana, A.P. (2009) Predição de ganhos genéticos na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente, utilizando-se diferentes índices de seleção. *Semin. Cienc. Agrar.* 30: 803-814.
- Freitas, I.L.J., Amaral Júnior, A.T., Viana, A.P., Pena, G.F., Cabral, P.S., Vittorazzi, C., Silva, T.R.C. (2013) Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. *Pesqui. Agropecu. Bras.* 48:1464-1471.
- Fritsche-Neto, R., Gonçalves, M.C., Vencovsky, R., Souza Junior, C.L. de. (2010) Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. *Crop. Breed. Appl. Biotechnol.* 10: 32-39.

- Fu, Z., Yan, J., Zheng, Y., Warburton, M.L., Crouch, J.H., Li, J. S. (2010) Nucleotide diversity and molecular evolution of the PSY1 gene in *Zea mays* compared to some other grass species. *Theo. Appl. Genet.* 120: 709–720.
- Gabriel, L. C., Pereira, C. B., Bavia, G. P., Coan, M., Donel, A. A., Tessmann, D. J., Scapim, C. A. (2018) Evaluation of resistance of popcorn maize genotypes to fumonisin accumulation and fusarium ear rot. *Summa Phytopathol.* 44: 286-288.
- Galvão, J. C. C., Sawazaki, E., Miranda, G. V. (2000) Comportamento de híbridos de milho-pipoca em Coimbra, Minas Gerais. *Rev. Ceres*, 47: 201-218.
- Garcia, C.H., Nogueira, M.C.S. (2005) Utilização da metodologia REML/BLUP na seleção de clones de eucalipto. *Sci. For.* 68: 107-112.
- 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, A., Simões, L., Freitas Júnior, S. D. P., Amaral Júnior, A. T., Scapim, C. A.; Rodrigues, R., Marinho, C. D., Pagliosa, E. S. (2014) Estimating combining ability in popcorn lines using multivariate analysis. *Chilean J. Agric. Res.* 74:10-15.
- Gonçalves, M.E.M.P., Gonçalves Junior, D., Silva, A.G., Campos, H.D., Simon, G.A., Santos, C.J.L., Sousa, M.A. (2012) Viabilidade do controle químico de doenças foliares em híbridos de milho no plantio de safrinha. *Nucleus*, 9: 49-62.
- Griffing, B. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian journal of biological sciences.* 9:463- 493.
- Grobman, A., Bonavia, D., Dillehay, T. D., Piperno, D. R., Iriarte, J., Holst, I. (2012) Pre-ceramic maize from Paredones and Huaca Prieta, Peru. *PNAS.* 109:1755-1759.

- Guimaraes, A. G., Amaral Júnior, A. T., Lima, V. J. D., Leite, J. T., Scapim, C. A., Vivas, M. (2018). Genetic gains and selection advances of the UENF-14 popcorn population. *Rev. Caatinga*, 31: 271-278.
- Hair, F. J., Black, W. C., Babin, B. J., Anderson, R. E., Tatham, R. L. (2009) *Análise Multivariada de Dados*. 6. ed. Porto Alegre: Bookman, 688p.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.D. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding*. 3 ed. Berlim: Springer –Verlag, 500p.
- Harlapur, S.I., Kulkarni, M.S., Wali, M.C., Srikant, K., Yashoda, H., Patil, B.C. (2008) Status of turicum leaf blight of maize in Karnataka. *Karnataka. J. Agr. Sci.* 21: 55-60.
- Henderson, C. R. (1975). Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31, 423-447.
- Hongyu, K., Sandanielo, V. L. M., De Oliveira Junior, G. J. (2016) Análise de Componentes Principais: Resumo Teórico, Aplicação e Interpretação. *E&S Engineering and Science*, 5: 83-90.
- Hussain, H., Raziq, F., Khan, I., Shah, B., Altaf, M., Attaullah, Ullah, W., Naeem, A., Adnan, M., Junaid, K., Shah, S.R.A., Iqbal, M. (2016) Effect of *Bipolaris maydis* (Y. Nisik e C. Miyake) shoemaker at various growth stages of different maize cultivars. *J. of. Entomol. And. Zool. Stu.* 4: 439-444.
- Iemma, M. (2003) *Uso do melhor preditor linear não viesado (BLUP) em análises dialélicas e predição de híbridos*. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - São Paulo- SP, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 92 p.
- Juliatti, F. C., Zuza, J. L. M. F., Souza, P. P., & Polizel, A. C. (2007b) Efeito do genótipo de milho e da aplicação foliar de fungicidas na incidência de grãos ardidos. *Biosci. J.* 23: 34-41.

