

**DESENVOLVIMENTO DE HÍBRIDOS DIALÉLICOS DE MILHO
SUPERDOCE E AVALIAÇÃO DE POTENCIAL AGRONÔMICO PARA
A REGIÃO NORTE/NOROESTE FLUMINENSE**

GABRIEL MORENO BERNARDO GONÇALVES

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
JULHO – 2019**

DESENVOLVIMENTO DE HÍBRIDOS DIALÉLICOS DE MILHO
SUPERDOCE E AVALIAÇÃO DE POTENCIAL AGRONÔMICO PARA
A REGIÃO NORTE/NOROESTE FLUMINENSE

GABRIEL MORENO BERNARDO GONÇALVES

“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 Doutor em Genética e Melhoramento de
Plantas”

Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
JULHO – 2019

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

G635

Gonçalves, Gabriel Moreno Bernardo.

Desenvolvimento de híbridos dialélicos de milho superdoce e avaliação do potencial agrônômico para a região norte/noroeste fluminense / Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

74 f. : il.

Bibliografia: 61 - 74.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2019.
Orientador: Messias Gonzaga Pereira.

1. Melhoramento Genético Vegetal. 2. Dialélico Parcial. 3. Híbrido Simples. 4. Doença em Milho. 5. Milho Doce. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

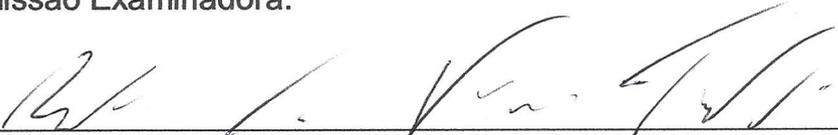
DESENVOLVIMENTO DE HÍBRIDOS DIALÉLICOS DE MILHO
SUPERDOCE E AVALIAÇÃO DE POTENCIAL AGRONÔMICO PARA
A REGIÃO NORTE/NOROESTE FLUMINENSE

GABRIEL MORENO BERNARDO GONÇALVES

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 Doutor em Genética e Melhoramento de
Plantas.

Aprovada em 22 de julho de 2019.

Comissão Examinadora:



Dr. Roberto dos Santos Trindade (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
EMBRAPA



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



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



Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Plant Breeding) - UENF
(Orientador)

DEDICATÓRIA

A Deus;

À minha esposa Luana e ao meu filho Miguel;

Aos meus pais, Joseane Fernanda e Joaquim Antônio;

Aos meus irmãos, Ágatha e Daniel;

Ao meu padrinho, Marco Aurélio, e Madrinha, Suzete Maria;

Às minhas avós, Dona Clotilde (*in memoriam*) e Dona Lezi.

Aos meus primos, Muriel, Khárita, Kharanna, Kalil, Davi, Yasmine, Romulo, Maíra
e Jefté.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus, pela fé na vida e nos Seus desígnios;

A minha esposa, Luana, pela parceria, por me manter feliz, disposto a trabalhar pelos nossos planos de vida e por me motivar toda vez que um desafio se pôs diante de mim;

Aos meus pais, Joseane e Joaquim, pelo incentivo e apoio nos estudos;

A toda família, que mesmo estando distante durante o doutorado, sempre esteve em contato, preocupado com o Miguelzinho;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, em especial aos professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela dedicação em manter a pesquisa sem medir esforços, mesmo em tempos difíceis;

Ao meu orientador, professor Messias Gonzaga Pereira, pelo seu exemplo de trabalho e dedicação, pela confiança e por ter sempre o melhor e mais equilibrado conselho;

Ao meu supervisor no CIMMYT, PhD Jose Crossa, por ter me recebido tão bem e aconselhado na minha pesquisa;

Ao Chefe da Unidade de Biometria e Estatística do CIMMYT, por ser tão amigável e disposto a solucionar meus problemas nas análises de dados;

Aos meus conselheiros, professor Alexandre Pio Viana e professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pelos ensinamentos e suporte na pesquisa;

Aos servidores da UENF, em especial, ao secretário do programa José Daniel, pela dedicação em fazer seu trabalho com excelência;

Ao Sr. Geraldo Carvalho, a quem tive a sorte de ter conhecido e aprendido com uma das pessoas mais experientes na condução dos trabalhos de campo. Sempre dedicado e trabalhando com seriedade e amor pelo que faz;

Aos bolsistas de campo, Luzimara, Valdinei e Durval, sempre fiéis e dedicados;

Aos funcionários da Estação Experimental de Itaocara. Dr. Leandro Hespanhol, Noé, Marquinho, Júlio, Arnaldo, Benedito, Mauricio, José Luiz e Luciano, que foram verdadeiros heróis na defesa da pesquisa e do patrimônio público nos momentos de crise;

À toda equipe do milho, Jocarla, Nayara, José, Flávia Nicácio, Vivane e Gabriela, pela parceria, amizade e empenho em todas as atividades realizadas;

Aos colegas do LMGV 225: Marcela Boechat, Diego, Renato, Fernanda, Tathiane e Júlio;

À equipe do milho-pipoca: Valter, Samuel, Jhean, Yure, Guilherme Pena, Ismael II, Ismael III, Railan, Janeo, Pedro, Gabrielle, Juliana, Kátia, Fábio, Rafael Cabral, Júlio Cesar, Sharid, Divino e Adriano;

À equipe das fruteiras: Flávia Alves, Moisés, Natan, Herênio, Sandra, Beatriz, Rodrigo, Ravena e Paulo Ricardo;

Às amigas que fiz no México: Marcela, Andrea, Adán, Sikiru, Victória, Charlotte, Pedro, Paula, Leonardo, Merian, Felipe, Tim, Zock, Fernando, Alexandre, Yohanna, Francelino, Mateus e Nallely, parceiros de almoço, lazer e estudos;

Aos amigos que fiz durante esta caminhada: Dieimes, Derivaldo, Tâmara, Thamara, Fernanda Rossi, Caio, Rafaela, Socorro, Larissa e Paola.

A FAPERJ pela concessão da bolsa de doutorado e a CAPES por financiar o período de estudos no CIMMYT;

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001

O apoio e a parceria de muitas pessoas que fizeram com que esta caminhada fosse mais fácil e prazerosa. A todos os citados, e aos que eu possa ter eventualmente olvidado, o meu muito obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Objetivo Geral	4
2.2. Objetivos específicos	4
3. CAPÍTULOS	6
3.1. DESENVOLVIMENTO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO SUPERDOCE (SH2) COM USO DE ABORDAGENS MULTIVARIADAS	6
3.1.1. INTRODUÇÃO	6
3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA	8
3.1.2.1. Aspectos gerais do milho doce	8
3.1.2.2. Coeficiente de correlação de Pearson	10
3.1.2.3. Análise de trilha	11
3.1.2.4. Distância Generalizada de Mahalanobis.....	12
3.1.2.5. Variáveis Canônicas	13
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS	14
3.1.4. RESULTADOS	17
3.1.5. DISCUSSÃO	23
3.1.6. CONCLUSÕES	26

3.2. POTENCIAL PRODUTIVO DE GENÓTIPOS DE MILHO SUPERDOCE EM PROGRESSIVAS ETAPAS DE MELHORAMENTO	27
3.2.1. INTRODUÇÃO	27
3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA	28
3.2.2.1. Melhoramento de Milho Doce da UENF	29
3.2.2.2. Aspectos econômicos do milho doce	31
3.2.2.3. Heterose	32
3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS	33
3.2.4. RESULTADO E DISCUSSÃO	35
3.2.5. CONCLUSÕES	45
3.3. SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO SUPERDOCE PARA RESISTÊNCIA A NORTHERN LEAF BLIGHT	46
3.3.1. INTRODUÇÃO	46
3.3.2. REVISÃO DE LITERATURA	48
3.3.2.1. Northern Leaf Blight	48
3.3.2.2. Análise de medidas repetidas	48
3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS	49
3.3.3.1. Material vegetal	49
3.3.3.2. Desenho experimental	50
3.3.3.3. Análises estatísticas	51
3.3.3.4. Estimativa de parâmetros estatísticos-genéticos	52
3.3.4. RESULTADO E DISCUSSÃO	53
3.3.4.1. Correlação Fenotípica	53
3.3.4.2. Parâmetros estatísticos-genéticos	54
3.3.5. CONCLUSÕES	60
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA	61

RESUMO

GONÇALVES, Gabriel Moreno Bernardo; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Julho, 2019. Desenvolvimento de Híbridos Dialélicos de Milho Superdoce e Avaliação de Potencial Agronômico para a Região Norte/Noroeste Fluminense. Orientador: Professor Messias Gonzaga Pereira. Conselheiros: Professor Alexandre Pio Viana e Professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, há mais de duas décadas, trabalha no desenvolvimento de um programa de melhoramento interpopulacional de milho comum e obtenção de linhagens de milho superdoce (portadores do gene mutante *shrunken2 – sh2*) para a geração de híbridos. Nesse período, foram realizados retrocruzamentos, autofecundações, cruzamentos e ensaios que revelaram quais eram as melhores linhagens, com base nas capacidades gerais e específicas de combinação, e que foram finalmente conduzidas a etapas finais de seleção e registro. Este trabalho teve por objetivo, em um primeiro capítulo, i) investigar as relações entre dez características avaliadas nos híbridos dialélicos de milho superdoce por meio de correlação simples, análise de trilha e importância relativa das características na diversidade canônica dos híbridos; em um segundo capítulo, ii) apresentar os avanços obtidos em diferentes etapas do processo de melhoramento, que envolveu desde o melhoramento interpopulacional de milho comum até o cruzamento dialélico de linhagens heteróticas de milho superdoce (*sh2*), bem como o potencial heterótico

dos cruzamentos e; em um terceiro capítulo, iii) estimar o nível de severidade de Northern Leaf Blight Corn (NLB) nos híbridos simples, para fins de seleção, além de avaliar a influência do gene *sh2* na severidade à NLB comparando as populações quase isogênicas. Para tanto, utilizou-se duas populações parentais de milho comum, quatro populações isogênicas de milho superdoce (*sh2*), quatro híbridos intervarietais superdoce (SS-IH), dezoito híbridos dialélicos superdoce (SS-SCH) e duas testemunhas. Os tratamentos foram avaliados em dois ambientes (Itaocara-RJ e Campos dos Goytacazes-RJ) e em dois anos agrícolas (2016/2017 e 2017/2018). A partir das avaliações e análises realizadas, concluímos no capítulo 1 que: diâmetro de espiga foi a variável que apresentou o maior poder explicativo em rendimento de espiga além de elevada variabilidade para a seleção; plantas apresentando menores alturas e ciclo mais curto podem ser utilizadas em índices de seleção para aumento de rendimento e; o background genético das duas populações doadoras do gene *sh2* influenciam fortemente nas populações recorrentes, mesmo após cinco ciclos de retrocruzamento. No capítulo 2 pode-se concluir que: as técnicas utilizadas para explorar a heterose são eficientes no incremento de rendimento dos genótipos de milho superdoce avaliados; o empalhamento é uma característica que necessita de bons genitores para que se mantenha a qualidade, já que nos híbridos o aumento da palha não acompanha o aumento da espiga devido à heterose; os híbridos simples LCSH 116 x LP8HS 129 e LCSH 116 x LP8HS 130 se destacam como genótipos promissores para registro, ambos com elevado rendimento e qualidade de empalhamento. No capítulo 3 concluiu-se que: a população P8HS, assim como os cruzamentos contendo linhagens derivadas desta população apresentaram menor severidade a NLB; há uma forte influência do ambiente na expressão dos genótipos, tanto para severidade a NLB quanto rendimento de espiga; a não diferenciação entre os genótipos quase isogênicos (população de milho comum e população retrocruzada) indica não haver influência do gene *sh2* na severidade a NLB.

Palavras-chave: dialelo parcial; heterose; híbrido intervarietal; análise de trilha; medidas repetidas; linha x testador; *Exserohilum turcicum*

ABSTRACT

GONÇALVES, Gabriel Moreno Bernardo; D. Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Julho, 2019. Development of Super-Sweet Corn Diallel Hybrids and Evaluation of Agronomic Potential for North/Northeast of Rio de Janeiro State. Advisor: Professor Messias Gonzaga Pereira. Co-advisors: Professor Alexandre Pio Viana, Professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

The Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, for more than two decades, works on the development of an interpopulation breeding program of maize and the generation of super sweet corn inbred lines (shrunken - *sh2* mutant gene) for the development of hybrids. In that period, backcrossing, self-fertilization, crosses and trials were performed that revealed which were the best inbred lines, based on the general and specific combining abilities, which were finally carried out to final stages of selection and registration. The objective of this work, in the first chapter, i) was to investigate the relationships among ten traits evaluated in partial diallel trials of super sweet corn by means of simple correlation, path analysis and relative importance of the traits in the canonical diversity of the hybrids; in the second chapter, ii) to present the advances obtained in different stages of the breeding program, ranging from the interpopulation breeding of field corn to the diallel crossing of heterotic inbred lines of super sweet corn (*sh2*), as well as the heterotic potential of crosses and; in the third chapter, iii) to estimate the level of severity of Northern Leaf Blight Corn (NLB) in the single cross hybrids, for selection purposes, and to evaluate the influence of the *sh2* gene on the severity to NLB

comparing the near-isogenic populations. Two parental populations of field corn, four near-isogenic super sweet corn populations, four super-sweet intervarietal hybrids (SS-IH), eighteen super-sweet diallel hybrids (SS-SCH) and two controls were used. The treatments were evaluated in two environments (Itaocara-RJ and Campos dos Goytacazes-RJ) and in two crop years (2016/2017 and 2017/2018). From the evaluations and analyzes performed, we conclude in chapter 1 that: ear diameter was the variable that presented the greatest explanatory power in ear yield and high variability for selection; plants presenting lower heights and shorter cycle can be used in selection indices to increase ear yield and; the genetic background of the two *sh2* gene donor populations strongly influence the recurrent populations even after five cycles of backcrossing. In chapter 2 we could conclude that: the techniques used to exploit heterosis are efficient in increasing the ear yield of super sweet corn genotypes evaluated; the husk covering is a traits that needs good parents so that the quality is maintained, since in the hybrids the increase of the husk does not accompany the increase of the ear due to heterosis; the single cross hybrids LCSH 116 x LP8HS 129 and LCSH 116 x LP8HS 130 stand out as promising genotypes to be registered, both with high ear yield and husk quality. In Chapter 3, we conclude that: the P8HS population, as well as the crosses with inbred lines derived from this population presented less severity to NLB; there is a strong influence of the environment on genotype expression, both for NLB severity and ear yield; the non-differentiation between the near-isogenic genotypes (field corn population and backcrossed population) indicates that there is no influence of the *sh2* gene on the severity of NLB.

Keywords: partial diallel; heterosis; intervarietal hybrid; path analysis; repeated measure; line x tester; *Exserohilum turcicum*.

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais de maior importância econômica e social no mundo, com ampla adaptabilidade e elevado rendimento. Seu uso serve para alimentação humana, ração animal e para forragem. Mais recentemente, seu uso tem se dado a produção de combustível etanol nos Estados Unidos, o maior produtor da espécie (Zhang et al., 2009).

Devido a sua grande importância, o milho foi um dos primeiros alimentos a ser cultivado com variedades transgênicas. Além disso, é considerado uma espécie modelo no melhoramento de plantas e na genética (Wallace et al., 2014), sendo a primeira planta a ter um mapa genético, além de possuir a segunda maior comunidade de ciência básica, atrás apenas da *arabidopsis* (Bennetzen e Hake, 2009).

Entre as grandes culturas, nenhuma delas possui uma versatilidade tão grande de uso. Somente o milho comum pode ser dividido em comum, com grãos duro, dentado, farináceo e ceroso, cada um com um propósito específico; existem as cultivares destinadas a silagem (C Revelari et al., 2019); o milho pipoca e; o milho doce, destinado principalmente a indústria para alimentação humana; além de outros tipos especiais de milho de importância local para diferentes regiões das américas (Wellhausen et al., 1952).

O que é inegável é o papel do milho na sociedade no que diz respeito à segurança alimentar e desenvolvimento social, podendo ser produzido em pequena ou grande escala, com pouca dificuldade de manejo, colheita e armazenamento, e

com baixo ou até nenhum uso de insumo, além da semente, que se constitui muitas vezes como o maior custo da produção, principalmente com o advento da transgenia.

Diante disso, além de desenvolver cultivares de milho comum (Pereira et al. 2019a), milho-pipoca (Amaral Júnior et al., 2013) e milho silagem (Crevelari et al. 2019), a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem nos últimos 20 anos desenvolvendo genótipos de milho superdoce (Pereira et al., 2019b) que possam servir melhor aos agricultores da região Norte e Noroeste do Rio de Janeiro, aumentando as opções de cultivo de milho e suprimindo a ausência de empresas de melhoramento de milho no estado do Rio de Janeiro com a produção de sementes de custo acessível e adaptadas para as condições agroclimáticas da região.

Embora o cultivo de milho não seja consolidado como um ponto forte na agricultura do estado, o milho verde é o décimo quinto produto mais produzido entre as unidades de produção rural do estado do Rio de Janeiro, isso levando em conta a variedade de hortaliças que são tradicionalmente produzidas na maioria das hortas, como: alface, salsa, cebolinha, coentro, couve, entre outros (IBGE, 2018).

Devido a existência de terras agricultáveis, há ainda um grande potencial para o desenvolvimento do cultivo do milho na região Norte e Noroeste Fluminense, com um mercado interno capaz de absorver a produção. De acordo com o último informativo anual disponibilizado pelo CEASA-RJ (2015) até a presente data, próximo de 30% do milho verde consumido no estado é importado de outros estados da federação.

Aliado aos fatores já descritos, de acordo com a Associação Brasileira de Comércio de Sementes e Mudas (ABCSEM, 2014), o milho doce também está entre as hortaliças mais lucrativas, o que torna ainda mais atrativa a sua produção.

No que diz respeito ao cultivo, o milho comum e o milho doce se diferenciam muito pouco, tendo sua principal característica morfológica de diferenciação a semente e o grão, e, portanto, a semeadura e a colheita merecem cuidados especiais. As sementes do milho doce têm aspecto enrugado e geralmente possuem um menor vigor em relação ao milho comum (Guan et al., 2013). Quanto à espiga colhida ainda verde, o milho doce apresenta maior maciez, baixa quantidade de amido e um período de colheita maior sem que o grão fique rígido

(Tracy, 2001). Porém, a exigência de bom empalhamento, sabugo mais fino, um bom diâmetro e comprimento de espiga é superior quando se trata do milho verde (Tracy, 2001), sendo exigido ainda um rendimento de grãos igual ou maior de 30% para o processamento na indústria (Pereira Filho et al., 2001).

São diversos genes mutantes recessivos, classificados em doce e superdoce, que provocam a falha na conversão da sacarose em amido. Neste estudo, foi utilizado o gene *shrunk* (*sh2*), que confere o caráter superdoce, para ser introduzido em populações heteróticas de milho comum, que já se encontravam no oitavo ciclo de seleção recorrente recíproca.

A partir da geração de populações e linhagens de milho superdoce (Santos et al., 2014; Durães et al., 2017), pôde-se avaliar tanto híbridos interpopulacionais quanto híbridos simples, sendo aqui apresentado a etapa final deste trabalho que resultou no registro de duas cultivares de híbridos simples junto ao MAPA (Ministério da Agricultura, Agropecuária e Abastecimento), denominadas UENF SD 08 (nº 38733) e UENF SD 09 (nº 38734) (Pereira et al., 2019a), como consequência do trabalho de 20 anos de pesquisa.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo Geral

Selecionar genótipos de milho superdoce quanto a rendimento, qualidade de espiga e resistência a doenças nas condições agroclimáticas no Norte e Noroeste Fluminense.

2.2. Objetivos específicos

- i. Estimar os parâmetros estatísticos-genéticos de 18 híbridos dialélicos, populações base de milho comum, populações retrocruzadas de milho superdoce e híbridos interpopulacionais de milho superdoce;
- ii. Avaliar as relações dos caracteres de importância no melhoramento de milho doce entre si e em relação ao rendimento de espiga, bem como a importância relativa das variáveis na diversidade dos genótipos avaliados;
- iii. Caracterizar e comparar os genótipos quanto ao desempenho agrônômico e a evolução nas diferentes etapas de melhoramento;
- iv. Avaliar o efeito da heterose no rendimento de espiga e nas características relacionadas a planta e qualidade de espiga;
- v. Estimar o nível de severidade do fungo fitopatogênico *Exserohilum turcicum* nos genótipos avaliados;

vi. Avaliar os efeitos da introgressão do gene mutante *sh2* nas populações de milho quase isogênicas quanto a severidade a *E. turcicum*.

3. CAPÍTULOS

3.1. DESENVOLVIMENTO E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO SUPERDOCE (SH2) COM USO DE ABORDAGENS MULTIVARIADAS

3.1.1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) está entre as espécies mais cultivadas no mundo. No Brasil, o milho corresponde a 38,8 % da produção total de grãos, com produção anual de 82,7 milhões de toneladas de grãos (IBGE, 2016). Entretanto, apresenta grande potencial para produção de milho doce, ainda a ser explorado. Dependendo do seu ponto de colheita, o milho doce pode ser utilizado em conserva, congelado em espigas ou grãos, desidratado ou como minimilho (Tracy, 2001; Tolentino et al., 2014).

O milho doce está entre as hortaliças mais lucrativas (ABCSEM, 2014), e que atualmente apresenta sua produtividade limitada pela baixa oferta de cultivares de qualidade para as diversas regiões do país, desconhecimento da cultura por parte de agricultores e consumidores e trabalhos de melhoramento.

Atualmente, apenas uma cultivar se destaca como a principal responsável pelo cultivo de milho doce no Brasil. A cultivar Tropical Plus (*sh2*), registrada em 2005 pela empresa multinacional Syngenta, é recomendada para cultivo de Norte

a Sul do Brasil (MAPA, 2019) e, por mais de 10 anos não teve concorrente na produção em larga escala, sendo óbvia a baixa importância dada ao melhoramento deste cultivo.

Atualmente, os genes mutantes mais utilizados para desenvolvimento de cultivares comerciais são o *shrunk 2*, o *brittle 1* e o *brittle 2*, denominados de superdoce (Okumura et al., 2013). Isso porque, o grupo superdoce apresenta um conteúdo de açúcar total muito superior em relação ao grupo doce, e até 15 vezes superior aos grãos do milho comum (Tosello, 1987; Azanza et al., 1994; Tracy, 2001). Além disso, de acordo com Goldman & Tracy (1994), os teores de proteínas em milhos portadores do gene *sh2* em relação aos portadores de *su1*, com o mesmo *background* genético, é até 30 % superior.

O melhoramento genético do milho doce pode ser resumido em duas formas de ações: submeter um germoplasma doce a um programa de melhoramento de rotina (Parentoni et al., 1990), ou introduzir o caráter doce (monogênico recessivo) de uma fonte genética qualquer em um germoplasma de endosperma normal, desenvolvido a partir de métodos clássicos de melhoramento (Santos et al., 2014). Contudo, a segunda opção, por introdução do gene via retrocruzamento, necessita ainda de novas etapas de seleção. Isso porque, diferente do milho comum, em que o produto principal são os grãos, no milho doce o produto comercial é a espiga como um todo (Tracy, 2001), e, portanto, é necessária uma atenção especial no fruto durante a condução do programa de melhoramento de milho doce e superdoce.

Para o aumento da eficiência dos programas de melhoramento, estudos a respeito das relações diretas e indiretas do rendimento com as diversas características de planta e de fruto se fazem necessários (Entringer et al., 2014; Amaral Júnior et al., 2016), bem como a importância relativa de cada característica na variabilidade dos genótipos. Como exemplo, a característica rendimento de espiga sem palha (EY) possui elevado efeito direto sobre o rendimento de grão frescos em milho doce (Ilker, 2011), sendo EY uma medida de maior praticidade e que pode refletir o interesse da indústria.

Neste sentido, o presente estudo teve por objetivo identificar as relações existentes entre caracteres, tais como estimados pelas análises de correlação simples e análise de trilha; a importância relativa dos mesmos no melhoramento

genético de milho superdoce da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e; a diversidade dos genótipos avaliados.

3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.1.2.1. Aspectos gerais do milho doce

O milho doce, assim como o milho comum, é uma gramínea anual da família das Poaceae pertencente a espécie *Zea mays* L. É uma planta monoica preferencialmente alógama, que apresenta como característica principal, e que a distingue dos outros tipos de milho, a presença de gene mutante recessivos que altera a composição química dos grãos, aumentando seus teores de açúcares (Teixeira et al., 2013). As variações de genótipos doces são controladas por genes que podem ser divididos em dois grupos, doce e superdoce (Tabela 1).

O grupo doce é caracterizado pela menor quantidade de amido em relação ao milho comum e pela alteração do tipo e quantidade de polissacarídeos no endosperma (Boyer e Shannon, 1984). Entre os genes de caráter doce, se destacam o gene *amylose-extender* (*ae1*), *dull1* (*du1*) e *sugary1* (*su1*). Já o grupo superdoce, apresenta como característica o bloqueio da síntese de amido, provocando uma maior acumulação de açúcar no endosperma (Aragão, 2002). Os genes de caráter superdoce são: *brittle1* (*bt1*), *brittle2* (*bt2*) e *shrunk2* (*sh2*) (Parentoni et al., 1990). O grupo superdoce apresenta como vantagem em relação ao grupo doce um maior período de colheita (Tracy, 2001) e, como desvantagem, uma menor acumulação de polissacarídeos solúveis em água (Aragão, 2002), que possui propriedades texturais desejáveis ao produto enlatado e ao consumo *in natura* (Tosello, 1987).

Tabela 1. Alelos mutantes de endosperma presentes no milho doce.

Alelo	Símbolo	Enzima	Fenótipo
<i>amylose- extender 1</i>	<i>ae</i> ₁	Ramificação do amido Lib	Doce
<i>brittle 1</i>	<i>bt</i> ₁	Oligossacarídeo sintase	Superdoce
<i>brittle 2</i>	<i>bt</i> ₂	ADP-glucose fosforilase	Superdoce
<i>dull1</i>	<i>du</i> ₁	Amido solúvel sintase	Doce
<i>shrunkn 2</i>	<i>sh</i> ₂	ADP-glucose pirofosforilase	Superdoce
<i>sugary 1</i>	<i>su</i> ₁	Desramificação de amido isoamilase	Doce
<i>sugary enhancer 1</i>	<i>se</i> ₁	Desconhecido	Superdoce

Fonte: Adaptado de Tracy (2001).

De acordo com Goldman & Tracy (1994), os teores de proteínas em milhos portadores do gene *sh2* em relação aos portadores de *su1*, com o mesmo *background* genético, é 30% superior (Tabela 2). Já em estudo realizado por Reyes et al. (1982), utilizando a técnica da *High-Performance Liquid Chromatography - HPLC* em milhos *sh2*, foi observado em média 38,5 % de sacarose, 3,5 % de glicose e 2,7 % de frutose, superior ao que ele chamou de genótipo doce normal, com 20 % de sacarose, 3 % de glicose e 2,3 % de frutose.

Tabela 2. Teores de proteínas e carboidratos em milho doce

Referência	Amostra	Proteína	Carboidratos
		------(%)-----	
Goldman & Tracy (1994)	<i>sh2</i>	17,6	----
	<i>su1</i>	13,5	----
Tracy (2001)	<i>sh2</i>	----	34,8
	<i>sh2</i>	----	29,4
Azanza et al. (1994)	<i>su1</i>	----	7,5
	Comum maduro	10,3	2,0

O milho doce pode ser considerado um alimento com alto valor nutritivo, tanto em comparação a outras fontes de carboidrato e proteína (Makhlouf et al., 1995; Warman e Havard, 1997). Além disso, o milho quando verde, entre 15 e 25

dias após o espigamento, possui maior percentual de proteínas e maior quantidade do aminoácido lisina (Sanderson et al., 1979), que confere maior qualidade à proteína (Galili & Amir, 2013). O processamento do milho doce tem ainda uma função importante na qualidade nutricional do grão, que apesar de diminuir o teor de vitamina C, em virtude do aquecimento, seu processamento por calor para a indústria de enlatados, faz com que o grão aumente sua propriedade antioxidante (Dewanto et al., 2002), de grande importância para o combate dos radicais livres e inibidor de crescimento de células tumorais (Russo et al., 2004; Russo et al., 2005).

A presença dos genes mutantes, que aumentam os teores de açúcares, afetam outros processos metabólicos da semente, como a germinação. O baixo teor de amido faz com que a média de germinação das sementes de milho doce seja de aproximadamente 65 %, enquanto nas do milho comum este limite mínimo é de 80 % (Brasil, 1986). No caso dos genótipos superdoce as consequências são ainda maiores, pois as sementes são mais frágeis e por isso são mais susceptíveis a danos mecânicos (Okumura et al., 2013). De acordo com estudo realizado por Guan et al. (2013), o tempo ideal para a colheita de sementes de genótipos portadores do gene *sh2*, é aos 38 dias após o espigamento, para maior vigor, energia e percentual de germinação.

Com relação a colheita das espigas para comercialização, estudos revelam que os grãos dos genótipos portadores do gene *sh2* atingem maior peso fresco aos 22 dias após o espigamento, além de apresentar, nesse momento, seu maior volume (Guan et al., 2013), melhor sabor e textura (Camilo et al., 2015).

3.1.2.2. Coeficiente de correlação de Pearson

Na definição do próprio criador do índice, dois órgãos em um mesmo indivíduo, ou em uma parte conectada do indivíduo, são correlacionados quando a partir da seleção do tamanho de um dos órgãos, o tamanho médio do segundo órgão é em função do primeiro (Pearson, 1896), destacando que órgão trata-se de qualquer característica mensurável e o tamanho podendo ser qualquer valor quantitativo.

Trata-se, portanto, de uma importante ferramenta para o melhoramento de plantas pois, com base no coeficiente e algumas modificações, tem a capacidade de quantificar o grau de associação genética e não-genética entre duas ou mais

características. Pode ser utilizado tanto na seleção de características por via indireta, como em forma de evitar alterações indesejáveis em características que se encontram em direções opostas. Como é o caso da altura de planta e o rendimento (Kist et al., 2010). Para tanto, é necessário que o grau de associação seja elevado (Hallauer et al., 2010).

Variando de zero a um, o grau de associação entre as características pode ser definido, de acordo com Zou et al. (2003), em forte quando superior a 0,80, moderado quando entre 0,50 e 0,80, fraco quando entre 0,20 e 0,50, e não associado quando abaixo de 0,20.

O uso de delineamento experimental nas análises de correlação permite separar as correlações fenotípicas em genotípicas e ambientais, além de poderem ser empregadas em outras análises como correlações parciais e análises de trilha (Cruz et al., 2004).

O estudo das correlações é empregado no melhoramento das mais diversas espécies e permite ao melhorista entender melhor o comportamento dos genótipos que está trabalhando. No milho doce, diversos estudos já foram reportados utilizando as análises de correlação (Khazaei et al., 2010; Suhaisini et al., 2016; Ganesan et al., 2017), sendo explorado em algumas situações as correlações ambientais e genotípicas também (Kashiani et al., 2010; Gonçalves et al., 2018).

3.1.2.3. Análise de trilha

A análise de trilha foi apresentada pela primeira vez pelo biometrista Sewall Wright (Wright, 1935), um dos cientistas que sintetizaram as teorias da “Genética de População”, junto com Ronald Fisher e John Haldane (Provine, 2001), e assim puderam unir biometristas e mendelianos.

Baseado nos coeficientes de correlação de Pearson, a análise de trilha é um método para estudo dos efeitos diretos e indiretos das variáveis em relação a uma variável principal ou variável básica. Ou seja, como um conjunto de variáveis explicativas influenciam na variável dependente sob consideração.

Efeitos indiretos são frações dos efeitos totais das variáveis transmitidos ou mediados por uma variável específica e que interfere entre a causa e efeito de duas variáveis em foco, a variável básica (variável independente) e a variável explicativa

em questão (que faz parte do conjunto de variáveis explicativas) (Duane e Hauser, 1975).

O efeito direto de uma variável em relação a outra é a fração do efeito total que é transmitido sem a interferência de outras variáveis (dentro do conjunto de variáveis em estudo) (Duane e Hauser, 1975), e que define se uma variável com elevada correlação total com a variável básica será realmente eficiente na seleção da variável básica em função dela.

Diversos trabalhos envolvendo milho comum e milho doce utilizam dessa metodologia em trabalhos de pré-melhoramento (Ilker, 2011; Entringer et al., 2014; Crevelari et al., 2018, Gonçalves et al., 2018), tendo sempre como variável básica o rendimento de espiga ou de grãos.

Vale ressaltar que as relações entre os efeitos diretos e indiretos estará sempre relacionado ao atual modelo apresentado, podendo sofrer alteração com a inclusão ou exclusão de variáveis. Por outro lado, o efeito total trata-se pura e simplesmente da correlação de Pearson, previamente abordada.

Entre os pressupostos que devem ser assumidos para a realização da análise estão: A relação entre as variáveis deve ser linear; os erros entre as variáveis não devem ser correlacionados; deve possuir baixa multicolinearidade (Everitt e Dunn, 2001).

3.1.2.4. Distância Generalizada de Mahalanobis

Introduzida por Prasanta Chandra Mahalanobis em 1936, a Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) visava primeiramente aprimorar os estudos antropométricos e de divergências raciais por ele realizados (Mahalanobis, 1928; 1930; 1936).

Entre as principais características, que o diferencia da distância Euclidiana, são que: D^2 considera que as variâncias em cada direção são diferentes, embora possuam a mesma distância em relação à média da população; considera a covariância entre as variáveis, diminuindo problemas relacionados a multicolinearidade; em variáveis não correlacionadas, as distâncias se aproximam da distância Euclidiana, baseada na hipotenusa do teorema de Pitágoras (Wicklin, 2012).

Contudo, desde sua concepção a D^2 recebeu inúmeras contribuições de estatísticos que permitiram que aumentasse o leque de contribuição do método para a ciência. Como destaque, a inclusão de variáveis categóricas em conjunto à variáveis quantitativas (Medeiros, 1995); a utilização de delineamento experimental para a ponderação da distância com base nas variâncias e covariâncias residuais (Cruz et al., 2004) e; a estimativa da importância relativa dos caracteres por meio dos componentes da D^2 , relativos a contribuição de cada caractere na dissimilaridade total observada (Singh, 1981).

Este último (importância relativa dos caracteres) será abordado adiante, neste mesmo capítulo, como uma forma de identificar características que possam ser eliminadas em etapas futuras do programa de melhoramento com o mesmo conjunto de genótipos, o que seria de grande importância para a redução de custos e tempo de trabalho.

3.1.2.5. Variáveis Canônicas

Semelhante à análise de componentes principais (PCA), a análise de variáveis canônicas foi reportada pela primeira vez por Fisher (1936) em um artigo que buscava explicar o dimorfismo sexual do crânio masculino e feminino com base em várias características. Trata-se, portanto, de uma técnica estatística multivariada, e que tem como propósito reduzir a dimensionalidade dos dados em dois eixos com maior poder explicativo das informações biológicas (Camussi et al., 1985).

Esses dois eixos podem ser representados graficamente e aplicado em análises de agrupamento, sendo que sua confiabilidade gráfica está associada ao poder explicativo dos dois principais eixos, sendo desejável que a soma entre eixos seja superior a 70% (Cruz et al., 2004).

Apresenta vantagem em relação à PCA por avaliar o grau de similaridade entre indivíduos avaliados em delineamentos experimentais, considerando as matrizes de variância e covariância residuais e fenotípicas (Cruz et al., 2004), a exemplo da Distância Generalizada de Mahalanobis, e é utilizado com eficiência em estudos de diversidade de germoplasma (Baretta et al., 2016) e de híbridos (Barbosa et al., 2019) de milho, bem como estudos relacionados a doença (Camargos et al., 2017).

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

A partir de ensaios de dialelo parcial 10x10, conduzidos em dois ambientes (Durães et al., 2017), foram selecionadas nove linhagens com base na capacidade geral e específica de combinação da característica rendimento de espiga. As nove linhagens selecionadas prosseguiram, então, para uma etapa mais avançada do Programa de Melhoramento de Milho Superdoce da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

A partir das nove linhagens, foi realizado um novo ensaio dialélico parcial 3x6, com um total de dezoito híbridos. As linhagens são oriundas de populações de milho superdoce retrocruzadas e que possuem como genitores recorrentes CIMMYT8 e Piranão8, no oitavo ciclo de seleção recorrente recíproca. Ambas as populações foram retrocruzadas cinco vezes com duas populações portadoras do gene mutante *shrunkn-2* (*sh2*) (populações SH2 e SH28HS), que resultou nas populações de milho superdoce SH2-CIMMYT8 (CSH), SH2-8HS-CIMMYT (C8HS), SH2-Piranão (PSH) e SH2-8HS-Piranão (P8HS) (Figura 1).

Das nove linhagens, três foram oriundas da população CSH, três da população PSH e três da população P8HS. Nove híbridos foram formados pelos cruzamentos de linhagens CSH x PSH (SC1, SC2, SC3, SC7, SC8, SC9, SC13, SC14 e SC15) e nove híbridos entre as linhagens CSH x P8HS (SC4, SC5, SC6, SC10, SC11, SC12, SC16, SC17 e SC18). Foi utilizada uma testemunha de milho superdoce (*sh2*) da empresa Syngenta (Tropical Plus) como base de referência.

Foram avaliados dois experimentos em blocos completos casualizados com 4 repetições, em parcelas de fileiras simples de 3,00 m, espaçadas 0,80 m entre linhas e 0,30 m entre plantas, nos municípios de Campos dos Goytacazes - RJ (Latitude 21°24'48"S e Longitude 41°44'48"O, 14 m de altitude) e Itaocara - RJ (21° 40' 09" S e 42° 04' 34" O, 60 m de altitude), na safra 2016/2017, e a colheita foi realizada 22 dias após o florescimento feminino (R1), momento em que genótipos portadores do gene *sh2* atingem maior peso fresco, além de apresentar, nesse momento, seu maior volume (Guan et al., 2013), melhor sabor e textura (Camilo et al., 2015).

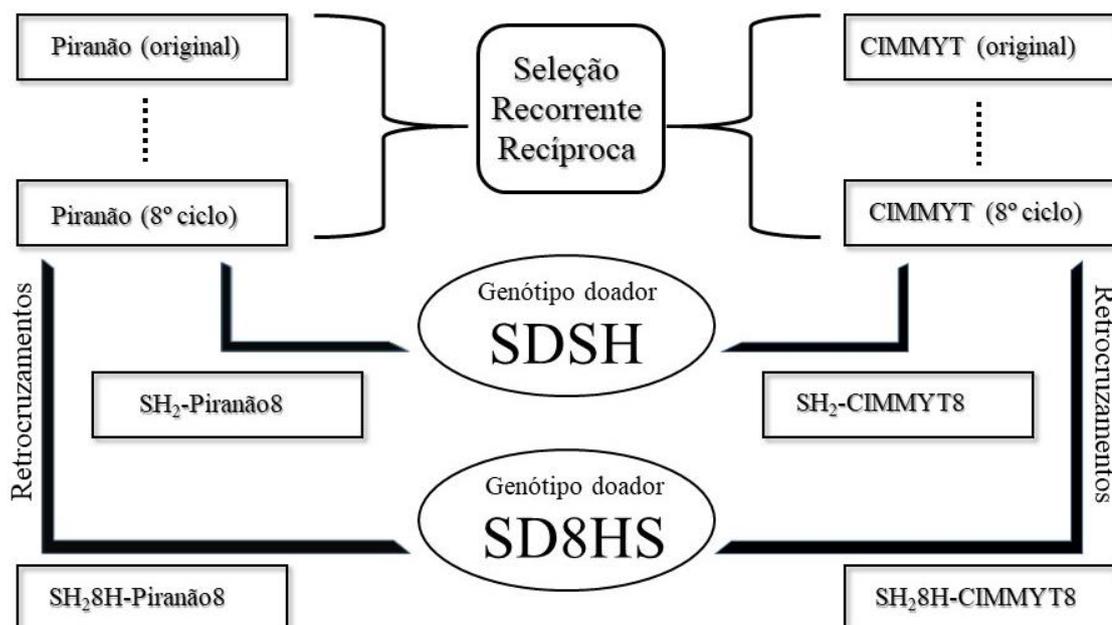


Figura 1. Esquema de obtenção das populações SH₂-CIMMYT8, SH₂-8HS-CIMMYT8, SH₂-Piranão8 e SH₂-8HS-Piranão8 de milho superdoce a partir das populações de milho comum Piranão e CIMMYT, através de oito ciclos de seleção recorrente recíproca e retrocruzamento com as populações doadoras do fenótipo superdoce SDSH e SH8HS. Reproduzido e adaptado com permissão de Gonçalves et al. (2018).

As características avaliadas nos ensaios foram: rendimento de espiga sem palha, em toneladas por hectare (EY); granação em escala de nota de 1 a 5, sendo 5 bem granado e 1 com muitas falhas (GF), diâmetro de espiga, aferido por meio de paquímetro na escala de milímetros (ED), número de fileiras por espiga (RE), número de grãos por fileira (GR), relação entre a largura e espessura de grãos, aferido por meio de paquímetro na escala de milímetros (LT), comprimento útil de espiga, aferido por meio de régua centimétrica na escala de centímetros (EL), altura de inserção da espiga, aferido por meio de régua centimétrica, na escala de metros, a distância do solo até a inserção da espiga superior (EH), altura de plantas, aferido por meio de régua centimétrica, na escala de metros, a distância do solo até o colar da folha bandeira (PH) e dias para o florescimento feminino, quando 50 % das plantas da parcela apresentaram os estigmas da espiga aparentes (SD).

Para a obtenção das estimativas de correlação fenotípica, genotípica e de ambiente, foram utilizados os seguintes modelos matemáticos, baseados nas análises de variância e covariância conjunta:

$r_f = \frac{PMc_{x,y}}{\sqrt{QMc_x \cdot QMc_y}}$ - Correlação Fenotípica, em que PMc é o Produto Médio do efeito de Cruzamentos das variáveis x e y e ; QMc é o Quadrado Médio de Cruzamento;

$r_g = \frac{(PMc_{x,y} - PMa_{x,y})}{\sqrt{(QMc_x - QMa_x) \cdot (QMc_y - QMa_y)}}$ - Correlação Genotípica, em que PMA é o Produto Médio do efeito de Ambiente das variáveis x e y e; QMa é o Quadrado Médio de Ambiente;

$$r_a = \frac{PMa_{x,y}}{\sqrt{QMa_x \cdot QMa_y}} - \text{Correlação Ambiental.}$$

Os parâmetros estatísticos genéticos foram obtidos por meio dos estimadores:

$$\frac{1}{ij} \sum_{ij} Y_{ij} = \mu \text{ (média geral);}$$

$DMS = q \cdot \sqrt{QMe / r \cdot l}$, em que QMe corresponde ao quadrado médio do erro, r é o número de repetições, l é o número de locais, e q é o valor tabelado da amplitude total estudentizada (diferença mínima significativa para $p < 0.05$);

$$\sigma^2_f = QMc / r \cdot l \text{ (variância fenotípica);}$$

$\phi_g = QMc - QMe / r \cdot l$ (componente quadrático genotípico), em que QMc corresponde ao quadrado médio de cruzamentos;

$$CVe (\%) = 100 \cdot \sqrt{QMe} / \mu \text{ (coeficiente de variação experimental);}$$

$$CVg (\%) = 100 \cdot \sqrt{\phi_g} / \mu \text{ (coeficiente de variação genotípica);}$$

$$IV = CVg / CVe \text{ (índice de variação);}$$

$$H^2 = \phi_g / \sigma^2_f \text{ (coeficiente de determinação genotípica).}$$

A análise de trilha obtida por meio da resolução da equação $X'X\beta = X'Y$, em que $X'X$ é a matriz não-singular de correlação entre a variável básica e β o vetor coluna do coeficiente de análise de trilha e $X'Y$ o vetor coluna da correlação entre as variáveis explicativas e a variável dependente. A matriz de correlação foi realizada com base nas correlações genotípicas e considerou como variável básica a característica EY, e as demais variáveis (GF, ED, RE, GR, LT, EL, EH, PH e SD) como explicativas.

Foram aplicadas análises multivariadas entre os híbridos na avaliação da divergência genética, com a utilização de variáveis canônicas e na importância

relativa dos caracteres, utilizando-se D^2 de Mahalanobis, como medida de dissimilaridade e o método de Singh (1981).

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa GENES (Cruz, 2013).

3.1.4. RESULTADOS

A análise de variância (Tabela 3) revelou diferenças significativas ($p < 0,01$) para os cruzamentos em todas as características estudadas, o que indica a presença de variabilidade nos genótipos estudados. Para a capacidade geral de combinação (CGC) do grupo Pirarão, todas as variáveis foram significativas, com exceção do EY, enquanto no grupo CIMMYT a única variável que não apresentou significância foi EL. Para a capacidade específica de combinação (CEC), com exceção de GF e LT, todas as variáveis foram significativas. Entre as dez variáveis, as únicas que não apresentaram interação com o ambiente em nenhum dos efeitos foram EL e PH.

As médias de EY dos híbridos superaram a testemunha em valores absolutos sem apresentar significância. Contudo, a média de 18 genótipos apresentar tal tendência evidencia o potencial genético dos cruzamentos, sendo possível identificar genótipos superiores. As médias das características GR, LT e EL dos híbridos não foram significativamente diferentes da testemunha, enquanto, nas demais características, a testemunha levou vantagem em relação à média dos híbridos com melhor GF, maior ED e RE, e menor EH, PH e SD.