- Kantety, R. V., Zeng, X., Bennetzen, J.L., Zehr, B.E. (1995) Assessment of genetic diversity in dent and popcorn (*Zea mays* L.) inbred lines using inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification. *Mol. Breeding*. 1: 365–373.
- Kist, B. B., Filter, C.F., Santos, C.E. dos., Carvalho, C. de. (2018). *Anuário brasileiro do milho 2018*. Santa Cruz do Sul, RS: Editora Gazeta- Santa Cruz LTDA. Disponível em< <http://www.editoragazeta.com.br/anuario-brasileiro-do-milho-2018/>> Acesso em: 15 de out.2019.
- Kist, B. B., Carvalho, C. de., Beling, R.R. (2019) *Anuário brasileiro do milho 2019*. Santa Cruz do Sul, RS: Editora Gazeta- Santa Cruz LTDA. Disponível em< <http://www.editoragazeta.com.br/anuario-brasileiro-do-milho-2019/>> Acesso em: 15 de out. 2019.
- Kurosawa, R. D. N. F., Vivas, M., Amaral, A. T. D., Ribeiro, R. M., Miranda, S. B., Pena, G. F., Leite, J. T., Mora, F. (2018) Popcorn germplasm resistance to fungal diseases caused by *Exserohilum turcicum* and *Bipolaris maydis*. *Bragantia*, 77: 36-4
- Kurosawa, R. N. F., Amaral Junior, A. T., Silva, F. H. L., Dos Santos, A., Vivas, M., Kamphorst, S. H., Pena, G. F. (2017) Multivariate approach in popcorn genotypes using the Ward-MLM strategy: morphoagronomic analysis and incidence of *Fusarium* spp. *Genet. Mol. Res.* 16: 1-12.
- Kurosawa, R. N., Vivas, M., Júnior, A. T. A., dos Santos, A., Mafra, G. S., Guimarães, A. G., Schwantes, I. A. (2016) Reaction of popcorn germplasm to polysora rust under field conditions and natural inoculation. *Trop. Plant Pathol.* 41: 415-422.
- Leite, W. S. de. (2016) *Seleção de genótipos de soja portadores ou não do gene RR por meio de análise multivariada e desempenho agrônomico*. Dissertação (Mestrado em Agronomia/ Genética e Melhoramento de Plantas) - Jaboticabal-SP, Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, 66p.