Os valores de CVe oscilaram entre 1,92 % para SD e 15,04 % para EY, o que revela confiabilidade dos resultados apresentados. Para os demais caracteres, as estimativas do CVe ficaram abaixo de 7,40%, sendo que ED (2,64), RE (3,66) e SD (1,92) apresentando os menores valores.

Tabela 3. Estimativas do quadrado médio, médias e parâmetros genéticos de dez características avaliadas em dialelo parcial (3x6) de milho super doce em dois ambientes (Itaocara-RJ e Campos dos Goytacazes-RJ), na safra 2016/2017.

Fonte de variação	DF	QUADRADO MÉDIO									
		EY	GF	ED	RE	GR	LT	EL	EH	PH	SD
Local (Amb)	1	10,04	0,22	113,4**	0,7	15,14	5,91	7,6	11959**	15575**	1647.0**
Bloco/Amb	6	2,68	0,08	3,55	0,33	5,27	16,71	0,6	53,16	271,69	1.44
Cruzamento	17	18,97**	2,18**	33,7**	14,34**	38,06**	83,40**	2,34**	865,94**	589,65**	30.00**
CGC-P	5	4,61	4,40**	15,1**	32,78**	58,62**	208,22**	3,20**	1951,4**	754,31**	96.68**
CGC-C	2	98,65**	5,11**	202,0**	35,39**	83,98**	130,68**	1,69	350,18**	1565,1**	8.52**
CEC (Px C)	10	10,21**	0,49	9,2**	0,91**	18,59**	11,53	2,05*	426,35**	312,25*	0.96
Cruza x Amb	17	6,00**	0,43	4,0**	0,50*	6,6	16,83*	1,05	127,61*	152,21	3.04*
CGC-P x Amb	5	3,35	1,03**	7,6**	0,64*	1,75	23,25*	0,26	166,98*	207,04	5.86**
CGC-C x Amb	2	8,23*	0,7	3,4	0,18	28,52**	36,62*	1,52	85,8	84,42	0.63
CEC x Amb	10	6,87**	0,07	2,4	0,49	4,65	9,66	1,34	116,28	138,35	2.07
Erro	102	2,64	0,27	1,6	0,26	5,18	9,13	0,83	72,17	154,29	1.53
Média		10.81	8,11	48,49	13,88	38,47	40,86	16,58	148,71	250,49	64,35
DMS _{0,05} (Tukey)		2.93	0,94	2,28	0,92	4,10	5,45	1,64	15,32	22,40	2,23
Média (Controle)		10.53	9,38	54,52	16,4	37,88	38,53	16,43	110,8	214,53	61,38
σ^2_f		2.37	0,27	4,21	1,79	4,76	10,42	0,29	108,24	73,71	3,75
ϕ_g		2.04	0,24	4,01	1,76	4,11	9,28	0,19	99,22	54,42	3,56
CVe (%)		15.04	6,43	2,64	3,66	5,91	7,4	5,51	5,71	4,96	1,92
CVg (%)		13.22	6,03	4,13	9,56	5,27	7,46	2,62	6,7	2,95	2,93
IV		0.88	0,94	1,56	2,61	0,89	1,01	0,48	1,17	0,59	1,53
H ²		0.86	0,88	0,95	0,98	0,86	0,89	0,64	0,92	0,74	0,95

Amb – Ambiente; CGC-P – Capacidade geral de combinação do grupo Piranão; CGC-C – Capacidade Geral de Combinação do grupo CIMMYT; CEC – Capacidade específica de Combinação; Cruza – Cruzamento; DMS – Diferença Mínima Significativa; CVe – Coeficiente de Variação Experimental; CVg – Coeficiente de Variação Genético; IV – Índice de Variação; H² - Coeficiente de Determinação Genotípica; EY – Rendimento de espiga sem palha; GF – Granação; ED – Diâmetro de espiga; RE – Número de fileiras de grãos da espiga; GR – Número de grãos por fileira na espiga; LT – Relação entre a espessura e largura dos grãos; EL – Comprimento útil da espiga; EH – Altura da inserção da espiga; PH – Altura de plantas e; SD – Dias para o florescimento feminino.

A amplitude do coeficiente de variação genético (CVg) foi de 2.62 (EL) a 13.22 (EY). As maiores estimativas foram para o EY seguida por RE e LT, enquanto para as outras características - EL (2.62), PH (2.95) e SD (2.93) - a possibilidade de progresso com a seleção é reduzida em função das baixas estimativas de CVg apresentadas.

Em relação ao índice de variação (IV), os caracteres RE, ED e SD, apresentaram os maiores valores (2,61, 1,56 e 1,53, respectivamente). Das características citadas, apenas RE apresentou valores elevados para CVg, enquanto, as características ED e SD apresentaram baixo CVe, influenciando para

que resultassem nos maiores índices. As características EL e PH apresentaram os menores IV's, justamente pelos baixos valores de CVg apresentados.

De forma geral, os caracteres apresentaram altas estimativas de H^2 , podendo-se destacar RE, ED e SD, com valores acima de 0,95; e as características ED, GF, GR, LT e EH, com estimativas superiores a 0,86.

Na Tabela 4, encontram-se as estimativas das correlações fenotípicas, genéticas e ambientais dos caracteres considerados neste estudo. Os pares de caracteres EY e ED (0,60); GF e GR (0,60); LT e SD (0,78) apresentaram os maiores valores de correlações fenotípicas. Os pares de caracteres RE e SD (-0,85); RE e LT (-0,67); GF e SD (-0,52) resultaram nas maiores correlações fenotípicas negativas. Em relação às correlações genéticas, os pares de caracteres EY e EL (0,74); GF e GR (0,62); ED e EH (0,65) compuseram as maiores correlações genéticas positivas. Verificou-se que, predominantemente, as correlações genotípicas foram mais elevadas do que as fenotípicas e de mesmo sinal, indicando menor influência do ambiente na expressão dos caracteres. Ainda nas correlações genéticas, observa-se que EY foi correlacionada positivamente e de forma significativa com três outras variáveis explicativas observadas, com estimativas de correlação de 0,38, 0,65 e 0,74 para com RE, ED e EL, respectivamente, e foi correlacionada negativamente com outras três características de forma significativa, com magnitudes de -0,19 (SD e EY) e -0,25 (GF e EY). As características GR, LT e EH apresentaram correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais não-significativas para com a variável básica EY.

Nas correlações ambientais foram obtidas baixas estimativas para a maioria dos pares de caracteres, uma vez que os maiores valores foram 0,66 (EH e PH) e 0,56 (GR e EL). É relevante ressaltar que quando considerada as correlações existentes entre EY e as demais características, foram obtidas correlações ambientais de baixa magnitude, variando de 0,01 a 0,23, sendo que a maioria foi não significativa.

Tabela 4. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e ambiental entre dez avaliadas em dialelo parcial (3x6) de milho superdoce em dois ambientes (Itaocara-RJ e Campos dos Goytacazes-RJ), na safra 2016/2017.

Características		GF	ED	RE	GR	LT	EL	EH	PH	SD
EY	rp	-0,18*	0,60**	0,35**	0,00	0,13	0,57**	0,04	-0,17*	-0,17
	rg	-0,25**	0,65**	0,38**	-0,01	0,13	0,74**	0,04	-0,22**	-0,19**
	re	0,23**	0,20**	0,01	0,06	0,13	0,09	-0,02	0,03	0,03
GF	rp		0,05	0,27**	0,60**	-0,44**	0,08	-0,43**	0,29**	-0,52**
	rg		0,04	0,28**	0,62**	-0,50**	-0,02	-0,49**	0,33**	-0,57**
	re		0,21**	0,10	0,46**	0,01	0,41**	0,05	0,15	0,02
ED	rp			0,51**	-0,03	0,07	0,48**	0,32**	0,22**	-0,21**
	rg			0,52**	-0,06	0,07	0,57**	0,65**	0,26**	-0,22**
	re			0,35**	0,20**	0,13	0,25**	-0,07	-0,03	0,01
RE	rp				0,22**	-0,67**	-0,11	-0,30**	0,36**	-0,85**
	rg				0,24**	-0,71**	-0,14	-0,32**	0,42**	-0,88**
	re				-0,04	-0,05	-0,01	-0,01	-0,03	0,01
GR	rp					-0,61**	0,01	-0,40**	0,34**	-0,53**
	rg					-0,71**	-0,16	-0,45**	0,42**	-0,59**
	re					0,05	0,56**	0,00	-0,01	-0,02
LT	rp						0,44**	0,53**	-0,42**	0,78**
	rg						0,54**	0,57**	-0,55**	0,85**
	re						0,19**	0,17*	0,16*	0,00
EL	rp							0,31**	-0,17*	0,17*
	rg							0,37**	-0,31**	0,20**
	re							0,14	0,15	0,08
EH	rp								0,38**	0,54**
	rg								0,35**	0,58**
	re								0,66**	0,00
PH	rp									-0,36**
	rg									-0,41**
	re									-0,13

EY – Rendimento de espiga sem palha; GF – Granação; ED – Diâmetro de espiga; RE – Número de fileiras de grãos da espiga; GR – Número de grãos por fileira na espiga; LT – Relação entre a espessura e largura dos grãos; EL – Comprimento útil da espiga; EH – Altura da inserção da espiga; PH – Altura de plantas e; SD – Dias para o florescimento feminino; rp – Correlação fenotípica; rg – Correlação genética; re – Correlação ambiental; * - Significância <0,05 baseado no teste t; ** - Significância <0,01 baseado no teste t.

O diagnóstico de multicolinearidade entre a matriz de correlação genética indicou uma colinearidade fraca (21,47) e, deste modo, não foi necessária a transformação de dados para a melhoria das relações entre as variáveis, nem a exclusão de variáveis para a análise de trilha. Verificou-se que as variáveis utilizadas na análise explicaram 87,46 % (R^2) da variação no EY.

Pela análise de trilha, os caracteres ED e EL apresentaram efeitos diretos elevados na variável básica EY, com correlação total moderada e significativa (Tabela 5).

Tabela 5. Decomposição dos efeitos do coeficiente de correlação genotípica na análise de trilha de nove variáveis explicativas da variável base “rendimento de espiga sem palha (EY)”, avaliado em 18 híbridos simples dialélicos de milho superdoce.

Granação - GF		Diâmetro de Espiga - ED		Fileiras de grãos na espiga - RE	
Efeito direto em EY	-0,4407	Efeito direto em EY	0,7999	Efeito direto em EY	-0.9452
Efeito indireto via ED	0,0333	Efeito indireto via GF	-0,0183	Efeito indireto via GF	-0.1255
Efeito indireto via RE	-0,2692	Efeito indireto via RE	-0,4906	Efeito indireto via ED	0.4151
Efeito indireto via GR	-0,0287	Efeito indireto via GR	0,0026	Efeito indireto via GR	-0.0113
Efeito indireto via LT	0,5383	Efeito indireto via LT	-0,0764	Efeito indireto via LT	0.7685
Efeito indireto via EL	-0,0051	Efeito indireto via EL	0,1884	Efeito indireto via EL	-0.0448
Efeito indireto via EH	-0,3803	Efeito indireto via EH	0,2696	Efeito indireto via EH	-0.2493
Efeito indireto via PH	-0,3608	Efeito indireto via PH	-0,2907	Efeito indireto via PH	-0.4663
Efeito indireto via SD	0,6667	Efeito indireto via SD	0,2619	Efeito indireto via SD	1.0346
Total	-0,246**	Total	0,6465**	Total	0.3757**
Grãos por fileira da espiga - GR		Larg. x Espess. Do grão - LT		Comprimento de espiga - EL	
Efeito direto em EY	-0,0465	Efeito direto em EY	-1,0818	Efeito direto em EY	0.3321
Efeito indireto via GF	-0,2719	Efeito indireto via GF	0,2193	Efeito indireto via GF	0.0067
Efeito indireto via ED	-0,0449	Efeito indireto via ED	0,0565	Efeito indireto via ED	0.4538
Efeito indireto via RE	-0,2301	Efeito indireto via RE	0,6715	Efeito indireto via RE	0.1276
Efeito indireto via LT	0,7644	Efeito indireto via GR	0,0328	Efeito indireto via GR	0.0072
Efeito indireto via EL	-0,0520	Efeito indireto via EL	0,1784	Efeito indireto via LT	-0.5812
Efeito indireto via EH	-0,3509	Efeito indireto via EH	0,4436	Efeito indireto via EH	0.2907
Efeito indireto via PH	-0,4640	Efeito indireto via PH	0,6037	Efeito indireto via PH	0.3392
Efeito indireto via SD	0,6880	Efeito indireto via SD	-0,9945	Efeito indireto via SD	-0.2329
Total	-0,0081 ^{ns}	Total	0,1300 ^{ns}	Total	0.7434**
Altura de Espiga - EH		Altura de Planta - PH		Dias para Florescimento - SD	
Efeito direto em EY	0,7810	Efeito direto em EY	-1,0998	Efeito direto em EY	-1.1741
Efeito indireto via GF	0,2146	Efeito indireto via GF	-0,1446	Efeito indireto via GF	0.2503
Efeito indireto via ED	0,2762	Efeito indireto via ED	0,2115	Efeito indireto via ED	-0.1784
Efeito indireto via RE	0,3017	Efeito indireto via RE	-0,4007	Efeito indireto via RE	0.8329
Efeito indireto via GR	0,0209	Efeito indireto via GR	-0,196	Efeito indireto via GR	0.2726
Efeito indireto via LT	-0,6144	Efeito indireto via LT	0,5939	Efeito indireto via LT	-0.9163
Efeito indireto via EL	0,1236	Efeito indireto via EL	-0,1024	Efeito indireto via EL	0.0658
Efeito indireto via PH	-0,3794	Efeito indireto via EH	0,2694	Efeito indireto via EH	0.4524
Efeito indireto via SD	-0,6801	Efeito indireto via SD	0,4775	Efeito indireto via PH	0.4472
Total	0,0441 ^{ns}	Total	-0,2151**	Total	-0.1927**
Coeficiente de determinação		0,8746			
Efeito residual		0,3540			

As características RE, PH e SD apresentaram efeitos diretos negativos elevados com a variável básica EY. No entanto, apresentaram correlação total fraca, assim como EH, que apresentou efeito direto positivo elevado e correlação total fraca.

Com base na estimativa da distância D^2 de Mahalanobis, foi obtida a importância relativa das dez variáveis na divergência genética dos híbridos pelo método de Singh (1981). Os resultados de RE contribuíram para maior parte das variações (36,9 %), enquanto EY, LT, EL e PH apresentaram as menores contribuições (3,9 %, 3,0 %, 1,8 % e 2,7 %, respectivamente), indicando a possibilidade de descarte destas variáveis para estudos de divergência destes genótipos (Figura 2).

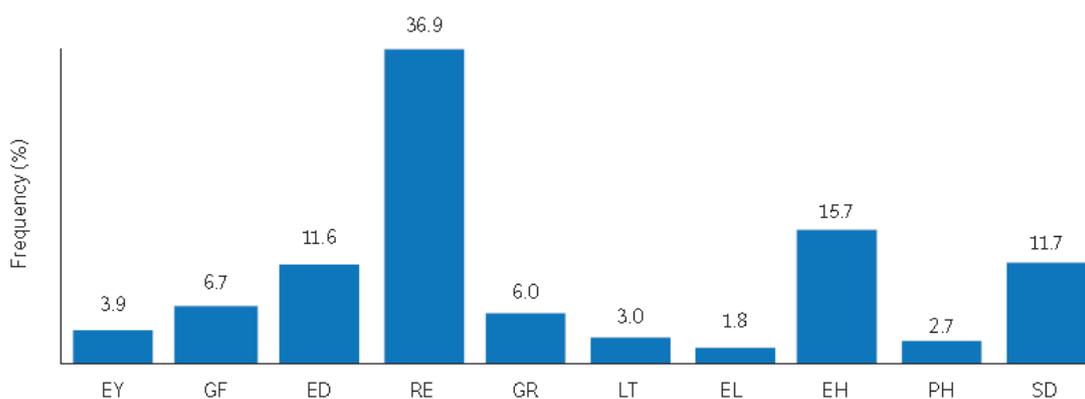


Figura 2. Contribuição relativa de dez características [EY – rendimento de espiga sem palha ($t \cdot ha^{-1}$); GF – enchimento de grãos (score); ED – diâmetro de espiga (mm); RE – número de fileiras de grãos na espiga; GR – número de grãos por fileira de grãos na espiga; LT – produto de comprimento x espessura dos grãos; EL – comprimento útil da espiga (cm); EH – altura da espiga principal (m); PH – altura de planta (m); SD – florescimento feminino], avaliado em 18 híbridos simples dialélicos de milho superdoce, baseado na distância de Mahalanobis- (D^2).

O gráfico de dispersão das variáveis canônicas foi capaz de explicar 73,23 % da variação, na soma das variáveis canônicas (VC) 1 e 2. Como a dispersão mais explicativa se encontra na VC1, pode-se observar um agrupamento de híbridos de linhagens pertencentes à população PSH (SC1, SC2, SC3, SC7, SC8, SC9, SC13, SC14 e SC15) separado dos híbridos de linhagens pertencentes a P8HS (SC4, SC5, SC6, SC10, SC11, SC12, SC16, SC17 e SC18), sendo as linhagens CSH capazes de discriminar os dois grupos. A testemunha Tropical Plus

apresentou maior similaridade com os híbridos de linhagens P8HS x CSH (Figura 3).

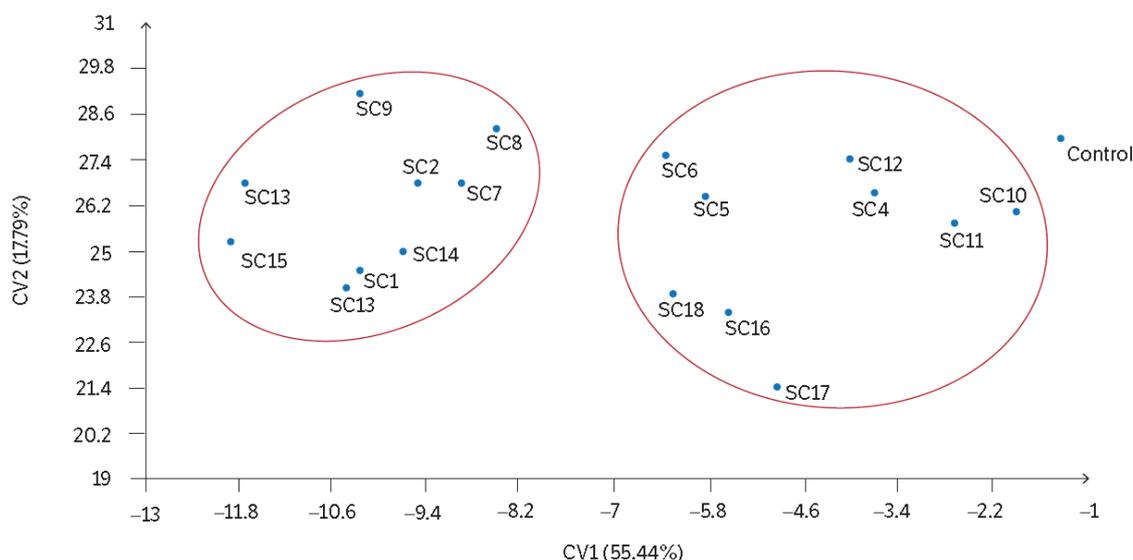


Figura 3. Gráfico de dispersão de 18 híbridos dialélicos parciais (3x6) de milho superdoce e uma testemunha (cultivar Tropical Plus), de acordo com dez variáveis canônicas. Os círculos representam os grupos de genótipos formados.

3.1.5. DISCUSSÃO

A estimativa da média para o caractere EY foi superior às obtidas por outros autores, tais como nos estudos reportados por Oliveira Junior et al. (2006), Souza et al. (2013) e Oliboni et al. (2013). Esta informação é muito importante, pois permite destacar o potencial dos genótipos testados e possibilita o avanço deles para os ensaios finais do programa de melhoramento em questão.

No âmbito de estudo da produção e processamento do milho doce e superdoce, além do rendimento de espigas, outras características ocupam papel de destaque, pois interferem no rendimento industrial e na qualidade final do produto; sendo exemplos: RE, GF e EL (Tracy, 2001; Pereira Filho e Cruz, 2002). Isto posto, os programas de melhoramento genético para esta cultura devem considerar também as características citadas.

Pode-se afirmar que houve bom controle das condições na condução deste trabalho, em função dos baixos coeficientes de variação experimental observados. EY apresentou o maior CVE, fato já esperado em função da natureza poligênica deste caráter e corroborado por outros estudos (Oliveira Junior et al., 2006; Souza et al., 2013; Oliboni et al., 2013).

As correlações podem ter causas genéticas ou ambientais, em que as genéticas e fenotípicas são as mais importantes no âmbito do melhoramento de plantas (Hallauer et al., 2010). Sendo assim, na interpretação de correlações, três aspectos devem ser considerados: a magnitude, a direção e a significância. Estimativas de coeficientes de correlação positivas indicam a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta; correlações negativas indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui (Nogueira et al., 2012). Pelo exposto nos resultados, nota-se que a alta complexidade entre os componentes da produção que contribuem para EY, tornam também complexa a seleção de genótipos de milho superdoce. Deste modo, fica evidente a necessidade do desdobramento das correlações em efeitos diretos e indiretos, para avaliar-se o grau de importância de cada uma das variáveis explicativas em relação à variável principal ou básica (Santos et al., 2014).

Pelos resultados, pode-se verificar que as variáveis ED e EL contribuem significativamente para o incremento de EY, sendo que a variável ED, destaca-se por apresentar também alta herdabilidade (0.95) e, assim, infere-se que pode ser utilizada na seleção indireta para o incremento em EY. De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), deve-se considerar que quando o coeficiente de correlação e o efeito direto forem semelhantes, em magnitude e sinal, essa correlação direta explica a verdadeira associação entre as variáveis. Isso demonstra que, aparentemente, essa variável atua com maior independência em relação às demais.

As variáveis EH e EL apresentaram elevados efeitos diretos positivos e negativos, respectivamente. No entanto, a correlação foi não-significativa, devido aos efeitos indiretos. Nestas condições, Vencovsky e Barriga (1992) sugerem utilizar uma seleção restrita para eliminar os efeitos indiretos indesejáveis, buscando, assim, obter a vantagem que o efeito direto existente pode proporcionar.

A variável RE apresentou coeficiente linear positivo e significativo, sendo superior a variável residual. No entanto, o efeito direto de RE foi altamente negativo.

Segundo Lorentz et al. (2006), quando o coeficiente de correlação linear é positivo, mas o efeito direto é negativo ou desprezível, a correlação será causada pelos efeitos indiretos, sendo estes considerados na análise. A análise de trilha mostrou que correlação foi em grande parte, explicada pelo seu efeito indireto via ED, LT e SD.

As variáveis GF, PH e SD apresentaram efeitos diretos e de correlação negativos, que apesar de serem de pequena magnitude, contribuem para a redução da EY. Isto posto, pode-se inferir que plantas de menor altura e maior precocidade no florescimento irão contribuir para o aumento do EY. Contudo, devido à baixa magnitude da correlação total, indica-se restringir o uso das variáveis em índice de seleção.

Embora os resultados da análise de correlação e da análise de trilha indicassem as características ED e EL como as principais variáveis a influenciar EY, o desdobramento da análise de trilha foi capaz de apontar quais das características apresentam os maiores efeitos diretos e indiretos, o que imprime maior segurança no momento de se eleger as características que deverão ser mais bem trabalhadas para se chegar ao objetivo final (Montardo et al., 2003), que no caso é um maior EY.

Sendo o EL considerado de baixa importância relativa, baixo efeito direto na variável base, menor IV, menor H^2 e menor CVg, seu descarte poderia ser sugerido. Por outro lado, o EL, pela sua importância para a avaliação de qualidade da espiga e por não ser substituível, deve ser mantida. Da mesma forma, a PH, considerada de grande importância no melhoramento genético de milho, tanto doce, como comum e pipoca (Kleinpaul et al., 2014; Cabral et al., 2016), não deve ser descartada das avaliações.

As variáveis canônicas apresentaram agrupamentos que refletiram o *background* genético das populações doadoras do gene *sh2* influenciando diretamente no desempenho das linhagens. Adicionalmente, é possível identificar uma tendência de subagrupamento entre híbridos que compõem famílias de meios-irmãos dentro do mesmo *background* genético. Entre as características utilizadas na análise, EY foi a única que não apresentou CGC significativa no grupo Piranão, sugerindo que a divergência entre as linhagens das populações PSH e P8HS não se deve ao rendimento. A ausência de significância para o grupo Piranão na característica EY, possivelmente se deve pelo fato de as linhagens presentes nessa

etapa final de avaliações terem sido selecionadas de forma truncada, com base na capacidade geral e específica de combinação do EY, reduzindo a variabilidade dela.

3.1.6. CONCLUSÕES

O diâmetro é a variável de maior poder explicativo para com o rendimento da espiga e com suficiente variabilidade para a seleção.

Plantas com menor altura, maior precocidade no florescimento e comprimento de espiga maiores, poderão contribuir para o aumento do rendimento de espiga com o emprego de índices de seleção.

O número de fileiras de grãos na espiga foi a característica de maior importância na diversidade dos genótipos e, por isso, possui grande potencial de uso em estudos de diversidade dos genótipos de milho superdoce da UENF.

Os *backgrounds* genéticos das populações doadoras SDSH e SDS8HS influenciam fortemente a população recorrente, mesmo após cinco ciclos de retrocruzamento.

3.2. POTENCIAL PRODUTIVO DE GENÓTIPOS DE MILHO SUPERDOCE EM PROGRESSIVAS ETAPAS DE MELHORAMENTO

3.2.1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) trata-se de um dos cereais mais cultivados no mundo. Juntamente com o trigo e arroz, é responsável por aproximadamente 60% das calorias ingeridas pelos humanos, de forma direta ou indireta (Cassman et al., 2003). Além disso, é uma das espécies mais estudadas no que diz respeito a melhoramento genético e continua sendo uma das espécies modelos para estudos de genética (Wallace et al., 2014).

O milho doce é um tipo especial de milho que apresenta alelos recessivos mutantes em homozigose. Esses alelos recessivos mutantes causam uma falha no mecanismo de conversão de carboidrato simples (sacarose) em carboidrato complexo (amido). A baixa quantidade de amido torna o grão de milho, quando verde, mais macio, mais doce e com um intervalo de colheita com ponto verde mais longo que o do milho comum. Os fenótipos são classificados em doce (dos portadores dos genes *sugary*, *amilose extender* e *dull1* em homozigose recessiva) e superdoce (que são os que possuem os genes *brittle*, *shrunk*), sendo o tipo superdoce com maior teor de açúcares solúveis em água, maior período para colheita e, por isso, é o mais utilizado comercialmente (Okumura et al., 2013).

Na geração de genótipos superiores de milho para uso comercial, os genótipos mais utilizados são os oriundos de cruzamento entre linhagens

endogâmicas para obtenção de híbridos simples, pois além de explorar o máximo da heterose, possui vantagens com relação a desempenho, uniformidade e permite que o melhorista mantenha o controle sobre a cultivar.

Uma das explicações para esse aumento de vigor está relacionado a complementariedade de alelos favoráveis entre duas linhagens (Mezmouk e Ross-Ibarra, 2014; Giraud et al., 2017), dominância e pseudo-sobredominância relacionada a alelos desfavoráveis e blocos gênicos em repulsão (Larièpe et al., 2012).

Observando os pressupostos para obtenção de genótipo milho superdoce de elevado potencial produtivo, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem desenvolvendo genótipos que possam servir melhor aos agricultores da região Norte e Noroeste do Rio de Janeiro, suprimindo a ausência de empresas de melhoramento de milho no estado do Rio de Janeiro. A ausência de empresas ocorre por não ser uma região de agricultura consolidada, mas com potencial para isso.

O programa de melhoramento desenvolvido pela UENF busca alcançar este objetivo utilizando técnicas que explorem a heterose, como o uso da seleção recorrente recíproca de irmãos completos (Berilli et al., 2011) e cruzamentos em esquema dialélico parcial entre linhagens portadoras do gene *sh2*, oriundas das populações heteróticas (grupo *flint* e grupo *dent*), bem como o cruzamento entre as próprias populações retrocruzadas com doadores do gene *sh2* (Durães et al., 2017).

Nesse contexto, este trabalho teve o objetivo de apresentar o desempenho dos genótipos em diferentes etapas do melhoramento do milho superdoce na UENF, desde as populações recíprocas base de milho comum, passando pelas populações quase isogênicas portadoras do gene *sh2*, até a etapa final de geração de híbridos intervarietais superdoce e de híbrido simples superdoce em cruzamento dialélico parcial.

3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.2.2.1. Melhoramento de Milho Doce da UENF

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) tem sido a instituição pública responsável pelo melhoramento de milho para a região Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro nos últimos anos.

As primeiras cultivares lançadas, de milho comum, foi do híbrido interpopulacional UENF 506-8 (Pereira et al., 2001; Gabriel, 2009), disponibilizadas aos agricultores a partir do ano 2000, e derivada do cruzamento de duas populações heteróticas, Piranão8 e CIMMYT8, no oitavo ciclo de seleção recíproca de irmãos completos.

Em 2013, foi registrada no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) o híbrido interpopulacional UENF506-11, sendo este, com os mesmos genitores Piranão e CIMMYT, porém, três gerações geneticamente mais avançada (Pereira et al., 2019).

O melhoramento de milho doce na UENF teve início em 1999, quando as populações Piranão8 e CIMMYT8, até então as mais avançadas, foram retrocruzadas com dois doadores do gene mutante *sh2*, que confere o caráter superdoce nos grãos. As variedades doadoras no gene *sh2* foram, o superdoce sintético SH₂ (SDSH) e superdoce sintético SH₂8HS (SD8HS), ambas cedidas pela Embrapa Milho e Sorgo. Os retrocruzamentos geraram as populações SH₂-CIMMYT8, SH₂8HS-CIMMYT8, SH₂-Piranão8 e SH₂8HS-Piranão8 (Santos et al., 2014), conforme apresentado na Figura 1.

Como características, as populações CIMMYT e Piranão possuem porte baixo e folhas largas, em virtude da introgressão do gene mutante de grande efeito, braquítico, que provoca encurtamento dos internódios da planta (*br2*). Das características que diferenciam as duas populações, o CIMMYT possui grãos duros (*flint*), enquanto o Piranão apresenta grãos dentados (*dent*), sendo esta característica utilizada para definir estes dois grupos como heteróticos.

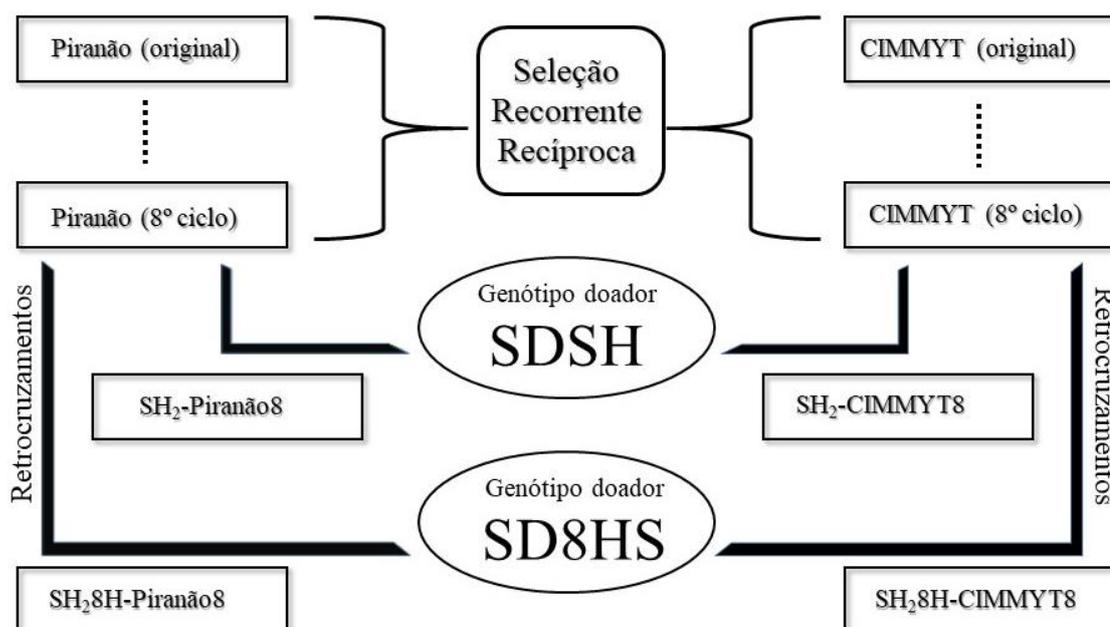


Figura 1. Esquema de obtenção das populações SH₂-CIMMYT8, SH₂-8HS-CIMMYT8, SH₂-Piranão8 e SH₂-8HS-Piranão8 de milho superdoce a partir das populações de milho comum Piranão e CIMMYT, através de oito ciclos de seleção recorrente recíproca e retrocruzamento com as populações doadoras do fenótipo superdoce SDSH e SH8HS. Reproduzido e adaptado com permissão de Gonçalves et al. (2018).

Em todas as populações, SH₂-CIMMYT8, SH₂8HS-CIMMYT8, SH₂-Piranão8 e SH₂8HS-Piranão8, foram realizadas autofecundações sucessivas, até a obtenção de linhagens (S7), que foram combinadas e avaliadas para a identificação dos melhores híbridos simples para variáveis agronômicas, em um dialelo parcial 10x10 (Durães et al., 2017).

As características de espiga, de maior importância no melhoramento de milho doce e que envolve os diversos tipos de processamento, são: comprimento e diâmetro da espiga; formato cilíndrico; fileiras de grãos retas; sabor, textura e maciez dos grãos; boa granação; uniformidade; coloração clara dos estigmas; empalhamento compacto e cobrindo completamente a espiga; e resistência a injúrias de insetos (Mezzacappa, 1952; Gama et al., 1992; Tracy, 2001). Considerando a planta inteira, as características de maior importância são as mesmas do milho comum, como resistência a pragas e doenças, a quebra e acamamento, e rendimento elevado.

Com base na seleção para essas características de maior interesse, a UENF registrou junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, no

ano de 2018, duas novas cultivares de milho superdoce, UENF SD 08 e UENF SD 09, sob os números de registro 38733 e 38734, respectivamente (Pereira et al., 2019a), que deverão em breve ser disponibilizada para os produtores da região, esperando-se com isso impulsionar a economia local.

3.2.2.2. Aspectos econômicos do milho doce

O milho doce é uma hortaliça consumida em todos os continentes. Segundo a base de dados da FAO (2016), o continente americano foi responsável por 53,7 % da produção mundial desse tipo especial de milho em 2011. Os maiores produtores mundiais são os Estados Unidos (970 mil t), seguido por Tailândia (196 mil t), França (180 mil t), Hungria (180 mil t) e Canadá (117 mil t) (FAO, 2016). De acordo com dados mais recentes da FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations), o Brasil apresentou uma balança comercial positiva de 12 mil toneladas de milho doce preparado ou preservado (FAO, 2016). Ainda segundo a FAO, os maiores exportadores são os EUA (180 mil ton), Tailândia (230 mil ton) e Hungria (250 mil ton). No Brasil, os órgãos responsáveis pelo levantamento agrícola nacional não diferenciam os tipos especiais de *Zea mays* L. e, portanto, esses dados não são disponíveis anualmente por fontes oficiais.

Somente no Censo Agropecuário, realizado a cada 10 anos pelo IBGE (2018), são coletadas e disponibilizadas as informações acerca do cultivo de milho verde, sem nominá-lo especificamente como milho doce. De acordo com o levantamento do IBGE, 5 milhões de toneladas de milho verde foram produzidas no Brasil no ano de 2017, sendo toda a região Sudeste responsável por apenas 3 % do volume total.

A Associação Brasileira do Comércio de Sementes e Mudas, estima que no ano de 2009 tenha sido comercializado no Brasil 346 t de sementes de milho doce, cerca de 98 % delas híbridas, e semeado uma área de 41.563 ha da cultura (Teixeira et al., 2013). Em comparação com o maior produtor mundial, os Estados Unidos da América comercializaram, no ano de 2012, 5.665 t de sementes e cultivaram 231.503 ha, 60 % cultivado para indústria de processamento e o restante para consumo *in natura* (USDA, 2014).

O estado do Rio de Janeiro não está entre os maiores produtores nacionais de milho. Contudo, o milho verde está entre o produto mais comercializado entre

as hortaliças, segundo informações das Centrais de Abastecimento do Estado do Rio de Janeiro (CEASA-RJ) para o ano de 2015 (CEASA-RJ, 2015). O volume total comercializado no referido ano, foi de 20,9 mil t, com 73% da produção oriunda do estado do Rio de Janeiro e 65,9% procedentes do município de Cachoeira de Macacu - RJ.

Embora haja um baixo conhecimento a respeito do milho doce por parte de produtores e consumidores, o mercado de milho doce para a indústria de enlatado movimentou 1,44 bilhões de reais em 2016, fazendo do milho doce o segundo principal produto na indústria de milho processado no país, ficando atrás apenas da indústria de alimentos ultraprocessados derivada de milho comum (IBGE, 2016).

Com a baixa oferta de cultivares e o desconhecimento do produtor e consumidor, o milho verde em espiga, e outros alimentos produzidos a partir do milho verde como sucos, sorvetes, biscoito e outros alimentos são produzidos a partir de cultivares de milho comum, com aptidão para milho verde, silagem e grãos (Pereira Filho et al., 2002), fazendo com que o milho doce deixe de abarcar essa fatia de produtor que corresponde à agricultura familiar, principalmente.

Trata-se, portanto, de uma cultura que, em primeiro lugar, necessita de um impulso por parte de instituições públicas de pesquisa e empresas de sementes para que haja estímulo e conseqüentemente crescimento no setor, com o aumento da produção e consumo do milho doce nos mercados de enlatados, congelados e, principalmente, fresco.

3.2.2.3. Heterose

O efeito da heterose em milho, também conhecida como vigor híbrido, foi definido primeiramente por Shull (1909), que afirmava ser a obtenção da melhor combinação híbrida o principal objetivo do melhorista de milho e não a obtenção da melhor linhagem. Isso porque, para que a geração de híbridos seja viável, a geração F1 deve ser superior à média de ambos os genitores para determinada característica. Por outro lado, linhagens pouco produtivas podem inviabilizar a produção de híbridos.

Embora não seja completamente compreendido, o fenômeno da heterose é empregado extensivamente do melhoramento de milho e de outras culturas. A sua manifestação depende de interação alélica do tipo dominância, em que os

alelos responsáveis por fenótipos inferiores são recessivos, ou até mesmo deletérios, e são impedidos de se manifestar negativamente por outro alelo dominante (Ramalho et al., 2012).

Falconer e Mackay (1996), demonstraram que indivíduos mais distantes geneticamente possuem maior grau de heterose (y^2d), dependendo ainda do grau de dominância. Isso porque quando alelos favoráveis e dominantes estão distribuídos em diferentes regiões do genoma dos genitores, a F1 acumula genes heretozigotos e homozigotos dominantes de maior valor genético dos dois pais, ou mascara um maior número de alelos recessivos deletérios.

A heterose pode ser estimada em relação à média dos pais (MP) em que $[(F1-MP)/MP] \times 100$, média do pai superior (MH) em que $[(F1-MH)/MH] \times 100$ (heterobeltiose) ou baseada na cultivar referência (CR) em que $[(F1-CR)/CR] \times 100$ (heterose padrão). Tais estimativas são de importância para definir se a produção de híbridos é viável, já que possui um custo mais elevado para produção de semente em relação às variedades de polinização aberta.

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

Os ensaios foram realizados utilizando como tratamento as populações genitoras heteróticas de base CIMMYT8 (C8) e Piranão8 (P8) de milho comum (C8 pertence ao grupo heterótico *Flint* e P8 pertence ao grupo heterótico *Dent*), no oitavo ciclo de seleção recorrente recíproca entre irmãos completos; as quatro populações superdoce resultantes das populações CIMMYT8 e Piranão8 retrocruzadas com dois genótipos doadores do gene *shrunken* (*sh2*), SH2-CIMMYT8 (CSH), SH2-8HS-CIMMYT (C8HS), SH2-Piranão (PSH) e SH2-8HS-Piranão (P8HS); o cruzamento entre os grupos heteróticos das populações superdoce, resultando nos híbridos interpopulacionais CSH x PSH, CHS x P8HS, C8HS x PSH e C8HS x P8HS; o dialélio parcial (3x6) das linhagens oriundas da população CSH (LCSH 113, LCSH 116 e LCHS 119), e das populações heteróticas P8HS (P8HS 125, P8HS 129 e P8HS 130) e PSH (PSH 134, PSH 139 e PSH 140); e as testemunhas UENF506 11, de milho híbrido intervarietal recomendado para a

região Norte do Rio de Janeiro, e o híbrido simples de milho superdoce Tropical Plus (sh2) da Syngenta, totalizando 30 tratamentos.

Quatro experimentos foram avaliados em blocos completos casualizados com 4 repetições em parcelas de fileiras simples de 3,00 m, espaçados 0,80 m entre linhas e 0,30 m entre plantas, totalizando aproximadamente 37 mil plantas por hectare. Os ensaios foram realizados nos municípios de Campos dos Goytacazes - RJ (Latitude 21°24'48"S e Longitude 41°44'48"O, 14 m de altitude) e Itaocara - RJ (21° 40' 09" S e 42° 04' 34" O, 60 m de altitude), nas safras 2016/2017 e 2017/2018. A adubação de base foi realizada com 800 kg.ha⁻¹ do adubo químico formulado N-P-K 04-14-08, a primeira adubação de cobertura foi realizada 30 dias após a semeadura com 300 kg.ha⁻¹ do adubo formulado N-P-K 20-05-20 e a segunda adubação de cobertura foi realizada com 200 kg.ha⁻¹ de ureia (45 % de N) 45 dias após a semeadura.

A colheita foi realizada 22 dias após o florescimento feminino (aparecimento dos estigmas na espiga em mais de 50 % da parcela), momento em que genótipos portadores do gene sh2 atingem maior peso fresco, maior volume (Guan et al. 2013), melhor sabor e textura (Camilo et al. 2015).

As características avaliadas nos ensaios foram: rendimento de espiga com palha (EYh); rendimento de espiga sem palha (EY); prolificidade (PRL); empalhamento (HSK), com notas de 1 a 3, sendo 1 com palha bem fechada, 2 com empalhamento aberto sem a ponta da espiga exposta e 3 com a ponta da espiga exposta; comprimento de espiga sem palha (EL); diâmetro de espiga (ED); altura de espiga (EH); e altura de planta (PH).

Foram realizadas as análises de variâncias conjunta seguindo um modelo fixo para a obtenção das esperanças dos quadrados médios $G_i + A_j + L_k + (B/A)/L_{ijkm} + GA_{ij} + GL_{ik} + AL_{jk} + GAL_{ijk} + \varepsilon_{ijkm}$, onde G_i é o efeito fixo de genótipos; A_j é o efeito fixo de anos; L_k é o efeito fixo de locais; $(B/A)/L_{ijkm}$ é o efeito de blocos aninhados em locais aninhado em anos; GA_{ij} é o efeito da interação entre genótipo e ano; GL_{ik} é o efeito da interação entre genótipo e local; AL_{jk} é o efeito da interação entre ano e local; GAL_{ijk} é o efeito da interação tripla entre ano, local e genótipo; e ε_{ijkm} é o erro aleatório. Foram realizados os desdobramentos de genótipos quanto as categorias: híbridos simples dialélicos superdoce (SS-SCH); populações superdoce (SS-PB); híbridos interpopulacionais superdoce (SS-IH); populações base de milho comum (FC-P); testemunhas e; categorias. Para comparação das médias, foi

calculada a diferença mínima significativa (DMS) por meio do teste t de Student a 5% de probabilidade de erro.

O coeficiente de variação experimental (CVe (%)) = $100 \cdot \frac{\sqrt{MSe}}{\mu}$, em que MSe é o quadrado médio do erro μ é a média geral); o coeficiente de variação genotípica (CVg (%)) = $100 \cdot \frac{\sqrt{MSg - MSe / r \cdot l \cdot y}}{\mu}$, em que MSg é o quadrado médio de genótipos, r é o número de repetições, l é o número de locais e y é o número de anos); o índice de variação (IV = MSg / MSe); e o coeficiente de determinação genotípica ($H^2 = \frac{MSg - MSe}{MSg}$), foram estimados a partir da ANOVA.

Para comparar a diferença entre as categorias, foram estimadas as médias de cada categoria e apresentadas em gráficos de barra para cada variável, incluindo intervalo de confiança baseado na distribuição t ($p = 0,05$), utilizando o mesmo modelo linear anterior, porém substituindo o efeito de genótipos por efeito de categoria: $C_i + A_j + L_k + (B/A)_{L_{ijk}} + CA_{ij} + CL_{ik} + AL_{jk} + CAL_{ijk} + \varepsilon_{ijk}$, em que C corresponde ao efeito de categoria.

A heterose das progênies (F1) das categorias SS-IH e SS-SCH, foram calculados com base na média dos genótipos parentais da categoria SS-PB. SS-SCH foi dividido em dois grupos possuindo a mesma média dos das populações parentais de origem. Por exemplo: a média dos pais de cruzamentos entre linhagens com prefixos LCSH e LPSH possuem a mesma média dos pais CSH e PSH, enquanto a média dos pais dos cruzamentos entre linhagens LCSH e LP8HS possuem a mesma média dos pais CSH e P8HS como referência.

As análises estatísticas foram realizadas no SAS Institute software (SAS Inc., 2018) por meio do procedimento GLM.