- Levy, Y., Pataky, J.K. (1992) Epidemiology of northern leaf blight on sweet corn. *Phytoparasitica*, 20: 53-66.
- Mafra, G. S., Amaral Junior, A. T. D., Vivas, M., Santos, J. S. D., Guimarães, A. G., Pena, G. F. (2018) The combining ability of popcorn S7 lines for *Puccinia polysora* resistance purposes. *Bragantia*, 77: 519-526.
- Martinez, A.S., Franzener, G., Stangarlin, J.R. (2010) Dano causado por *Bipolaris maydis* em *Panicum maximum* cv. Tanzânia. *Semina: Ciênc. Agrár.* 31: 863-870.
- Mendes de Paula T.O, Gonçalves, L.S.A., Amaral Júnior, A.T., Oliveira, E.C., Silva, V.Q.R., Scapim, C.A., Lopes, A.D. (2010) Magnitude of the genetic base of commercial popcorn and in recommendation in Brazil. *Crop. Breed. Appl. Biotechnol.* 10: 289-297.
- Mingoti, A.S. (2007) *Análise de dados através de métodos de estatística multivariada*. Belo Horizonte, Editora UFMG, 295p.
- Ministério da Agricultura e Pecuária e Abastecimento (MAPA). *Registro nacional de cultivares–RNC*. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/guia-de-servicos/registro-nacional-de-cultivares-rnc>> Acesso em: 16 de maio. 2019.
- Moita Neto, M.J. (2004) *Estatística multivariada*. Disponível em: <http://www.mat.ufrgs.br/~viali/cursos/ceea/multi/textos/Moita_Neto.pdf> Acesso em: 14 de jun. 2019.
- Moterle, L. M., Braccinni, A. D. L., Scapim, C. A., Pinto, R. J. B., Gonçalves, L. S. A., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A. T. (2012) Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. *Euphytica*. 185: 337-347.
- Moterle, L. M., dos Santos, R. F. (2019) Época de aplicação de fungicida na cultura do milho segunda safra. *Colloquium Agrariae*. 15: 61-71.

- Mubeen, S., Rafique, M., Munis, M. F. H., Chaudhary, H. J. (2017) Study of southern corn leaf blight (SCLB) on maize genotypes and its effect on yield. *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences*, 16: 210-217.
- Muiru, W.M., Koopmann, B., Tiedemann, A.V., Mutitu, E.W., Kimenju, J.W. (2010) Race typing and evaluation of aggressiveness of *E.turcicum* isolates of Kenya, German and Austrian origin. *World J. of Agric. Sci.* 6:277-284.
- Murtadha, M.A., Ariyo, O.J., Alghamdi, S.S. (2016) Analysis of combining ability over environments in diallel crosses of maize (*Zea mays*). *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences*. 17: 69-78.
- Neto, S. P. S. da. (2019) *Importância da cultivar de soja na viabilidade da sucessão soja - milho*. *Jornal Dia de Campo*. Disponível em: <<http://www.diadecampo.com.br/zpublisher/materias/Materia.asp?id=24544&secao=Colunas%20e%20Artigos>> Acesso em: 19 de jun. 2019.
- Neto, J.T.F., Resende, M.D.V., Oliveira, M.S.P., Santos, N.S.A., Canuto, E.L., Nogueira, O.L., Muller, A.A. (2007) Avaliação genética de progênies de polinização aberta de açaí (*Euterpe oleracea*) e estimativas de parâmetros genéticos. *Revista Cerne*, 13: 376-383.
- Oliveira, T. R. A., Gravina, G. A. , Oliveira, G. H. F. , Araujo, L. C. , Araujo, K. C., Cruz, D. P., Amaral Junior, A. T., Vivas, M., Daher, R. F. (2018) Multivariate analysis used as a tool to select snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *Aust. J. Crop Sci.* . 12: 67-73.
- Pataky, J.K., Ledencan, T. (2006) Resistance conferred by the *Ht1* gene in sweet corn infected by mixture of virulent *Exserohilum turcicum*. *Plant Disease*. 90: 771-776.
- Pate, R. T., Weatherly, M., Hedges, L. B., Mideros, S., Fellows, G. M., Cardoso, F. (2017) 363 effects of foliar fungicide on whole plant brown midrib and floury corn varieties. *J. Anim. Sci.* 95: 176-177.