3.2.4. RESULTADO E DISCUSSÃO

As diferenças entre genótipos foram significativas em todas as características apresentadas, com um coeficiente de variação experimental próximo de 18 % para as características rendimento de espiga com palha, rendimento de espiga sem palha, prolificidade, empalhamento, e abaixo de 7,5 %

nas características comprimento de espiga, diâmetro de espiga, altura de espiga e altura de plantas (Tabela 1).

Os índices de variação foram elevados em todas as características, com exceção da prolificidade, que apresentou um coeficiente de variação genética consideravelmente inferior ao seu coeficiente de variação experimental, fazendo com que seu índice de variação fosse baixo (0,58). As características rendimento de espiga com palha e comprimento de espiga, apresentaram índice de variação em torno de um e as demais superior a um, com destaque para a qualidade de empalhamento com índice de variação de 1,74. O resultado indica haver grande variação entre os genótipos e possibilidade para seleção de genótipos superiores. Apesar de a maioria dos genótipos possuírem origem em apenas dois genitores, o resultado é esperado por se tratar de combinações genéticas diversas, com um efeito dos genótipos doadores do gene *shrunk* nos genótipos recorrentes (Gonçalves et al., 2018). Destaca-se ainda, que os genótipos recorrentes são de ampla base genética, propiciando a geração de linhas recombinadas.

Seguindo a mesma tendência do índice de variação, o coeficiente de determinação genotípica (H^2) apresentou valores elevados em todas as características, isto é, próximos de 1. Esta herdabilidade estimada a partir de efeitos fixos possui inclusos os desvios aditivos e não aditivos (sentido amplo) (Hallauer et al., 2010). Embora os desvios não aditivos não possam ser transmitidos para a progênie, o alto valor de H^2 sugere uma elevada correlação entre valor genético e fenótipo.

As interações de genótipos com os ambientes (GxE) não foram significativas apenas nas variáveis empalhamento, altura de espiga e altura de planta. Considerando os desdobramentos das análises em classes de genótipos, a GxE ocorreu em ambas as variáveis de rendimento de espiga (com e sem palha) dentro dos híbridos simples dialélicos de milho superdoce (SS-SCH) e das populações retrocruzadas de milho superdoce (SS-PB). As características comprimento de espiga e empalhamento das SS-PB e dos híbridos interpopulacionais de milho superdoce (SS-IH), respectivamente, também apresentaram GxE significativa, bem como a interação das categorias com o ambiente nas variáveis rendimento de espiga com palha, rendimento de espiga sem palha, prolificidade, comprimento de espiga e altura de espiga. Também foi verificada a interação tripla entre genótipo x ambiente x ano significativa para

rendimento de espiga com palha, rendimento de espiga sem palha e empalhamento.

Na Tabela 2 são apresentadas as médias dos genótipos para oito características. A média da variável rendimento de espiga com palha foi de 15,2 t.ha⁻¹ e as classes genotípicas que apresentaram a maior média foram dos SS-SCH (16,6 t.ha⁻¹) e SS-IH (15,5 t.ha⁻¹). Dentro do grupo SS-SCH se destacaram os híbridos com as maiores médias (LCSH 113 x LP8HS 129; LCSH 113 x LPSH 139; e LCSH 116 x LP8HS 130), dois deles compartilhando o mesmo genitor, LCSH 113.

Para o rendimento de espiga sem palha, a média dos genótipos foi de 9.8 ton.ha⁻¹, sendo que os SS-SCH foram superiores significativamente aos demais grupos (11,3 t.ha⁻¹) e se destacando dois genótipos, “LCSH 113 x LPSH 134” (13,1 t.ha⁻¹) e “LCSH 113 x LPSH 139” (14,2 t.ha⁻¹), possuidores das maiores médias, e compartilhando o mesmo genitor das linhagens do grupo heterótico CIMMYT (LCSH 113). Vale destacar que os genótipos com maior rendimento de espiga com palha e rendimento de espiga sem palha podem não ser exatamente os mesmos, isso porque a relação peso de palha/peso de espiga pode variar entre genótipos.

Em estudo realizado com milho doce, Ilker (2011) e Williams (2014) afirmaram ser o rendimento de espiga avaliado sem palha mais eficiente para prever o rendimento de grãos frescos de milho doce em relação a avaliação com palha, portanto, apesar de geralmente ser comercializado com palha, a indústria de processamento deve optar pelo rendimento sem palha na escolha do genótipo.

Os genótipos SS-SCH foram os que apresentaram pior média de empalhamento, variando de 1,14 a 2,71. Por outro lado, foram os que apresentaram maior rendimento de espiga sem palha. Isso seria um indicativo de, neste conjunto de genótipos, haver uma correlação negativa entre as duas variáveis. Isto é, a qualidade do empalhamento piora em plantas mais produtivas e de espigas maiores. Vale ressaltar que o empalhamento trata-se de uma característica fundamental para a defesa da espiga contra pragas e doenças (McMillian et al., 1987; Tembo et al., 2016). Já que espigas bem empalhadas apresentam palha de comprimento superior à espiga, possibilitando o total fechamento e, conseqüentemente, evita a entrada de água e de insetos.

Tabela 1. Resumo da análise de variância conjunta e dos parâmetros estatísticos-genéticos de oito variáveis avaliadas em milho superdoce e milho comum em dois ambientes (Itaocara-RJ e Campos dos Goytacazes-RJ) e dois anos agrícolas (2016/2017 e 2017/2018).

Fonte de variação	QUADRADOS MÉDIOS								
	GL	EYh	EY	PRL	HSK	EL	ED	EH	PH
Bloco (Local x Ano)	12	4,31	2,24	0,05**	0,14	0,83	6,59	0,011	0,033**
Local (L)	1	0,12	0,29	0,75**	1,38**	14,14**	133,7**	3,75**	5,327**
Ano (A)	1	662,33**	221,64**	1,18**	3,97**	418,4**	90,83**	2,41**	4,848**
L x A	1	183,53**	99,38**	0,03	0,82**	4,16*	64,21**	0,05*	0,49
Genótipos (G)	29	122,47**	88,68**	0,31**	4,88**	16,15**	148,9**	0,26**	0,336**
SS-SCH	17	55,36**	46,09**	0,36**	3,81**	4,59**	84,59**	0,14**	0,068**
SS-PB	3	59,26**	20,79**	0,02	0,32*	6,52**	29,39**	0,13**	0,109**
SS-IH	3	17,47	10,81*	0,06	0,58**	2,65*	33,83**	0,03*	0,050*
FC-P	1	9,39	5,20	0,10	0,45*	17,85**	4,01	0,11**	0,056
Controle	1	4,96	28,66**	0,17	0,01	2,21	859,4**	1,08**	0,778**
Categorias	4	590,28**	412,87**	0,60**	18,50**	84,81**	456,8**	0,87**	1,823**
G x L	29	20,18**	9,65**	0,10**	0,14	2,24**	9,59*	0,013	0,016
SS-SCH x L	17	18,62**	9,87**	0,05	0,15	1,48	7,24	0,011	0,016
SS-PB x L	3	12,90*	5,77*	0,02	0,06	2,77*	2,27	0,011	0,031*
SS-IH x L	3	13,98	3,11	0,05	0,30*	0,51	15,86	0,009	0,011
FC-P x L	1	0,135	0,47	0,01	0,10	0,69	5,16	0,006	0,012
Controle x L	1	3,37	1,61	0,02	0,21	0,02	40,50*	0,010	0,001
Categorias x L	4	46,88**	21,32**	0,28**	0,05	6,56**	13,05	0,025*	0,015
G x A	29	12,89*	6,06*	0,09*	0,35**	2,70**	7,42	0,013	0,029*
SS-SCH x A	17	10,11	6,81**	0,13**	0,39**	1,06	5,25	0,012	0,019
SS-PB x A	3	8,13	4,18	0,04	0,06	0,18	4,39	0,014	0,024
SS-IH x A	3	19,95*	4,79	0,01	0,29*	2,50*	11,76	0,005	0,014
FC-P x A	1	0,924	0,50	0,02	0,06	0,003	17,36	0,0004	0,001
Controle x A	1	22,68	6,01	0,03	0,03	4,06*	32,32*	0,012	0,0002
Categorias x A	4	21,91*	6,22	0,03	0,62**	11,47**	7,06	0,023	0,098**
G x L x A	29	10,73*	5,18*	0,03	0,18*	1,22	6,18	0,012	0,015
SS-SCH x L x A	17	9,63	5,51	0,05	0,22**	0,75	3,98	0,014	0,016
SS-PB x L x A	3	12,32*	4,01	0,01	0,04	1,99*	0,13	0,024*	0,028*
SS-IH x L x A	3	3,74	1,11*	0,01	0,05	0,28	1,68	0,005	0,010
FC-P x L x A	1	10,92	3,15	<0,01	0,21	3,57	14,72	0,001	0,002
Controle x L x A	1	22,77	11,03	<0,01	0,45*	0,66	60,72**	0,0002	0,003
Categorias x L x A	4	17,45*	7,49	0,06	0,16	2,82*	7,96	0,006	0,0067
A									
Erro	348	7,29	3,23	0,049	0,099	0,951	6,541	0,0098	0,015
Total	479								
CVe (%)		17,78	17,83	18,58	18,28	5,80	5,36	7,34	5,37
CVg (%)		17,67	22,93	10,73	31,78	5,80	6,26	9,33	6,21
IV		0,99	1,29	0,58	1,74	1,00	1,17	1,27	1,16
H ²		0,940	0,963	0,842	0,979	0,941	0,956	0,962	0,955

GL – Graus de Liberdade; EYh – Rendimento de espiga com palha (t.ha⁻¹); EY – Rendimento de espiga sem palha (ton.ha⁻¹); PRL – Prolificidade; HSK – Empalhamento; EL – Comprimento de espiga (cm); ED – Diâmetro de espiga (mm); EH – Altura de espiga; PH – Altura de planta; CVe – Coeficiente de variação experimental; CVg – Coeficiente de variação genética; IV – Índice de variação; H² – Coeficiente de determinação genotípica.

Tabela 2. Médias de oito variáveis avaliadas em genótipos de milho superdoce e milho comum, em dois diferentes ambientes (Itaocara-RJ e Campos dos Goytacazes-RJ) e dois anos agrícolas (2016/2017 e 2017/2018).

Genótipos	EYh	EY	PRL	HSK	EL	ED	EH	PH
Híbridos simples de milho superdoce								
LCSH 113 x LP8HS 125	16,9	11,2	1,6	2,71	16,5	45,9	1,36	2,28
LCSH 113 x LP8HS 129	18,6	12,6	1,3	2,31	18,1	49,0	1,38	2,23
LCSH 113 x LP8HS 130	17,0	10,5	1,2	1,93	17,6	48,3	1,48	2,34
LCSH 113 x LPSH 134	17,7	13,1	1,4	2,36	17,2	49,5	1,46	2,48
LCSH 113 x LPSH 139	20,1	14,2	1,4	2,71	17,2	50,0	1,38	2,40
LCSH 113 x LPSH 140	18,2	12,7	1,3	2,59	17,9	51,2	1,44	2,38
LCSH 116 x LP8HS 125	16,7	12,5	1,3	2,39	16,9	50,2	1,46	2,38
LCSH 116 x LP8HS 129	16,9	12,5	1,1	1,66	18,0	51,6	1,49	2,38
LCSH 116 x LP8HS 130	19,0	12,5	1,1	1,63	18,0	52,8	1,62	2,52
LCSH 116 x LPSH 134	14,6	11,3	1,1	2,19	16,7	49,1	1,33	2,39
LCSH 116 x LPSH 139	16,7	11,9	1,1	2,21	16,8	51,7	1,27	2,38
LCSH 116 x LPSH 140	16,5	11,9	1,0	1,93	17,1	51,9	1,37	2,37
LCSH 119 x LP8HS 125	16,4	10,7	1,3	2,63	17,7	46,1	1,46	2,40
LCSH 119 x LP8HS 129	12,8	8,2	1,3	1,14	17,4	46,9	1,42	2,37
LCSH 119 x LP8HS 130	13,2	7,3	1,1	1,23	16,6	46,5	1,56	2,42
LCSH 119 x LPSH 134	14,3	9,9	1,2	1,90	17,0	46,1	1,36	2,44
LCSH 119 x LPSH 139	16,0	10,3	1,1	1,60	16,8	47,1	1,23	2,36
LCSH 119 x LPSH 140	16,5	10,8	1,2	1,59	17,8	46,8	1,34	2,37
Populações parentais de milho superdoce								
PSH	7,7	4,9	1,0	1,21	15,0	45,4	1,09	2,04
P8HS	10,5	6,5	1,1	1,06	14,8	43,8	1,27	2,16
CSH	12,3	7,6	1,1	1,39	16,0	45,8	1,26	2,10
C8HS	10,1	6,0	1,0	1,34	14,7	42,9	1,13	1,98
Híbridos interpopulacionais de milho superdoce								
CSH x PSH	16,5	10,6	1,2	1,54	17,6	48,3	1,30	2,25
C8HS x PSH	14,0	8,8	1,2	1,31	17,0	46,8	1,29	2,15
CSH x P8HS	15,9	10,3	1,2	1,15	16,7	47,8	1,38	2,27
C8HS x P8HS	15,7	9,6	1,1	1,15	17,3	45,0	1,37	2,26
Populações parentais de milho comum								
PIRANÃO8	13,0	7,5	1,2	1,00	14,4	42,6	1,28	2,12
CIMMYT8	11,9	6,7	1,1	1,24	15,9	43,3	1,15	2,03
Controles								
UENF506 - 11	15,1	8,8	1,2	1,24	16,5	43,0	1,43	2,36
Tropical Plus	14,3	10,8	1,0	1,20	17,0	53,4	1,06	2,05
Média dos Controles	14,7	9,8	1,1	1,22	16,7	48,2	1,24	2,20
Média geral	15,18	10,08	1,19	1,72	16,81	47,65	1,34	2,29
DMS (T teste a 5%)	1,89	1,26	0,15	0,22	0,68	1,79	0,07	0,09

EYh – Rendimento de espiga com palha ($t \cdot ha^{-1}$); EY – Rendimento de espiga sem palha ($ton \cdot ha^{-1}$); PRL – Prolificidade; HSK – Empalhamento; EL – Comprimento de espiga (cm); ED – Diâmetro de espiga (mm); EH – Altura de espiga; PH – Altura de planta; DMS – Diferença mínima significativa.

O comprimento de espiga médio dos tratamentos foi de 16,81 cm e se destacaram os grupos SS-SCH (17,3 cm), SS-IH (17,1 cm) e controle (16,7 cm). No grupo SS-SCH se destacaram sete genótipos e no grupo SS-IH se destacou

apenas um (amplitude de 18,1 cm a 17,6 cm), os quais apresentaram as maiores médias sem se diferenciarem entre si (Tabela 2).

A média de diâmetro de espiga entre os tratamentos foi de 47,85 mm, e superior nos grupos SS-SCH (48,9 mm) e testemunha (48,2 mm), com destaque para a testemunha Tropical Plus da Syngenta (53,4 mm) que impulsionou a média das testemunhas para cima. A importância desta característica pode ser observada em estudo de correlação com os mesmos híbridos dialélicos, relacionando características de rendimento, em que foi observado maior efeito direto positivo entre diâmetro de espiga e a variável base rendimento de espiga sem palha, em relação as outras variáveis (Gonçalves et al., 2018).

Ambas as características (altura de planta e altura de espiga), assim como o rendimento, foram consideravelmente afetadas pela heterose provocada pelo cruzamento entre os grupos heteróticos e, dessa forma, o grupo genotípico SS-SCH se destacou com as maiores médias em relação aos demais genótipos com 2,38 m de altura de planta e 1,41 m de altura de espiga e uma variação entre genótipos de 2,23 m a 2,52 m para altura de planta e 1,23 m a 1,62 m para altura de espiga (Tabela 2 e Figura 2). Embora a correlação entre rendimento e altura de planta seja muitas vezes positiva (Pavlov et al., 2015. Olivoto et al., 2017), é desejável que as plantas tenham menor estatura, tanto para altura de planta quanto altura de espiga, possibilitando maior adensamento e diminuindo riscos de acamamento em situações de ventos fortes (Duvick, 2005).

A variação dos valores de heterose entre as progênies foi altamente significativa em todas as características, embora o CVe tenha excedido os 40 % em todas as características, atingindo 128,5 % na característica prolificidade (Tabela 3). Esse resultado é um indicativo de haver uma forte variação nas médias dos tratamentos, já que elevados valores de CVe são reflexos de elevado quadrado médio do erro utilizado para testar os efeitos em modelos fixos.

Entre as características mensuradas, rendimento de espiga com palha e rendimento de espiga sem palha foram as que apresentaram maior valor de heterose (Tabela 3).

Tabela 3. Percentual de heteroses nos genótipos de milho superdoce pertencentes aos grupos SS-IH e SS-SCH, estimados com base na média dos genótipos parentais SS-PB.

Genotype	EYh	EY	PRL	HSK	EL	ED	EH	PH
LCSH 113 x LP8HS 125	48,3	58,6	49,7	121,9	6,9	2,5	7,8	6,9
LCSH 113 x LP8HS 129	63,1	79,7	22,3	87,7	17,7	9,5	8,7	4,5
LCSH 113 x LP8HS 130	49,2	47,9	11,8	57,5	14,1	7,7	17,2	9,9
LCSH 116 x LP8HS 125	46,1	77,2	22,0	95,3	9,9	12,0	15,5	11,7
LCSH 116 x LP8HS 129	50,4	80,4	5,1	36,0	16,5	15,3	17,2	11,9
LCSH 116 x LP8HS 130	67,2	77,5	-2,2	32,9	16,5	17,9	27,8	18,4
LCSH 119 x LP8HS 125	43,6	51,6	22,8	114,8	15,1	2,8	15,6	12,5
LCSH 119 x LP8HS 129	14,1	17,1	21,4	-7,7	13,6	4,4	12,1	11,1
LCSH 119 x LP8HS 130	15,9	3,7	4,0	0,2	7,4	3,9	22,9	13,4
LCSH 113 x LPHS 134	77,7	109,2	36,6	81,7	10,6	8,6	24,3	20,0
LCSH 113 x LPHS 139	101,2	126,1	33,3	108,6	10,8	9,8	17,5	15,8
LCSH 113 x LPHS 140	82,1	103,3	23,5	99,0	15,1	12,2	22,1	14,8
LCSH 116 x LPHS 134	45,8	79,8	2,9	68,2	7,6	7,8	12,7	15,3
LCSH 116 x LPHS 139	65,5	87,9	6,8	69,2	8,1	13,3	7,9	15,0
LCSH 116 x LPHS 140	65,1	90,1	-1,7	48,0	10,0	13,8	16,3	14,5
LCSH 119 x LPHS 134	43,4	58,2	13,5	46,1	9,2	1,2	15,1	17,9
LCSH 119 x LPHS 139	59,8	64,5	10,3	23,0	8,2	3,4	4,8	14,2
LCSH 119 x LPHS 140	65,1	72,6	18,2	22,1	14,9	2,7	13,9	14,7
CSH x PSH	65,2	69,9	16,8	18,2	13,3	5,9	10,9	8,7
C8HS x PSH	58,5	61,6	15,3	2,9	14,2	6,1	16,2	7,0
CSH x P8HS	40,9	47,6	15,3	-6,3	8,3	6,9	10,0	7,1
C8HS x P8HS	51,8	52,3	4,5	-4,1	17,2	3,6	13,7	8,8
F - Teste	<,0001	<,0001	<,0001	<,0001	<,0001	<,0001	<,0001	<,0001
DMS (T)	18,23	20,10	14,22	17,85	4,31	3,77	5,39	3,96
CVe(%)	47,5	42,2	128,5	50,7	51,9	69,9	51,9	45,9

EYh – Rendimento de espiga com palha (t.ha⁻¹); EY – Rendimento de espiga sem palha (ton.ha⁻¹); PRL – Prolifidade; HSK – Empalhamento; EL – Comprimento de espiga (cm); ED – Diâmetro de espiga (mm); EH – Altura de espiga; PH – Altura de planta; DMS – Diferença mínima significativa; CVe – Coeficiente de variação experimental.

O híbrido simples dialélico LCSH 113 x LP8HS 125, que apresentou o maior percentual de heterose em prolifidade (49,7%), a despeito do elevado CVe, se diferenciou significativamente dos demais genótipos, com exceção de LCSH 113 x LPHS 134 (36,6%) que apresentou um valor igualmente elevado de heterose.

Em média, nos cruzamentos SS-SCH, o empalhamento foi o que apresentou maiores valores de heterose. Ressaltando, que neste caso, o valor positivo de heterose indica que a progênie apresentou empalhamento pior do que os pais. Por outro lado, cruzamentos do grupo SS-IH, tais como C8HS x PSH, CSH x P8HS e C8HS x P8HS apresentaram heterose próxima de zero. Ou seja, a geração de híbridos impactou negativamente o empalhamento nos híbridos, mas não afetou os híbridos interpopulacionais.

A heterose em comprimento de espiga foi similar entre os grupos SS-SCH e SS-IH. Embora alguns dos híbridos simples do grupo SS-SCH tenham média

inferior em diâmetro de espiga, em comparação com os híbridos interpopulacionais do grupo SS-IH, a heterose média do grupo SS-SCH foi superior.

Na variável altura de plantas, um grupo específico de híbridos simples apresentou percentuais de heterose maiores, que foram os cruzamentos entre linhagens com prefixo LCSH x LPSH. Estes apresentaram valores superiores em média, em relação aos cruzamentos entre as linhagens de prefixo LCSH x LP8HS, e dos híbridos interpopulacionais (SS-IH).

Seria esperado uma heterose superior em características relacionadas a produtividade, já que a seleção recorrente recíproca realizada nestas populações possui este objetivo (Berilli et al., 2011). O uso de genótipos pertencendo a *pools* heteróticos distintos tem a capacidade de elevar a variância de dominância e otimizar a seleção para capacidade específica de combinação (Hallauer et al., 2010) e, por esta razão, isto é amplamente utilizado em estudos de heterose (Larièpe et al., 2012; Li et al., 2018).

Os resultados de heterose dos SS-SCH, foram elevados para características como rendimento de espiga com palha e rendimento de espiga sem palha, quando comparado com outros estudos (Shama et al., 2016; Dhoot et al., 2017). Embora isso possa ser esperado quando se usa linhagens parentais com referência (média dos pais), neste presente estudo foram utilizadas as populações parentais como referência, que costumam possuir médias superiores às linhagens derivadas.

Na comparação entre os grupos de genótipos na Figura 4, foi possível observar claramente o efeito da heterose para a maioria das variáveis. A média dos SS-SCH e SS-IH em relação as SS-PB e FC-P em todas as variáveis, com uma leve vantagem para os SS-SCH. Por outro lado, as SS-PB e FC-P se equivalem em termo de desempenho, o que aponta um baixo efeito geral na introdução do gene *shrunk* nas populações. Isso reforça o papel da heterose em todas as características agrônômicas avaliadas em nosso estudo.

As testemunhas formadas pelo híbrido interpopulacional de milho comum UENF506 11 e o híbrido simples Tropical Plus apresentam em média um desempenho similar aos SS-SCH e SS-IH na maioria das características, como é retratado pela sobreposição dos intervalos de confiança (Figura 2). Os SS-SCH, em média, também se destacaram com uma menor qualidade de empalhamento, uma maior altura de espiga e altura de planta. Considerando o empalhamento como

a característica mais crítica para a seleção, devido a suposta relação inversa apresentada entre qualidade de empalhamento e rendimento de espiga, foi possível observar dentro do conjunto de genótipos SS-SCH, cruzamentos capazes de atender as duas características (EY e HSK), como por exemplo, os cruzamentos LCSH 116 x LP8HS 129 e LCSH 116 x LP8HS 130, ambos com bom rendimento e qualidade de empalhamento, portanto, boas opções para recomendação para o Norte e Noroeste Fluminense.

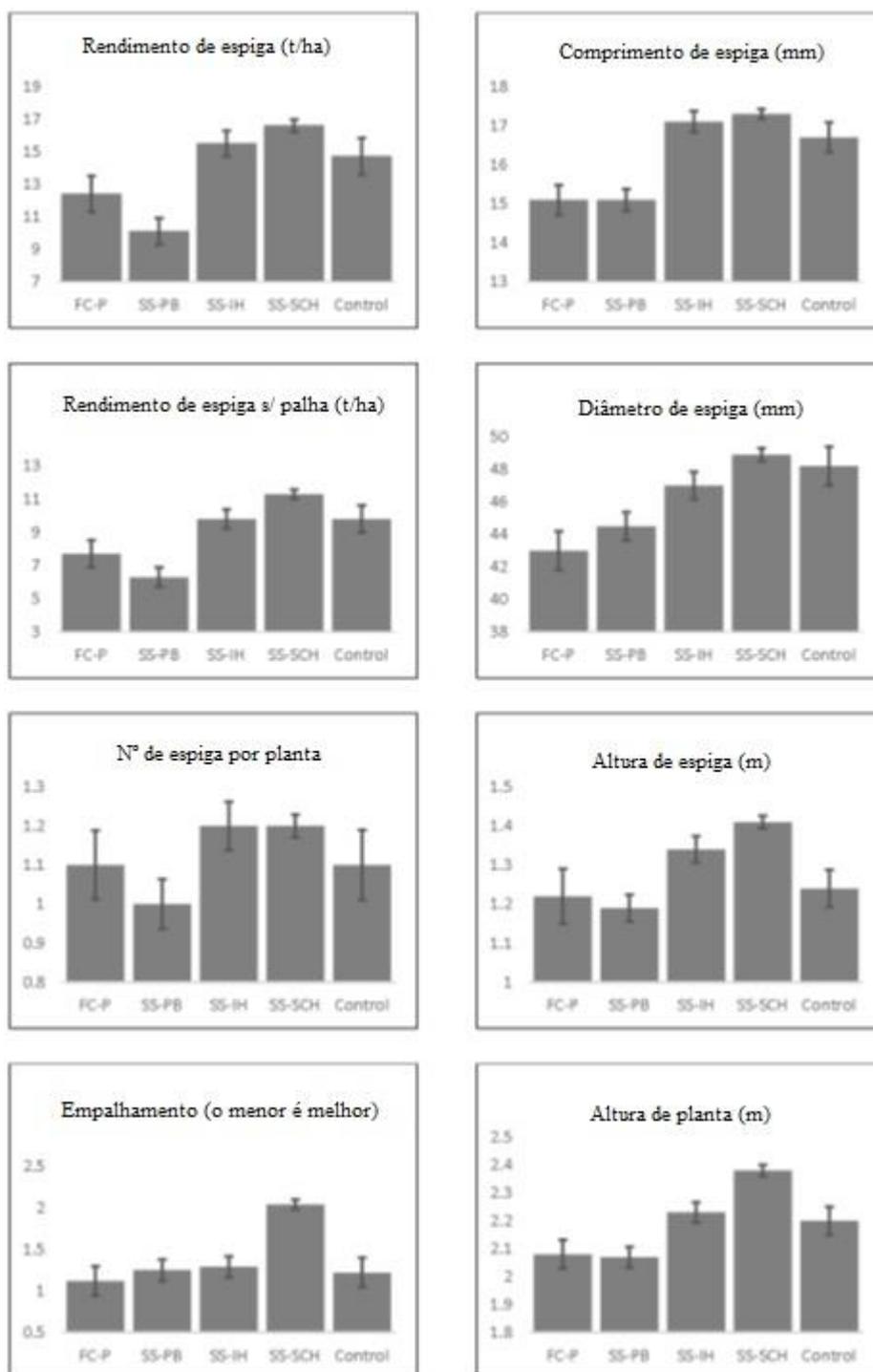


Figura 2. Média das categorias de genótipos: Híbridos simples superdoce (SS-SCH), Populações parentais superdoce retrocruzadas (SS-PB), híbrido intervarietal superdoce (SS-IH), populações parentais de milho comum (FC-P) e híbridos comerciais (Control), para oito características avaliadas em dois locais (Itaocara-RJ e Campos dos Goytacazes-RJ) e dois anos agrícolas (2016/2017 e 2017/2018).

3.2.5. CONCLUSÕES

Foi observado elevados valores de heterose no desenvolvimento de genótipos híbridos de milho superdoce.

Houve uma piora no empalhamento devido ao aumento das espigas. Portanto, se sugere o uso de bons parentais capazes de associar rendimento com boa cobertura da espiga.

Os genótipos LCSH 116 x LP8HS 129 e LCSH 116 x LP8HS 130, pertencentes à categoria de híbridos simples, se destacaram como genótipos promissores para serem registrados e recomendados a agricultores da região, por possuírem elevado rendimento e bom empalhamento.

3.3. SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO SUPERDOCE PARA RESISTÊNCIA A NORTHERN LEAF BLIGHT

3.3.1. INTRODUÇÃO

Uma das doenças de principal ocorrência no milho é conhecida por Northern Leaf Blight (NLB), causada pelo fungo *Exserohilum turcicum* (pass.) K.J. Leonard & Suggs. No Brasil, esta doença ficou conhecida como Mancha de Turcicum, em referência a espécie do fungo.

Nos Estados Unidos e Canadá, foi estimada um aumento na perda de rendimento entre 2012 e 2015 de 1,9 mi de t para 14 mi de t, causando um prejuízo estimado em \$1,9 bi (dólares) em 2015 (Muller et al., 2016).

Atualmente, o principal meio de controle de *E. turcicum* continua sendo a utilização de cultivares resistentes (Vivek et al., 2010), além do manejo da área com rotação de cultura.

Em estudo realizado com genótipo doce de milho, foi concluído que *E. Turcicum* trata-se de um “low sugar fungus”, podendo, inclusive, o desenvolvimento da doença ser suprimido com a aplicação de sacarose nas folhas (Levy e Cohen, 1984). Porém, não há referências que indiquem maior resistência do milho doce em relação ao milho comum a esta doença. Isto porque o incremento de açúcar no milho doce está relacionado ao grão, na falha de conversão da sacarose em amido (Tracy, 2001).

A fase infecciosa de NLB é iniciada nas folhas mais velhas após o florescimento, porém, infecções anteriores a essa fase estão relacionadas a genótipos mais susceptíveis e sujeitos a perda de produtividade, enquanto genótipos com resistência parcial possuem perdas não significativas segundo estudos (Pataky, 1992).

Devido ao aumento da severidade estar relacionado diretamente ao estágio de desenvolvimento da planta, a avaliação de genótipos com ciclos de desenvolvimentos distintos é um complicador na hora em que se vai selecionar o genótipo mais resistente, podendo o resultado não ser fidedigno e a seleção estar sendo realizada em favor dos genótipos mais tardios.

A quantificação de doenças tem o objetivo de estimar o nível de resistência de uma variedade a uma determinada doença em relação a outras variedades, além de determinar em quais condições ambientais sua ocorrência é favorecida ou qual método de controle é mais eficiente. Ela pode ser medida pela incidência (percentual de plantas afetadas) (Spolti et al., 2015), ou pela severidade (porcentagem do tecido vegetal afetado). Com relação a severidade, os métodos mais utilizados são os que utilizam escalas descritivas, de notas, ou diagramáticas (Cooke et al., 2006).

As escalas diagramáticas são representações esquemáticas de tecidos foliares doentes em diferentes níveis de severidade e apresentam uma boa confiabilidade (Vieira et al, 2014). Seus valores se dividem em classes que representam a porcentagem do tecido vegetal danificado pelo patógeno. O resultado da avaliação pode ser analisado por diferentes métodos, como: cálculo da área abaixo da curva do progresso da doença (Brito et al., 2013; Colombo et al., 2014); a partir de imagens de campo e aprendizagem profunda (*deep learning*) (DeChant et al., 2017); ou por medidas repetidas no tempo (Bowers e Locke, 2004; Probst et al., 2016).

O objetivo deste estudo foi estimar o nível de severidade de NLB sobre híbridos simples e populações de milho superdoce desenvolvidos e avaliados no Norte do estado do Rio de Janeiro, para fins de seleção. Além disso, verificar a influência do gene mutante *sh2* na severidade de NLB em genótipos quase isogênicos.

3.3.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.3.2.1. Northern Leaf Blight

Northern Leaf Blight (NLB), causada pelo fungo *Exserohilum turcicum* (pass.) K.J. Leonard & Suggs em sua fase anamórfica (fase assexual), e *Setosphaeria turcica* (Luttr.) K.J. Leonard & Suggs em sua fase perfeita (fase sexual), é uma das doenças de principal ocorrência no milho. Sendo quase que obrigatória nos estádios finais de desenvolvimento da planta.

Conhecida no Brasil como Mancha de Turcicum, em referência a espécie do fungo, essa doença também foi chamada genericamente como Helminosporiose, em referência ao gênero *Helminosporium*, que anteriormente a reclassificação da espécie abrangia os fungos patogênicos *E. turcicum* e *Bipolaris mays* Sivan.

Em sua forma mais comum, a doença foliar causada pelo *E. turcicum* provoca lesões foliares de formato elíptico e alongado de cor verde acinzentadas, possuindo comprimentos que variam de 2,5 a 15 centímetros. (Kimati, et al., 2005). Apresenta alta variabilidade genética (Borchardt et al., 1998; Ferguson e Carson, 2004, 2007), porém com pouca variação quanto a patogenicidade (De Rossi, 2015).

A situação propícia para a ocorrência da doença, e maior virulência, é em plantios fora de época e em períodos de chuva, umidade, clima ameno e baixa insolação (Kimati, et al., 2005).

O principal meio de controle é a utilização de cultivares resistentes, não havendo um consenso quanto a ação gênica, aditiva ou não aditiva, de maior importância (Carson, 1995; Vivek et al., 2010; Nihei et al., 2012).

3.3.2.2. Análise de medidas repetidas

Largamente utilizado no melhoramento animal, devido a impossibilidade biológica de se realizar repetições de indivíduos, a análise de medidas repetidas no tempo trata-se de um tipo especial de análise de dados longitudinais, em que são medidas realizadas em um mesmo indivíduo ou mesma parcela múltiplas vezes,

mas que possuem um delineamento experimental (Davis, 2002). Nas análises de medidas repetidas e modelos mistos é assumida uma semelhança ou uma covariância entre as medidas de um mesmo indivíduo/parcela devido ao efeito não genético permanente do ambiente (Mrode, 2014).

Nesse caso, a variância das observações pode ser particionada em $\text{var}(y) = \text{var}(g) + \text{var}(pe) + \text{var}(te)$, onde $\text{var}(g)$ = variância genética, $\text{var}(pe)$ = variância devido ao efeito ambiental permanente, e $\text{var}(te)$ = variância devido ao efeito aleatório temporário de ambiente, sendo, de acordo com Mrode (2014), a estrutura fenotípica para as medidas descrita como:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} y1 \\ y2 \\ y3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{t1}^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 \\ \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{t2}^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 \\ \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 & \sigma_{t3}^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_g^2 \end{bmatrix}$$

Em situações em que as medidas possuem intervalos iguais e um incremento entre as medições, como é o caso da severidade de doenças em plantas, frequentemente pode ser observada uma correlação entre os efeitos residuais (Isik et al., 2017). Nesses casos, o modelo de repetibilidade pode assumir a existência de correlação genética entre as medidas da unidade experimental e considerar uma estrutura de covariância adequada para modelagem do erro (Kirkpatrick et al., 1994). Contudo, para contornar o desafio de modelar eficientemente a análise de medidas repetidas, é necessário um modelo multivariado e não univariado (Islam e Chowdhury, 2017).

O pacote computacional ASREML (Guilmour et al., 2015), permite ajuste do modelo multivariado para medidas repetidas no tempo e seleção das estruturas de covariância residuais, possibilitando que seja uma análise mais apropriada às reais pressuposições do método estatístico.

3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.3.3.1. Material vegetal

Foram avaliados trinta genótipos de milho divididos em três grupos: 18 híbridos simples (SC); dez genótipos de base ampla (seis populações e quatro

híbridos interpopulacionais) e; duas testemunhas (um híbrido simples superdoce e um híbrido interpopulacional comum). Dentre as populações, duas são de milho comum, pertencentes a grupos heteróticos distintos, a população Piranão8 do grupo dentado e a população CIMMYT8 do grupo duro, no oitavo ciclo de seleção recorrente recíproca (SRR). Dentre os genótipos dos grupos controle, um é de milho comum, e trata-se de uma cultivar de híbrido interpopulacional denominada UENF 506-11, originária do cruzamento F1 entre as populações Piranão11 e CIMMYT11 já no 11º SRR, e uma cultivar de híbrido simples superdoce da empresa Syngenta denominada Tropical Plus.

As populações de milho superdoce são derivadas das populações recorrentes Piranão8 e CIMMYT8, retrocruzadas com duas populações portadoras do gene mutante *shrunkn-2* (*sh2*) (populações SH2 e SH28HS), que resultou nas quatro populações de milho superdoce SH2-CIMMYT8 (CSH), SH2-8HS-CIMMYT (C8HS), SH2-Piranão (PSH) e SH2-8HS-Piranão (P8HS). Os híbridos interpopulacionais são derivados do cruzamento entre as populações de milho superdoce de grupos heteróticos distintos (CSH x PSH; CHS x P8HS; C8HS x PSH; C8HS x P8HS).

Os 18 SC são provenientes dos cruzamentos entre três testadores homozigóticos derivados da população CSH (LCHS113; LCHS116; LCHS119) e seis linhagens, três derivadas da população PSH e três da população P8HS (LP8HS125; LP8HS129; LP8HS130; LPSH134; LPSH139; LPSH140).

3.3.3.2. Desenho experimental

Baseado na escala de severidade de *Exserohilum turcicum*, desenvolvida pela AGROCERES (1996), em que são dadas notas de severidade com base na planta inteira e com scores que variam entre 1 e 9, os 30 genótipos foram avaliados na safra 2016/2017, em dois experimentos em blocos completos casualizados com quatro repetições. As unidades experimentais foram constituídas por uma fileira de 3 m, espaçados 0,80 m entre si e 0,30 m entre plantas. As avaliações foram iniciadas entre 9 e 23 dias após o florescimento, dependendo do ciclo do genótipo, e realizadas em um intervalo médio de 7 dias por três ocasiões.

Os dois ambientes testados, Campos dos Goytacazes (Latitude 21°24'48"S e Longitude 41°44'48"O, 14 m de altitude) e Itaocara (21° 40' 09" S e 42° 04' 34" O, 60 m de altitude), são localizados no Norte do Estado do Rio de Janeiro. A

classificação climática – de acordo com a classificação de Köppen – é Aw (clima tropical com chuvas de verão) e, por estarem próximos do litoral, em uma latitude de aproximadamente -21° , o clima é controlado por massas de ar equatoriais e tropicais com influência da massa tropical marítima.

3.3.3.3. Análises estatísticas

Três observações de severidade de *E. turcicum* foram analisadas por meio de modelos lineares mistos e medidas repetidas no tempo. A análise de medidas repetidas é definida pela variação entre unidades experimentais com relação ao número e intervalo das observações, e pelas covariáveis dependentes do tempo (DAVIS, 2002). Considera-se, portanto, $y_i = (y_{i1}, y_{i2}, y_{i3})$ o vetor resposta das medidas tomadas e o modelo linear generalizado misto utilizado foi:

$$y = Xb + e$$

onde y = o vetor de observações, b = o vetor de efeitos fixos de bloco, local, medidas e genótipos; e = vetor aleatório de resíduo; e X a matriz de incidência de efeitos fixos.

Efeito de genótipo e local x genótipo foram desdobrados em diferentes efeitos considerando os diferentes tipos de genótipos. Dessa forma, os 29 graus de liberdade (DF) de genótipos foram divididos em 17 DF para comparação entre os híbridos simples, nove DF para comparação entres os genótipos de base ampla (populações e híbridos interpopulacionais), um DF para comparação das testemunhas e dois DF para comparação interclasses. O efeito de híbrido simples foi considerado como aleatório e desdobrado em linha, testador e linha x testador, estes últimos também analisados como aleatórios.

Para a análise de medidas repetidas, foi ajustada a estrutura de covariância autoregressiva de primeira ordem ($\sigma_{ij} = \sigma^2\rho^{|i-j|}$), devido ao menor valor observado nos critérios de seleção de modelo de Akaike quando comparado com o a covariância não estruturada e antedependente. A estrutura de covariância autoregressiva de primeira ordem também se justifica nas análises de medidas repetidas em modelos lineares generalizados, quando os intervalos entre as medidas são os mesmos e existe uma correlação entre as medidas devido aos efeitos permanentes (ambientais) (Mrode, 2014).

Como o aparecimento de doenças em milho geralmente ocorre após o florescimento, foi acrescentado uma covariável de dias para florescimento feminino

(SD), para melhorar a precisão do modelo e ajustar as estimativas e predições. Os valores observados de SD foram centralizados ($S_{ijk} - S_{\mu}$) conforme recomendação do pacote estatístico ASREML (Gilmour et al., 2015).

As significâncias dos efeitos fixos foram obtidas pelo método de Wald, enquanto as significâncias dos efeitos aleatórios foram obtidas através da razão de verossimilhança (Gilmour et al., 2015).

Com base nos BLUP – Best Linear Unbiased Prediction – dos SC e das Populações, e dos BLUE – Best Linear Unbiased Estimations – dos Controles, foi gerada uma curva polinomial do progresso da doença, e com base no BLUE dos tratamentos foi gerado um gráfico de barras com as médias dos genótipos por ambiente e da análise conjunta.

Como informação adicional, foi analisada a produtividade de espiga sem palha seguindo os mesmos desdobramentos e efeitos, com exceção das medidas repetidas, já que esta variável foi avaliada em uma única medição.

Para compreender melhor a relação entre as variáveis, foi estimada o grau de correlação fenotípica de Pearson entre as variáveis NLB e EY e a covariável SD a fim de compreender a influência que as variáveis exercem umas nas outras. Esta correlação foi calculada com os dados originais de rendimento de espiga e SD, e com dados estimados (BLUE) de NLB (valor médio da análise de medidas repetidas).

As análises foram realizadas no ambiente R, por meio do Pacote ASREML 3.0 para ajuste dos modelos e do Pacote Hmisc (Harrell, 2019) para estimativas de correlação entre as características e o nível de significância.

3.3.3.4. Estimativa de parâmetros estatísticos-genéticos

Os parâmetros estatístico-genéticos foram estimados para os efeitos de híbrido simples, população e genótipo. Foram estimados o coeficiente de variação experimental, $(SE/\mu) \times 100$, em que SE é o erro padrão e μ a média geral; e a acurácia seletiva, $(1 - 1/(MSg/MSe))^{0.5}$, em que MSg é o quadrado médio de genótipo e MSe é o quadrado médio do erro. No caso da análise realizada para as avaliações de doença (medidas repetidas do tempo), por haver um erro associado às medidas, o SE foi estimado através da média dos SEs das médias estimadas pelo modelo (BLUE).

3.3.4. RESULTADO E DISCUSSÃO

3.3.4.1. Correlação Fenotípica

As variáveis rendimento de espiga sem palha (EY) e a covariável dias para florescimento feminino (SD) apresentaram correlação moderada e significativa entre os dois ambientes ($r = 0,55$ e $r = 0,54$, respectivamente), enquanto que a variável NLB não apresentou correlação entre os ambientes, Itaocara (ITA) e Campos dos Goytacazes (CGZ) ($r = 0,09$) (Tabela 1).

Quando avaliados em CGZ, a correlação entre NLB e SD se mostrou a mais forte ($r = -0,42$) em relação à estimada em ITA ($r = -0,01$). O resultado observado em CGZ indica que com maior precocidade a severidade de NLB tende a ser maior. O resultado já era esperado, pois geralmente as doenças se iniciam em estádios mais avançados de desenvolvimento da planta e se agravam na senescência. Portanto, não é um indicativo de que sejam mais susceptíveis já que estão sendo avaliados em estádios de desenvolvimento diferentes. Porém, é um indicativo de que a covariável SD é importante na melhoria deste tipo de análise.

Esta correlação negativa é corroborada pelos estudos de Poland et al. (2011), que obteve uma correlação superior entre SD e NLB ($r = -0,59$) enquanto Balint-Kurt et al. (2010) observaram correlações baixas, em todos os ambientes avaliados, porém com o mesmo sinal negativo.

A correlação entre EY e SD foi de $-0,52$ em ITA, superior aos $-0,35$ observados em CGZ (Tabela 1). Os sinais negativos das correlações entre EY e SD indicam maior produtividade em genótipos mais precoces e vai na mesma direção dos resultados obtidos por Sesay et al. (2017) e Musimwa e Derera (2017).

Embora as plantas mais precoces possuam menos folhas e conseqüentemente menor habilidade em produzir fotoassimilados (Colasanti e Muszynski, 2009), a correlação entre precocidade e rendimento pode estar relacionada aos híbridos simples avaliados, uma vez que, segundo estudos, a heterose pode influenciar no aumento de rendimento, na precocidade e no aumento da estatura das plantas (Dickert e Tracy, 2002)

A correlação entre severidade de NLB e EY foi muito fraca, indicando baixa influência do fungo na produtividade dos genótipos e um bom nível de resistência.

Tabela 1. Correlação entre características avaliadas em 30 genótipos e quatro repetições (120 observações) em dois locais, Itaocara e Campos dos Goytacazes, Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro.

	CGZ_NLB	CGZ_SD	CGZ_EY	ITA_NLB	ITA_SD
CGZ_SD	-0,42**				
CGZ_EY	0,19*	-0,35**			
ITA_NLB	0,09	0,06	-0,2		
ITA_SD	-0,48**	0,54**	-0,35**	-0,01	
ITA_EY	0,36**	-0,43**	0,55**	-0,10-	-0,52**

CGZ – Campos dos Goytacazes; ITA – Itaocara; NLB – Northern Leaf Blight; SD – Dias para o Florescimento; EY – Rendimento de espiga sem palha; *significância <0.05; **significância <0.01 com base no teste t.