- Paterniani, E., Campos, M. S. (2005) Melhoramento do milho. In: Borém, A. (Ed.). *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: Editora UFV, p. 491-552.
- Pedreira, M., Gimenes, N., Moreira, A., Reis, R., Berchielli, T. (2008) Características agronômicas e bromatológicas de híbridos de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) moench), cultivados para produção de silagem. *Ars Veterinaria*, 21: 183-192.
- Pereira Filho, I. A., Pacheco, C. A. P., Cruz, J.C. (2010) *A cultura do milho-pipoca*. Coleção Plantar, 67. Brasília, DF. Embrapa Informação Tecnológica; Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo.
- Pereira, L.K. (2004) *Avaliação de heterozigosidade entre ciclos de seleção recorrente em um composto de milho pipoca por meio de marcadores isoenzimáticos*. Dissertação (Mestre em Agronomia) - Maringá – PR, Universidade Estadual de Maringá, 46p.
- Pfann, A.Z., Ventura Faria, M., Andrade, A.A.D., Nascimento, I.R., Faria, C.M.D.R., Bringhentti, R.M. (2009) Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. *Cienc Rural*. 39: 635-641.
- Pimentel, A. J. B., Guimarães, J. F. R., de Souza, M. A., de Resende, M. D. V., Moura, L. M., Ribeiro, G. (2014) Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. *Pesqui. Agropecu. Bras*. 49: 882-890.
- Pinheiro, L.C. de M., God, P.I.V.G., Faria, V.R., Oliveira, A.G., Hasui, A. A., Pinto, E.H.G., Arruda, K.M.A., Piovesan, N.D., Moreira, M.A. (2013) Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína de soja via modelos mistos. *Pesqui. Agropecu. Bras*. 48:1246-1253
- Pinho, R.G.V., Ramalho, M.A.P., Silva, H.P., Resende, I.C., Pozar, G. (1999) Danos causados pelas ferrugens polissora e tropical do milho. *Fitopatol. Bras*. 24: 400-409.

- Pinto, N. F. J. A., Angelis, B., Habe, M. H. (2004) Avaliação da eficiência de fungicidas no controle da cercosporiose (*Cercospora zae-maydis*) na cultura do milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 3:139-145.
- Piepho, H.P., Mohring, J., Melchinger, A.E, Buchse, A. (2008) BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*. 16: 209- 228.
- Popcorn. Disponível em: <<https://www.popcorn.org/Facts-Fun/Industry-Facts>> Acesso em: 10 de jun. 2019.
- Ramalho, M.A.P., Araújo, L.C.A. de (2011) Breeding self-pollinated plants. *Crop. Breed. Appl. Biotechnol.* 11:1-7.
- Rangel, R.M., Amaral Júnior, A.T. do., Gonçalves, L.S., Freitas Júnior, S. de P., Candido, L.S. (2011) Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho-pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Rev. Cienc. Agron.* 42: 473-481.
- Resende, M. D. V. (2007) *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. 1. ed. Colombo: Embrapa Florestas, 362 p.
- Resende, M.D.V. de. (2004) *Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo*. Embrapa Florestas-Documents (INFOTECA-E). Colombo, PR. Embrapa Florestas.
- Resende, M.D.V. de. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975 p.
- Resende, M. D. V. de., Dias, L. A. S. (2000) Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos aditivos e genotípicos em espécies frutíferas. *Rev. Bras. Frutic.* 22: 44-58.

- Resende, M.D.V. de. (2000) *Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes*. Embrapa Florestas- Documentos (INFOTECA-E). Colombo, PR. Embrapa Florestas.
- Resende, M.D.V., Prates, D.F., Jesus, A., Yamada, C.K. (1996) Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de pinus. *Embrapa Florestas-Artigo em periódico indexado (ALICE)*, 32/33: 3-22.
- Ribeiro, R. M., Amaral Júnior, A. T. D., Pena, G. F., Vivas, M., Kurosawa, R. N., Gonçalves, L. S. A. (2016) History of northern corn leaf blight disease in the seventh cycle of recurrent selection of an UENF-14 popcorn population. *Acta Sci. Agron.* 38: 447-455.
- Sawazaki, E. (2010) Milho pipoca, CD-ROM dos Anais do XXVIII Congresso Nacional de Milho e Sorgo, Goiânia, GO, Brasil.
- Sawazaki, E., Castro, J. L., Gallo, P. B., Paterniani, M. E. A. G. Z., Silva, R. M., Luders, R. R. (2003) Potencial de híbridos temperados de milho-pipoca em cruzamentos com o testador semitropical IAC 12. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 2 :61-70.
- Sawazaki, E., Paterniani, M. E. A. G. Z., Castro, J. L., Gallo, P. B., Galvão, J. C. C., Saes, L. A. (2000) Potencial de linhagens locais de milho-pipoca para síntese de híbridos. *Bragantia*, 59: 143-151.
- Scapim, C. A., Amaral Júnior, A. T., Vieira, R. A., Moterle, L. M., Texeira, L. R., Viganó, J., Sandoval júnior, G. B. (2010) Novos compostos de milho-pipoca para o Brasil. *Semin. Cienc. Agrar.* 31: 321-330.
- Schipanski, C.A. (2011) *Manual de identificação e manejo das doenças do milho*. 3. ed. Castro, PR: Fundação ABC, 126 p.
- Shurtleff, M.C. (1980) *Compendium of corn diseases*. 2. ed. St. Paul, Mn: The American Phytopathological Society, 105 p.

- Silva, F.L. (2009) *Seleção dentro de famílias de cana-de-açúcar via BLUP individual simulado*. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas), - Viçosa-MG, Universidade Federal de Viçosa – UFV, 74p.
- Silva, N.C.A., Vidal, R., Ogliari, J.B. (2016) New popcorn races in a diversity microcenter of *Zea mays* L. in the far west of Santa Catarina, southern Brazil. *Genetic Resour. Crop Evol.* 64: 1191-1204.
- Silva, T. R. C., Amaral Júnior, A. T., Gonçalves, L. S. A., Candido, L. S., Vittorazzi, C., Scapim, C. A. (2013) Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. *Acta Sci. Agron.* 35: 57-63.
- Silva, V., Amaral Júnior, A., Gonçalves, L., Júnior, S. F., Candido, L., Vittorazzi, C., Moterle, L., Vieira, R., Scapim, C. (2010) Combining ability of tropical and temperate inbred lines of popcorn. *Genet. Mol. Res.* 9:1742-1750.
- Singh, M., Mehra, R., Malik, V.K. (2018) Evaluation of Maize Genotypes against Maydis Leaf Blight Caused by *Bipolaris maydis* (Nisikado and Miyake) Shoemaker under Artificial Epiphytotic Conditions. *Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.* 7: 1006-1013.
- Sousa, H. M. V., Camara, T. M. M., de Oliveira, N. N. S., da Silva, C. R. N. (2016) Desempenho agrônômico de genótipos de milho pipoca no nordeste do Estado do Pará. *Embrapa Tabuleiros Costeiros-Artigo em periódico indexado (ALICE)*,15: 305-317.
- Takahashi, C., Marshall, J.A., Bennett, M.D., Leitch, I.J. (1999) Genomic relationships between maize and its wild relatives. *Genome.* 42:1201–1207.
- Tenaillon, M.J., U'Ren, J., Tenaillon, O., Gaut, B.S. (2004) Selection versus demography: a multilocus investigation of the domestication process in maize. *Mol. Biol. Evol.* 21:1214-1225.