3.3.4.2. Parâmetros estatísticos-genéticos

Os coeficientes de variação (CV) foram relativamente baixos nas avaliações de severidade de NLB, com 8,24 % em CGZ, 3,94 % em ITA e 6,27 % na análise conjunta (Tabela 5). Na variável EY o CV foi mais elevado com 14.26 % em CGZ, 20.05 em ITA e 17.60 % na análise conjunta. Embora o CV de EY tenha sido elevado, trata-se de um valor condizente com a característica avaliada em trabalho anterior que utilizou genótipos de milho doce de mesma origem e análise baseada em modelos mistos (Entringer et al., 2016).

As médias baseadas nas predições (médias de SC e Populações) e estimativas (tratamentos) apontam influência do ambiente na severidade de NLB dos genótipos, com os genótipos de base ampla (populações) apresentando menor severidade em CGZ e os SC menor severidade dos em ITA. Em ITA, porém, a testemunha Tropical Plus (TP) foi mais resistente ao fungo em relação aos híbridos simples (Tabela 2).

Em relação a EY, os genótipos pertencentes ao grupo SC apresentaram maior média na análise conjunta, embora, em CGZ, a média dos SC tenha sido inferior à testemunha TP. As médias próximas ou até superiores às testemunhas, é um indicativo de presença de genótipos superiores e inferiores dentro de cada grupo e potencial para seleção.

A acurácia seletiva (Tabela 2) se mostrou elevada em todas as análises, sendo todas as estimativas superiores a 0,86, o que indica boa possibilidade de seleção de genótipo superior.

Tabela 2. Parâmetros genéticos estimados em 30 genótipos e dois locais, Itaocara e Campos dos Goytacazes, Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro.

Parâmetros		Northern Leaf Blight			Rendimento de Espiga (t.ha ⁻¹)		
		CGZ	ITA	Conjunta	CGZ	ITA	Conjunta
Genótipos	média	1,79	1,624	1,707	10,28	11,256	10,76
	Vg	0,03	1,41E-08	1,61E-07	4,159	9,817	5,2883
	rgg	0,94	0,86	0,93	0,95	0,95	0,97
Híbridos simples	média	1,868	1,584	1,687	10,93	12,743	11,89
	Vg	0,048	0,005	2,02E-08	6,086	16,121	9,876
	rgg	0,96	0,94	0,93	0,96	0,97	0,98
Populações	média	1,632	1,802	1,695	9,07	8,772	8,82
	Vg	5,06E-07	3,26E-08	1,41E-08	5,0457	22,956	12,542
	rgg	0,86	0,86	0,93	0,96	0,98	0,98
UENF 506 11 (média)		1,76	1,98	1,86	9,62	10,01	9,84
Tropical Plus (média)		2,46	1,51	2,01	11,24	10,31	10,83
CV (%)		8,24	3,94	6,27	14,264	20,055	17,609
DMS (t-teste _{0,05})		0,15	0,07	0,08	0,63	0,93	0,56

Vg – variância genética; rgg – acurácia seletiva; CV – Coeficiente de variação; CGZ – Campos dos Goytacazes; ITA – Itaocara; Joint – Análise conjunta; DMS – Diferença Mínima Significativa.

Houve uma forte variação entre a variância genética estimada nos diferentes ambientes. Esta diferença pode ser explicada pela expressão do fenótipo em ambientes distintos e a presença de GxE. Na Tabela 3, a presença de interação GxE é apresentada como significativa em ambas as variáveis NLB e EY.

Na análise de deviance (para os efeitos aleatórios) e de Wald (para os efeitos fixos), foram significativos para severidade de NLB os efeitos de: Bloco, Local, Medida, Medida x Genótipo, Medida x Local, Genótipo, Genótipo x Local, Linhagem x Local, Controle x Local e Interclasses x Local. Enquanto para EY, os efeitos significativos foram: Local, Genótipos, Híbrido-simples, População, Interclasses, Genótipo x Local, Híbrido-simples x Local e Interclasse x Local (Tabela 3).

Tabela 3. Teste da Razão de Verossimilhança (dos efeitos aleatórios) e teste de Wald (efeitos fixos) para os efeitos principais e desdobramentos da análise conjunta de dois locais e 30 tratamentos (27 de milho superdoce e 3 de milho comum), pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita.

Fonte de Variação	DF	Deviance/Wald	
		NLB	EY
Florescimento (covariável)	1	17.7 ***	-
Bloco (Local) (F)	6	29.347 **	6.3474
Local (Loc) (F)	1	2033.19 ***	16.2404 ***
Medidas (F)	2	591.61 ***	-
Medidas x Genótipo (F)	58	175.077 ***	-
Medidas x Local (F)	2	21.059 **	-
Medida x Tratamento x Loc (F)	58	48.282	-
Genótipo (F)	29	71.087 **	414.202 ***
Híbridos simples (R)	17	6.897e-06	13.0364 ***
Linha (R)	5	0.36492	0.02504
Testador (R)	2	-1.373e-05	3.10967
Linha x Testador (R)	10	-1.690e-06	0.53397
População (R)	9	-8.398e-07	9.48073 **
Controle (F)	1	18.100	0.79223
Interclasses (F)	2	5.1775	68.6885 ***
Genótipo x Loc (F)	29	21.059 **	83.0292 ***
Híbridos x Loc (R)	17	-3.826e-06	3.97523 *
Linha x Loc (R)	5	4.01639 *	0.10526
Testador x Loc (R)	2	-8.782e-06	0.41697
Linha x Testador x Loc (R)	10	-4.375e-07	1.49427
População x Loc (R)	9	-1.973e-06	1.42928
Controle x Loc (R)	1	6.342 *	0.89119
Interclasses x Local (F)	2	12.357 **	9.56867 **
Variância do erro		0.0361	3.5991
Resíduo das medidas		0.0473	-

(R) – Efeito aleatório; (F) – Efeito fixo; GL- Graus de liberdade; * - significância < 0.05; ** - significância < 0.01; *** - significância < 0.001.

Embora a Tabela 3 tenha indicado a não diferença de severidade entre as classes de genótipos, considerando o valor médio entre as medições na análise conjunta, de acordo com as Figuras 1 e 2, referente a curva de progresso da doença

para cada classe de genótipo, e com base nas médias dos valores preditos (Híbrido-simples e População) e estimados (Controle), há uma separação entre as curvas e entre os desvios padrões de cada medição. Além disso, o efeito de interação Interclasse x Local é um indicativo dessa diferença entre os grupos de genótipos dentro dos ambientes.

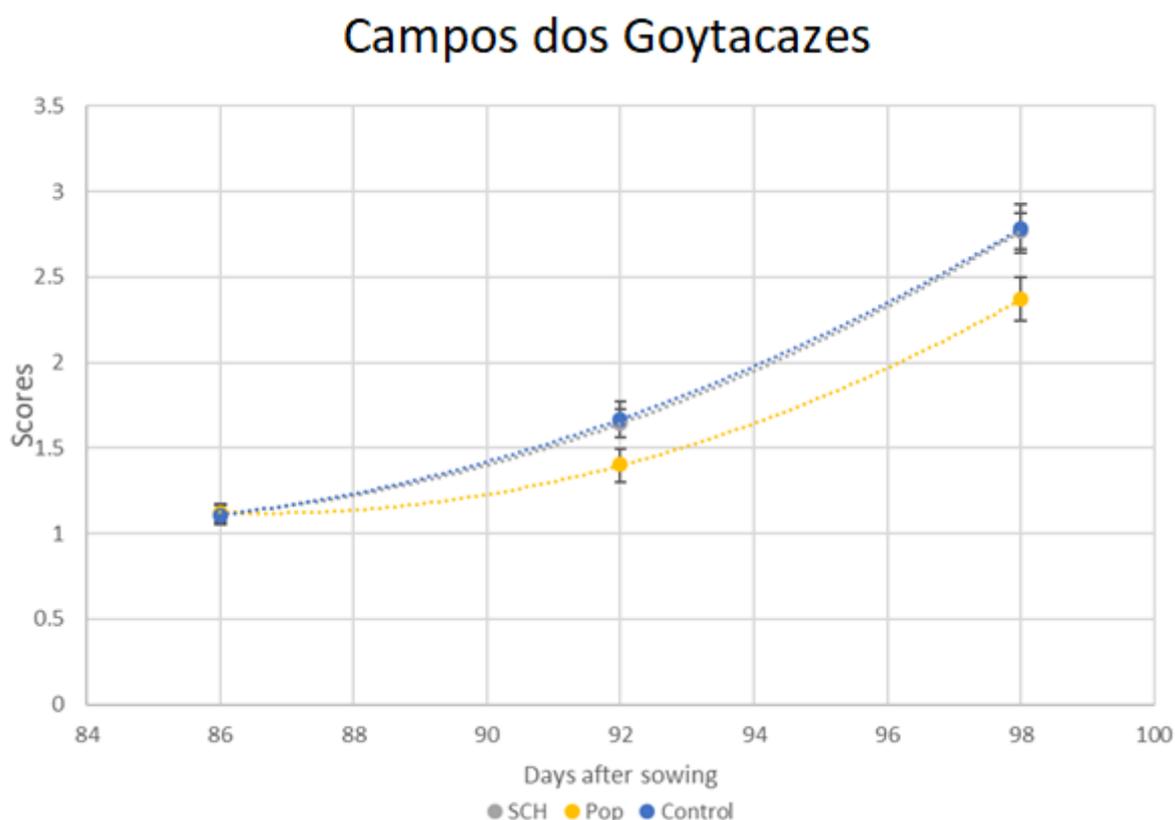


Figura 1. Curva do progresso da doença de três grupos de genótipos: Híbridos Simples (SCH); Populações (Pop) e Controle (Control), avaliados em Campos dos Goytacazes, Norte do estado do Rio de Janeiro.

Na Figura 1, em que são apresentadas as curvas do progresso da doença NLB dos três grupos de genótipos em CGZ, os genótipos de base ampla (populações) se separam, em média, dos demais genótipos a partir da segunda avaliação de doença, apresentando uma severidade inferior ao final das avaliações. Vale destacar que de acordo com Pataky (1992), a influência da severidade de NLB na produtividade está mais associada ao início precoce do seu surgimento. Já na Figura 2, em ITA, os SC apresentam uma curva abaixo dos outros dois grupos, se

diferenciando, porém, apenas na segunda avaliação. Tal diferença de médias se deve a Interação Interclasse x Local significativa apresentada na Tabela 3.

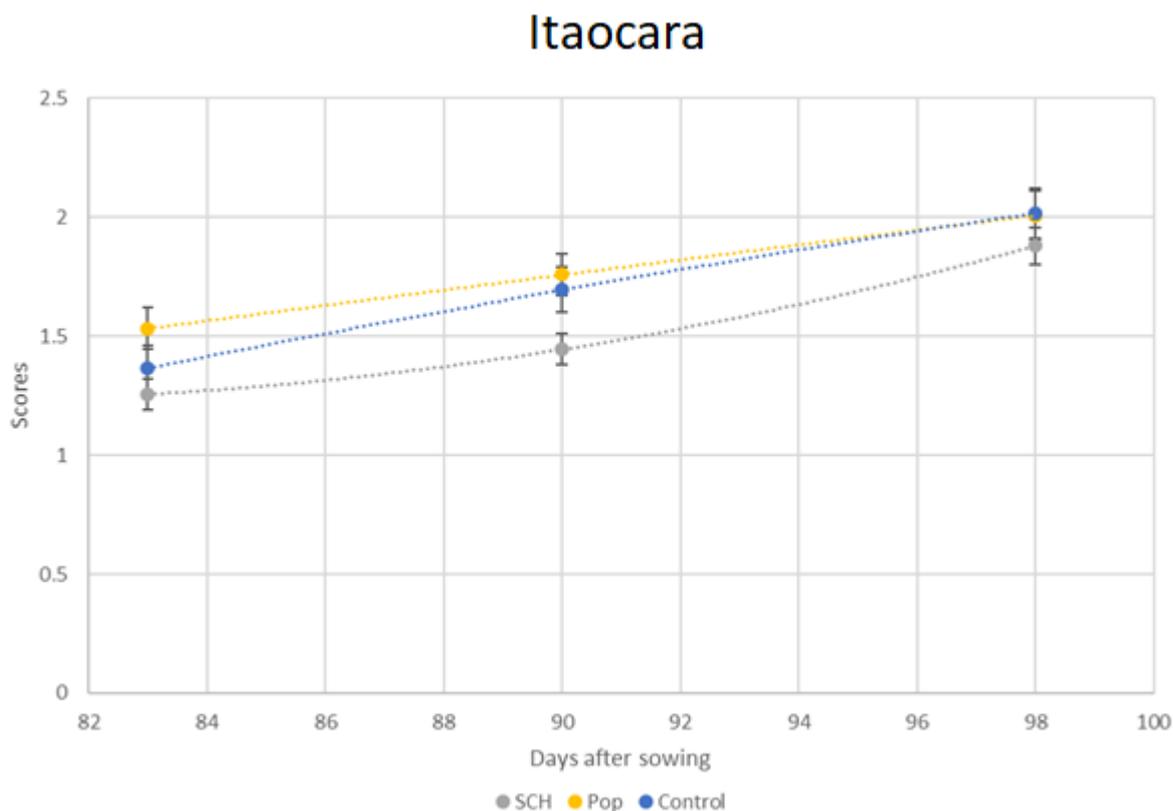


Figura 2. Curva do progresso da doença de três grupos de genótipos: Híbridos Simples (SCH); Populações (Pop) e Controle (Control), avaliados em Itaocara, Noroeste do estado do Rio de Janeiro.

A Figura 3 apresenta as médias individuais de NLB e EY estimadas, separadas por grupos de tratamentos. Em consonância com a Tabela 1, os resultados não sugerem qualquer correlação entre severidade de NLB e EY nos genótipos avaliados. Por outro lado, de acordo com as médias da análise conjunta, há uma relação entre a origem das linhagens que resultaram nos cruzamentos, e o nível de severidade a NBL.

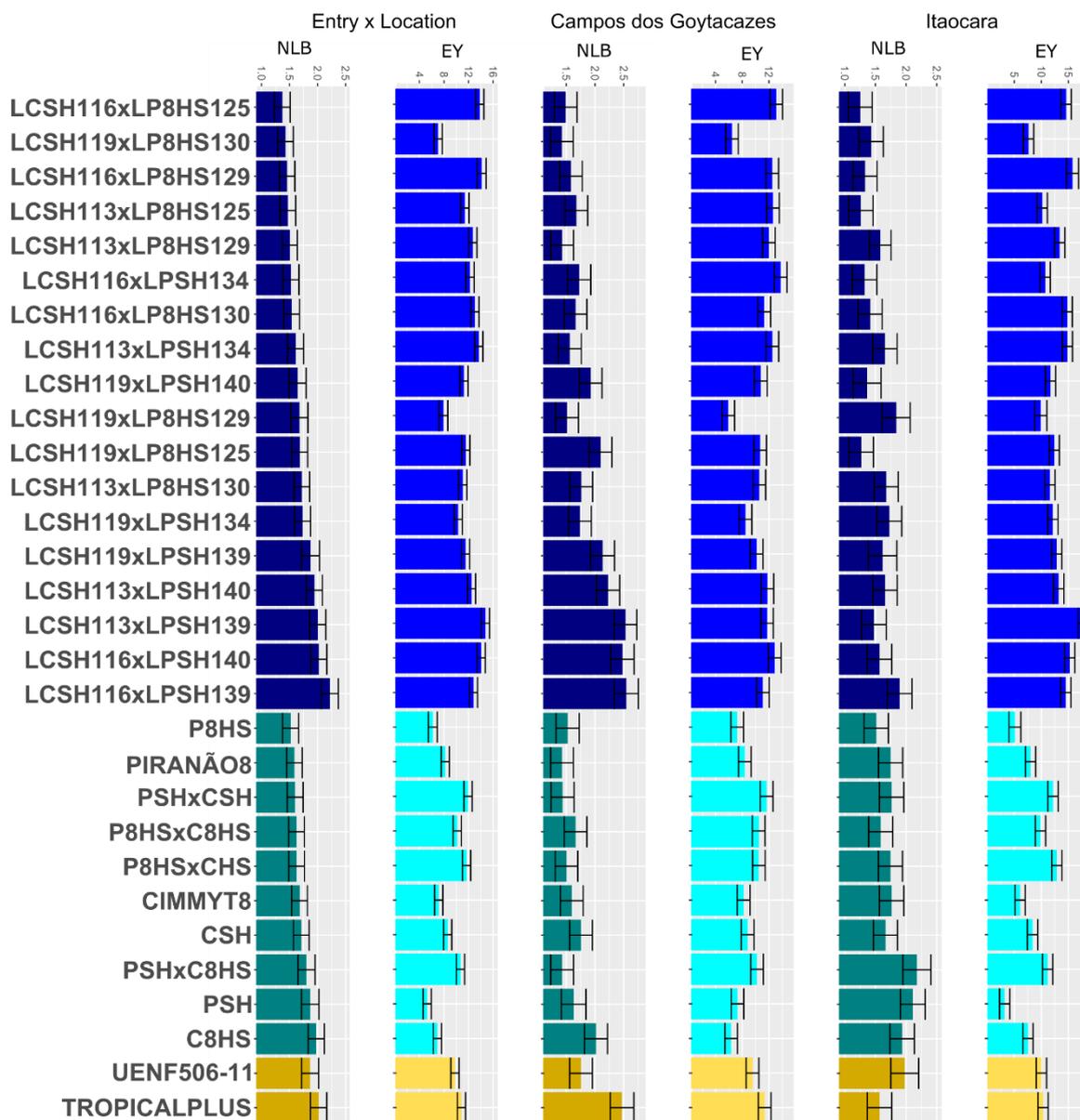


Figura 3. Melhor Estimador Linear não Viesado (BLUE) de Northern Leaf Blight (NLB) e Rendimento de espiga (EY) de 27 genótipos de milho superdoce e três genótipos de milho comum. As cores foram utilizadas para diferenciar os híbridos simples, populações e controles, e as barras horizontais representam as médias de cada genótipo com o desvio padrão. As médias por ambiente e da análise conjunta (Entry x Location) são apresentadas a cada duas colunas, de NLB e EY.

Os resultados sugerem que a população P8HS e os cruzamentos com linhagens derivadas dela (LP8HS125; LP8HS130; LP8HS129) apresentaram menor severidade de NLB em relação a população PSH e os cruzamentos com linhagens derivadas a partir da mesma (LPSH134; LPSH139; LPSH140). Estes resultados indicam que mesmo após cinco ciclos de retrocruzamento, existe um efeito das populações doadoras do gene *sh2* nos genótipos recorrentes, suficiente

para se diferenciarem entre si a respeito da resistência a NLB. No caso das populações de milho superdoce derivadas da população Piranão8, o background do doador se expressou no nível de severidade à doença NLB na análise conjunta e no ambiente de Itaocara. Nesse caso, a população PSH se mostrou mais susceptível.

A respeito das populações de milho doce derivadas da população CIMMYT8, a população retrocruzada com a população doadora SH2, denominada CSH, apresentou maior média para EY em CGZ e na análise conjunta.

O efeito da introdução do gene mutante não interferiu na severidade de NLB quando comparado o nível de severidade das populações originais de milho comum, com as populações quase isogênicos retrocruzadas e portadoras do gene *sh2* em homozigose recessiva. Isso indica que a presença do gene mutante não interfere na suscetibilidade à NLB.

3.3.5. CONCLUSÕES

Assim como a população P8HS apresenta menor severidade em relação às demais populações e híbridos interpopulacionais testados, os cruzamentos com as linhagens derivadas desta população apresentam igualmente menor severidade a NLB.

Os híbridos simples apresentaram maior rendimento de espiga em relação aos demais na análise conjunta, com muitos genótipos apresentando médias superiores às testemunhas.

Há uma forte influência dos ambientes sobre a expressão dos genótipos, que contribui na interação genótipo x ambiente e interclasse x ambiente, tanto para severidade de NLB quanto para EY.

A não diferença de severidade de NLB entre genótipos quase isogênicos (com e sem o gene mutante *sh2*), sugere que não há influência do gene mutante na severidade desta doença.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICA

- ABCSEM – Associação Brasileira do Comércio de Sementes e Mudas. 2º Levantamento de Dados Socioeconômicos da Cadeia Produtiva de Hortaliças no Brasil (Ano base 2012), 2014. Disponível em: http://www.abcsem.com.br/imagens_noticias/Apresenta%C3%A7%C3%A3o%20completa%20dos%20dados%20da%20cadeia%20produtiva%20de%20hortali%C3%A7as%20-%2029MAIO2014.pdf. Acessado em: junho de 2019.
- AGROCERES (1996) *Guia Agrocere de sanidade*. 2. ed. São Paulo: Sementes Agrocere S/A, 72 p.
- Amaral Júnior, A.T., Dos Santos, A., Gerhardt, I.F.S., Kurosawa, R.N.F., Moreira, N.F., Pereira, M.G., Gravina, G., Silva, F.H. (2016) Proposal of a super trait for the optimum selection of popcorn progenies based on path analysis. *Genetics and Molecular Research*, 15:1-9,
- Azanza, F., Juvik, J.A., Klein, B.P. (1994) Relationships between sensory quality attributes and kernel chemical composition of fresh-frozen sweet corn. *Journal of Food Quality*, 17:159-172.
- Balint-Kurti, P.J., Yang, J., Van Esbroeck, G., Jung, J., Smith, M.E. (2010) Use of a maize advanced intercross line for mapping of QTL for northern leaf blight resistance and multiple disease resistance. *Crop Sci* 50:458-466.

- Barbosa, M. H., Carvalho, I. R., Szarecki, V. J., Conte, G. G., de Pelegrin, A. J., Ferrari, M., da Maia, L. C. (2019). Path analysis and canonical variables of intervarietal maize hybrids. *Plant Omics Journal*. 12:18.
- Baretta, D., Nardino, M., Carvalho, I. R., Danielowski, R., de Souza Luche, H., de Oliveira, V. F., da Maia, L. C. (2016). Characterization of dissimilarity among varieties in Brazilian maize germplasm. *Australian Journal of Crop Science*, 11:1601.
- Belicuas, S.N.J., Guamarães, L.J.M. (2010) *Avaliação molecular da macho-esterilidade citoplasmática em milho*. Jornal Eletrônico da Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas-MG. 19 p.
- Berilli, A.P.C.G., Pereira, M.G., Gonçalves, L.S.A., da Cunha, K.S., Ramos, H.C.C., Souza Filho, G.A., do Amaral, A.T. (2011) Use of molecular markers in reciprocal recurrent selection of maize increases heterosis effects. *Genetics and Molecular Research*, 10:2589–2596.
- Borchardt, D.S., Welz, H.G., Geiger, H.H. (1998) Genetic structure of *Setosphaeria turcica* populations in tropical and temperate climates. *Phytopathology*, 88:322-329.
- Bowers, J.H., Locke, J.C. (2004) Effect of formulated plant extracts and oils on population density of *Phytophthora nicotianae* in soil and control of Phytophthora blight in the greenhouse. *Plant Dis*, 88:11-16.
- Brito, A.H., Von Pinho, R.G., Pereira, J.L.D.A.R., Balestre, M. (2013) Chemical control of gray leaf spot, white spot and rot grain in maize. *Rev Ceres*, 60:629-635.
- Cabral, P.D.S., Amaral Júnior, A.T., Freitas, I.L.J., Ribeiro, R.M., Silva, T.R.C. (2016) Relação causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. *Rev. Cienc. Agron.* 47:108-117.
- Camargos, R. B., Von Pinho, R. G., Balestre, M., Ferreira, R. A. D. C., Dias, K. O. G., Pires, L. P. M., Souza, V. F. (2017). Efficiency of selection per se and in single-cross hybrids for disease resistance in maize. *Genetics and Molecular Research*, 16.