- Valente, M. S. F. (2010) *Emprego do BLUP/REML na avaliação genética de linhagens elites de milho-pipoca*. Dissertação (mestrado em Agronomia) – Viçosa - MG, Universidade Federal de Viçosa, UFV, 38p.
- Vaz-de-Melo, A., Santos, L. D. T., Finoto, E. L., Dos Santos Dias, D. C. F., Alvarenga, E. M. (2012) Germinação e vigor de sementes de milho-pipoca submetidas ao estresse térmico e hídrico. *Biosci. J.* 28: 687-695.
- Vianna, V. F., Unêda-Trevisoli, S. H., Desidério, J. A., Santiago, S., Charnai, K., Ferreira Júnior, J. A., Ferraudo, A. S., Mauro, A. O. (2013) The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. *Afr. J. Agric. Res.* 8: 4162-4169.
- Vieira, R. A., de Araújo Rodovalho, M., Scapim, C. A., Tessmann, D. J., Teixeira do Amaral Júnior, A., Souto Bignotto, L. (2009) Desempenho agrônômico de novos híbridos de milho-pipoca no Noroeste do Estado do Paraná, Brasil. *Acta Sci. Agron.* 31: 29-36.
- Vilela, F.O., Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G., Scapim, C.A., Viana, A.P., Freitas Júnior, S.P. (2008) Effect of recurrent selection on the genetic variability of the UNB-2U popcorn population using RAPD markers. *Acta Sci. Agron.* 30:25-30.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Viana, A.P., Amaral Junior, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2014a) Efficiency of circulant diallels via mixed models in the selection of papaya genotypes resistant to foliar fungal diseases. *Genet. Mol. Res.* 13:4797-4804.
- Vivas, M., Silveira, S. F., Vivas, J.M.S., Viana, A. P., Amaral Junior, A.T., Pereira, M.G. (2014b) Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos. *Bragantia.* 73:446-450.
- Wang, M., Wang, S., Ma, J., Yu, C., Gao, J., Chen, J. (2017) Detection of *Cochliobolus heterostrophus* races in South China. *J. Phytopathol.* 165: 681-691.

- Wang, H., Xiao, Z. X., Wang, F. G., Xiao, Y. N., Zhao, J. R., Zheng, Y. L., Qiu, F. Z. (2012) Mapping of HtNB, a gene conferring non-lesion resistance before heading to *Exserohilum turcicum* (Pass.), in a maize inbred line derived from the Indonesian variety Bramadi. *Genet. Mol. Res.* 11: 2523-2533.
- Wang, P., Souma, K., Kobayashi, Y., Iwabuchi, K., Sato, C., Masuko, T. (2010) Influences of Northern Leaf Blight on corn silage fermentation quality, nutritive value and feed intake by sheep. *J. Anim. Sci.* 81: 487-493.
- Wei, J. K., Liu, K.M., Chen, J.P., Luo, P.C., Stadelmann, O.Y.L. (1988) Pathological and physiological identification of race C of *Drechslera maydis* in China. *Phytopathology.* 78: 132-157.
- White, D.G. (2000) *Compendium of corn diseases.* 3 ed. St. Paul, American Phytopathological Society, 78 p.
- White, T. L., Hodge, G. R. (1989) *Predicting breeding values with applications in forest tree improvement.* Boston, EUA: Kluwer Academic Publishers, 363 p.
- Yousuf, N., Dar, S.A., Lone, A.A., Ahanger, M.A., Dar, Z.A., Bhat, M.A., Shikari, A., Sofi P. A., Bhat, Z.A., Gulzar, S. (2018). Field screening of maize (*Zea mays* L.) landraces for resistance against turcicum leaf blight (TLB) under temperate conditions. *Int. J. Chem. Stud.* 6: 333-337.
- Ziegler, K.E., Ashman, B. (1994) *Popcorn.* In: Hallauer, A. (ed. Specialty corns). Iowa: CRC Press, p. 189-223.
- Zinsly, J.R., Machado, J.A. (1987) Milho-pipoca. In: Paterniani, E., Viegas, G.P. (eds.) *Melhoramento e produção do milho no Brasil.* Campinas: Fundação Cargill, p. 413-421.
- Zinsly, J.R., Machado, J.A. Milho-pipoca. In: FUNDAÇÃO CARGILL. *Melhoramento e produção do milho no Brasil*, coord, por E. Paterniani. Piracicaba, ESALQ, 1978. p.339-347.