- Camilo, J.D.S., Barbieri, V.H.B., Rangel, R.M., Bonnas, D.S., Luz, J.M.Q., De Oliveira, R.C. (2015) Aceitação sensorial de híbridos de milho doce e híbridos de milho verde em intervalos de colheita. *Revista Ceres*, 62:1-8.
- Camilo, J.S., Barbieri, V.H.B., Rangel, R.M., Bonnas, D.S., Luz, J.M.Q., de Oliveira, R.C. (2015) Aceitação sensorial de híbridos de milho doce e híbridos de milho verde em intervalos de colheita. *Revista Ceres*, 62:1–8.
- Camussi, A., Ottaviano, E., Calinski, T., Kaczmarek, Z. (1985) Genetic distances based on quantitative traits. *Genetics*, 11: 945-62.
- Carson, M.L. (1995) A new gene in maize conferring the "chlorotic halo" reaction to infection by *Exserohilum turcicum*. *Plant Dis* 79:717-720.
- Cassman, K.G., Dobermann, A., Walters, D.T., Yang, H. (2003) Meeting cereal demand while protecting natural resources and improving environmental quality. *Annual Review of Environment and Resources*, 28:315–358.
- CEASA-RJ – Centrais de Abastecimento do estado do Rio de Janeiro S. A. Informativo de Mercado Anual 2015. Secretaria de Estado de Desenvolvimento Regional, Abastecimento e Pesca. Disponível em: http://www.ceasa.rj.gov.br/ceasa_portal/view/InformativoAnual2015.pdf. Acessado em: julho de 2019.
- Colasanti, J., Muszynski, M. (2009) The Maize Floral Transition. In: Bennetzen JL, Hake SC (Eds). *Handbook of Maize: Its Biology*, 1rd edn. Springer, New York, p. 41-55.
- Colombo, G.A., Vaz-De-Melo, A., Taubinger, M., Tavares, R.D.C., Silva, R.R.D. (2014) Diallel analysis for resistance to southern rust in corn at different levels of phosphorus fertilization. *Bragantia* 73:65-71.
- Cooke, B.M., Jones, D.G., Kaye, B. (Eds.) (2006) The epidemiology of plant diseases, 2rd edn. Dordrecht, The Netherlands: Springer, 568 p.
- Crevelari, J. A., Durães, N. N. L., Bendia, L. C. R., Vettorazzi, J. C. F., Entringer, G. C., Ferreira Júnior, J. A., Pereira, M. G. (2018) Correlations between agronomic

traits and path analysis for silage production in maize hybrids. *Bragantia*, 77:1-10.

Crevelari, J.A., Durães, N.N.L., Santos, P.R., Azevedo, F.H.V., Bendia, L.C.R., Preisigke, S.C., Gonçalves, G.M.B., Ferreira Junior, J.A., Pereira, M.G. (2019) Correlation for morphoagronomic and bromatological traits in silage corn genotypes. *Bragantia*, 77:1.

Cruz, C.D. (2013) Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35:271-276.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*, Viçosa: Editora da UFV, 668 p.

Davis, C.S. (2002) *Statistical Methods for the Analysis of Repeated Measurements*. Springer-Verlag, New York, 416 p.

Davis, C.S. (2002) *Statistical methods for the analysis of repeated measurement*. Springer-Verlag: New York, Inc, 442 p.

De Rossi, R.L., Reis, E.M., Brustolin, R. (2015) Conidial morphology and pathogenicity of *Exserohilum turcicum* isolates of corn from Argentina and Brazil. *Summa Phytopathol. Botucatu* 41:58-63.

DeChant, C., Wiesner-Hanks, T., Chen, S., Stewart, E.L., Yosinski, J., Gore, M.A., Nelson, R.J., Lipson, H. (2017) Automated identification of northern leaf blight-infected maize plants from field imagery using deep learning. *Phytopathology* 107:1426-1432.

Dhoot, M., Dubey, R.B., Ameta, K.D., Dhoot, R., Kumar, R., Badaya, V.K. (2017). Estimation of Heterosis for Grain Yield and Architectural Traits in Yellow Seeded Maize (*Zea mays* L.). *Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci*, 6:4536-4542.

Dickert, T.E., Tracy, W.F. (2002) Heterosis for flowering time and agronomic traits among early open-pollinated sweet corn cultivars. *J Am Soc Hortic Sci* 127:793-797.

Duane, F., Alwin, R., Hauser, M. (1975) The Decomposition of Effects in Path Analysis. *American Sociological Review*, 1:37-47

- Durães, N.N.L., Crevelari, J.A., Vettorazzi, J.C.F., Junior, J.A.F., Santana, F. de A., Pereira, M.G. (2017). Combining ability for traits associated with yield and quality in super sweet corn (*Zea mays* L. *saccharata*). *Australian Journal of Crop Science*, 11:1188–1194.
- Duvick, D.N. (2005). Genetic progress in yield of United States maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, 50:193–202.
- Entringer, G.C., Santos, P.H.A.D., Vettorazzi, J.C.F., Cunha, K.S., Pereira, M. G. (2014) Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. *Revista Ceres*, 61:356-361.
- Entringer, G.C., Vettorazzi, J.C.F., Santos, E.A., Pereira, M.G., Viana, A.P. (2016) Genetic gain estimates and selection of S1 progenies based on selection indices and REML/BLUP in super sweet corn. *Aust J Crop Sci* 10:411-417.
- Everitt, B. S., Dunn, G. (2001) *Applied Multivariate Data Analysis*. London: Edward Arnold, 2^o ed. 354p.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. 1996. *Introduction to quantitative genetics*. 4th edn., Longman Group Ltd., Edinburgh, UK, 464 p.
- FAO – Food and Agriculture Organization of the United Nations. Statistics Division (FAOSTAT), 2016. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/TP>. Acessado em: julho de 2019.
- Ferguson, L.M., Carson, M.L. (2004) Spatial diversity of *Setosphaeria turcica* sampled from the eastern United States. *Phytopathology* 94:892-900.
- 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.
- Fisher, R.A. (1936) The use of multiple measurements in taxonomic problems. *Annals of eugenics*, 7:179-188.
- Ganesan, K. N., Kumara, B. S., Senthil, N., Kavithamani, D. (2017). Influence of quality traits on green cob yield in hybrids of sweet corn (*Zea mays* L. *saccharata*). *Electronic Journal of Plant Breeding*, 8:385-389.

- Gilmour, A.R., Gogel, B.J., Cullis, B.R., Welham, S., Thompson, R. (2015) *ASReml user guide release 4.1 structural specification*. Hemel Hempstead: VSN International Ltd. <https://asreml.kb.vsnr.co.uk/wp-content/uploads/sites/3/2018/02/ASReml-4.1-Functional-Specification.pdf>. Accessed 30 April 2019.
- Giraud, H., Bauland, C., Falque, M., Madur, D., Combes, V., Jamin, P., Moreau, L. (2017). Reciprocal genetics: Identifying QTL for general and specific combining abilities in hybrids between multiparental populations from two maize (*Zea mays* L.) heterotic groups. *Genetics*, 207:1167–1180.
- Goldman, I.L., Tracy, W.F. (1994) Kernel Protein Concentration in sugary-1 and shrunken-2 Sweet Corn. *Hort Science*, 29:209-210.
- Gonçalves, G.M.B., Pereira, M.G., Ferreira Junior, J.A., Schwantes, I.A., Durães, N.N.L., Crevelari, J.A., Amara Júnior, A.T. (2018) Development and selection of super-sweet corn genotypes (sh2) through multivariate approaches. *Bragantia*, 77:536-545.
- Guan, Y.J., Hu, J., Wang, K.F., Zhu, S.J., Wang, J.C., Knapp, A. (2013) Time series regression analysis between changes in kernel size and seed vigor during developmental satage of *sh2* sweet corn (*Zea mays* L.) seeds. *Scientia Horticulturae*, 154:25-30.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.B. (2010), *Quantitative Genetics in Maize Breeding*, New York: Springer, 663 p.
- Harrell Jr., F.E. (2019) *Package 'Hmisc'*. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/Hmisc/Hmisc.pdf>. Acessado em julho de 2019.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2016) Pesquisa industrial anual 2016. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/estatisticas-novoportal/economicas/industria/9044-pesquisa-industrial-anual-produto.html?=&t=resultados>>. Acessado em Julho de 2019
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2018) *Censo agropecuário 2017: número de estabelecimentos agropecuários e quantidade produzida, por produtos da horticultura*. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/estatisticas->

novoportaleconomicas/agricultura-e-pecuaria/21814-2017-censo-agropecuario.html?=&t=resultados>. Acessado em: julho de 2019.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2016). *Levantamento Sistemático da Produção Agrícola: Pesquisa mensal de previsão e acompanhamento das safras agrícolas no ano civil*. IBGE, Rio de Janeiro, 29:1-78.

Ilker, E. (2011). Correlation and path coefficient analyses in sweet corn. *Turkish Journal of Field Crops*, 16:105–107.

Isik, F., Holland, J., Maltecca, C. (2017) *Genetic Data Analysis for Plant and Animal Breeding*. Springer Nature. 409 p.

Islam, M.A., Chowdhury, R.I. (2017) *Analysis of Repeated Measures Data*. Springer Nature: Singapore. 257 p.

Kashiani, P., Saleh, G. (2010). Estimation of genetic correlations on sweet corn inbred lines using SAS mixed model. *American Journal of Agricultural and Biological Science*, 5:309-314.

Khazaei, F., Alikhani, M. A., Yari, L., Khandan, A. (2010). Study the correlation, regression and path coefficient analysis in sweet corn (*Zea mays var. saccharata*) under different levels of plant density and nitrogen rate. *Journal of Agricultural and Biological Science*, 5:14-19.

Kimati, H., Amorim, L., Bergamin Filho, A., Camargo, L.E.A., Rezende, J.A.M. (2005) *Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas*, 2rd edn, Agronômica Ceres, 810 p.

Kirkpatrick, M., Hill, W.G. Thompson, R. (1994) Estimating the covariance of traits during growth and ageing, illustrated with lactation in dairy cattle. *Genetics Research*, 64:57–69.

Kist, V., Ogliari, J.B., Alves A.C., Miranda Filho, J.B. (2010) Genetic potential analysis of a maize population from Southern Brazil by modified convergent-divergent selection scheme. *Euphytica*, 176:25-36.

- Kleinpaul, J., Burin, C., Alves, B., Toebe, M., Facco, G., Santos, G. (2014) Correlação genotípica e análise de trilha em cultivares de milho de ciclo precoce. *Revista da Estatística da Universidade Federal de Ouro Preto*, 3:304-308.
- Larièpe, A., Mangin, B., Jasson, S., Combes, V., Dumas, F., Jamin, P., Moreau, L. (2012). The genetic basis of heterosis: Multiparental quantitative trait loci mapping reveals contrasted levels of apparent overdominance among traits of agronomical interest in maize (*Zea mays* L.). *Genetics*, 190:795–811.
- Levy, Y., Cohen, Y. (1984) A negative association between leaf sugar content and the development of northern leaf blight lesions in sweet corn. *Physiol Plant Pathol*, 24:247-252.
- Li, Z., Coffey, L., Garfin, J., Miller, N.D., White, M. R., Spalding, E. P., Hirsch, C. N. (2018) Genotype-by-environment interactions affecting heterosis in maize. *PloS one*, 13:e0191321.
- Lorentz, L.H., Fortes, F.O., Lúcio, A.D. (2006). Análise de trilha entre as variáveis das análises de sementes de espécies florestais exóticas do Rio Grande do Sul. *Revista Árvore*, 30:567-574.
- Mabalanobis, P.C. (1928) A statistical study of the Chinese head, *Man in India*, 8:107-122.
- Mabalanobis, P.C. (1930) On tests and measures of group divergence, *Journal of the Asiatic Society of Bengal*, 26:541-588.
- Mabalanobis, P.C. (1936) On the generalised distance in statistics, *Proceedings of the National Institute of Sciences of India*, 2:49-55.
- MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. *Registro Nacional de Cultivares*. Cultivarweb: gerenciamento de informações. Disponível em: http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php. Acessado em: junho de 2019.

- McMillian, W.W., Widstrom, N.W., Wilson, D.M. (1987) Impact of husk type and species of infesting insects on aflatoxin contamination in preharvest corn at TIFTON Georgia. *Journal of Entomological Science*, 22:307–310.
- Medeiros, P.G.A. (1995) Distância de Mahalanobis para Misturas de Variáveis Categóricas e Contínuas; Aplicação na Análise de Agrupamento. Tese (Mestrado em Estatística) – Universidade Estadual de Campinas, 172 p.
- Mezmouk, S., Ross-Ibarra, J. (2014) The Pattern and Distribution of Deleterious Mutations in Maize. *G3*, 4:163–171.
- Montardo, D.P., Dall’Agnol, M., Crusius, A.F., Paim, N. (2003) Path analysis for seed production in red clover (*Trifolium pratense* L.). *Revista Brasileira de Zootecnia*, 32:1076–1082.
- Mrode, R.A. (2014) *Linear models for the prediction of animal breeding values*. Cabi, 344 p.
- Mueller, D.S., Wise, K.A., Sisson, A.J., Allen, T.W., Bergstrom, G.C., Bosley, D.B., Bradley, C.A., Broders, K.D., Byamukama, E., Chilvers, M.I., Collins, A., Faske, T.R., Friskop, A.J., Heiniger, R.W., Hollier, C.A., Hooker, D.C., Isakeit, T., Jackson-Ziems, T.A., Jardine, D.J., Kelly, H.M., Kinzer, K., Koenning, S.R., Malvick, D.K., McMullen, M., Meyer, R.F., Paul, P.A., Robertson, A.E., Roth, G.W., Smith, D.L., Tande, C.A., Tenuta, A.U., Vincelli, P., Warner, F. (2016) Corn yield loss estimates due to diseases in the United States and Ontario, Canada from 2012 to 2015. *Plant Health Prog*, 17:211-222.
- Musimwa, T.R., Derera, J. (2017) Why SR52 is such a great maize hybrid? II. Heritability, correlation and path-coefficient analyses. *Euphytica*, 213:62.
- Nihei, T.H., Ferreira, J.M. (2012) Análise dialélica de linhagens de milho com ênfase na resistência a doenças foliares. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47:369-377
- Nogueira, A.P.O., Sedyama, T., Sousa, L.B., Hamawaki, O.T., Cruz, C.D., Pereira, D.G., Matsuo, E. (2012) Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. *Bioscience Journal*, 28:877- 888.

- Okumura, R.S., Mariano, D.C., Franco, A.A.N., Zaccheo, P.V.C., Zorzenoni, T.O. (2013) Sweet corn: Genetic aspects, agronomic and nutritional traits. *Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada Nas Ciências Agrárias*, 6:105–114.
- Oliboni, R., Faria, M.V., Neumann, M., Resende, J.T.V., Battistelli, G.M., Tegoni, R.G., Oliboni, D.F. (2013) Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. *Semina: Ciências Agrárias*, 34:7-18.
- Oliveira Júnior, L.F.G., Eliza, R., Pereira, M.G., Chiquieri, T.B., Bressan-Smith, R. (2006) Seleção de genótipos de milho mais promissores para o consumo in natura. *Revista da Sociedade Brasileira de Ciência e Tecnologia de Alimentos*, 26:159-166.
- Olivoto, T., Nardino, M., Carvalho, I. R., Follmann, D. N., Ferrari, M., Szareski, V. J., de Souza, V. Q. (2017) REML/BLUP and sequential path analysis in estimating genotypic values and interrelationships among simple maize grain yield-related traits. *Genetics and Molecular Research*, 16:1–19.
- Parentoni, S.N., Gama, E.E.G., Magnavaca, R., Reifschneider, F.J.B., Boas, G.L.V. (1990) Milho doce. *Informe Agropecuário*, 14:17- 22.
- Pataky, J.K. (1992) Relationships between yield of sweet corn and northern leaf blight caused by *Exserohilum turcicum*. *Phytopathology* 82:370-375.
- Pavlov, J., Delic, N., Markovic, K., Crevar, M., Camdzija, Z., Stevanovic, M. (2015) Path analysis for morphological traits in maize (*Zea mays* L.). *Genetika*, 47:295–301.
- Pearson, K. (1896) “Mathematical contributions to the theory of evolution. –III. Regression, heredity and panmixia,” *Philos. Trans. Royal Soc. London, Ser. A*, 187:253–318.
- Pereira Filho, I.A., Cruz, J.C., Costa R.V. (2013) Milho doce. In:Cruz J.C. (Ed.) *Cultivo do Milho*, Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica; Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 79 p.

- Pereira Filho, I.A., Cruz, J.C. (2002) *Cultivares de milho para o consumo verde*. Circular Técnica, n.15. Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, p.1-7, Jan.
- Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. (2001) Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop breeding and Applied biotechnology*, 1:3-10.
- Pereira, M.G., Berilli, A.P.C.G., Trindade, R.S., Entringer, G.C., Santos, P.H.A.D., Vettorazzi, J.C.F., Cunha, K.S. (2019b) UENF 506-11: a new maize cultivar for the North and Northwest of Rio de Janeiro State. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19:141-144.
- Pereira, M.P., Gonçalves, G.M.B., Durães, N.N.L., Crevelari, J.A., Ferreira Júnior, J.A., Entringer, G.C. (2019a) UENF SD 08 and UENF SD 09: Super-sweet corn hybrids for Northern Rio de Janeiro, Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19:235-239.
- Poland, J.A., Bradbury, P.J., Buckler, E.S., Nelson, R.J. (2011) Genome-wide nested association mapping of quantitative resistance to northern leaf blight in maize. *Proc Natl Acad Sci*, 201010894.
- Probst, C., Nelson, M.E., Grove, G.G., Twomey, M.C., Gent, D.H. (2016) Hop powdery mildew control through alteration of spring pruning practices. *Plant Dis* 100:1599-1605.
- Provine, W.B. (2001) *The origins of theoretical population genetics*. University of Chicago Press. 211 p.
- Ramalho, M.A.P., Santos, J.B., Pinto, C.A.B.P., Souza, E.A., Gonçalves, F.M.A., Pinto, J.C.S.B.P. (2012) *Genética na gropecuária*. 5a Edição Revisada, Lavras: UFLA, 566 p.
- Santos, P.H.A.D., Pereira, M.G., Trindade, R.D.S., Cunha, K.S.D., Entringer, G.C., Vettorazzi, J.C.F. (2014) Agronomic performance of super-sweet corn genotypes in the north of Rio de Janeiro. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 14:8-14.

- SAS Institute Inc. (2018). *SAS® University Edition Quick Start Guide for Students with Visual Impairments*. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Sesay, S., Ojo, D.K., Ariyo, O.J., Meseka, S., Fayeun, L.S., Omikunle, A.O., Oyetunde, A.O. (2017) Correlation and path coefficient analysis of top-cross and three-way cross hybrid maize populations. *Afr J Agric Res* 12:780-789.
- Shull, G.H. (1909) A Pure-Line Method in Corn Breeding. *Journal of Heredity*, 5:51–58.
- Singh, D. (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, 41:237-245.
- Souza, R.S., Vidigal Filho, P.S., Scapim, C.A., Marques, O.J., Queiroz, D.C., Okumura, R.S., Reche, D.L., and Cortinove, V.B. (2013). Produtividade e qualidade do milho-doce em diferentes populações de plantas. *Semina: Ciências Agrárias*, 34:995-1010.
- Spolti, P., Shah, D.A., Fernandes, J.M.C., Bergstrom, G.C., Del Ponte, E.M. (2015) Disease risk, spatial patterns, and incidence-severity relationships of Fusarium head blight in no-till spring wheat following maize or soybean. *Plant Dis*, 99:1360-1366.
- Suhaisini, B., Ravikesavan, R., Yuvaraja, A. (2016). Genetic Variability and Correlation among Yield and Yield Contributing Traits in Sweet Corn. *Madras Agricultural Journal*, 103.
- Tembo, L., Asea, G., Gibson, P.T., Okori, P. (2016) Indirect selection for resistance to *Stenocarpella maydis* and *Fusarium graminearum* and the prospects of selecting for high-yielding and resistant maize hybrids. *Plant Breeding*, 135:446–451.
- Tolentino, R.; Branco, C. Silva, V. (2014) Conservas de minimilho (*Zea mays*, L.) orgânico: Processamento e aceitação sensorial Canned baby corn (*Zea mays*, L.) organic: Processing and sensory acceptance. *Revista Verde*, 9:271-277.

- Tosello, G.A. (1987) Milhos especiais e seu valor nutritivo. In: Paterniani, E.; Viégas, G. P. (coord.) *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. Campinas: Fundação Cargill, 650 p.
- Tracy, W.F. (2001) Sweet corn. In: Hallauer A.R. (ed) *Specialty Corn*, 2nd edn. Boca Raton, Florida, p. 155-198.
- Vencovsky, R., and BARRIGA, P. (1992). *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496 p.
- 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.
- 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*, 172:329-340.
- Wallace, J.G., Larsson, S.J., Buckler, E.S. (2014) Entering the second century of maize quantitative genetics. *Heredity*, 112:30–38.
- Wellhausen, E.J., Roberts, L.M., Hernandez, X., Mangelsdorf, P.C. (1952). *Races of maize in Mexico. Their origin, characteristics and distribution*. The Bussey Institution of Harvard University, 224 p.
- Wicklin, R. (2012) What is Mahalanobis distance. SAS: Blogs. Disponível em: <https://blogs.sas.com/content/iml/2012/02/15/what-is-mahalanobis-distance.html>. Acessado em: 22 de junho de 2019.
- Williams, M.M. (2014) Few crop traits accurately predict variables important to productivity of processing sweet corn. *Field Crops Research*, 157:20–26.
- Wright, S. (1934), The method of path coefficients, *The Annals of Mathematical Statistics*, 5:161-215.
- Zhang, Z., Lohr, L., Escalante, C. Wetzstein, M. (2009). Ethanol, corn, and soybean price relations in a volatile vehicle-fuels market. *Energies*, 2:320-339.

Zou, K.H., Tuncali, K., Silverman, S.G. (2003) Correlation and simple linear regression. *Radiology*, 227:617-628.