

**EFEITOS GÊNICOS DA RESISTÊNCIA A HELMINTOSPORIOSE-
COMUM E MAIDIS EM MILHO-PIPOCA SUBMETIDO A
CONDIÇÕES DIVERGENTES DE NITROGÊNIO NO SOLO**

RAILAN DO NASCIMENTO FERREIRA KUROSAWA

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2019**

**EFEITOS GÊNICOS DA RESISTÊNCIA A HELMINTOSPORIOSE-
COMUM E MAIDIS EM MILHO-PIPOCA SUBMETIDO A
CONDIÇÕES DIVERGENTES DE NITROGÊNIO NO SOLO**

RAILAN DO NASCIMENTO FERREIRA KUROSAWA

“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. Antônio Teixeira do Amaral Júnior

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2019

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

K96

Kurosawa, Railan do Nascimento Ferreira.

Efeitos gênicos da resistência a helmintosporiose-comum e maidis em milho-pipoca submetido a condições divergentes de nitrogênio no solo / Railan do Nascimento Ferreira Kurosawa. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

84 f.

Bibliografia: 73 - 84.

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

Orientador: Antonio Teixeira do Amaral Junior.

1. Melhoramento de Plantas. 2. Resistência Genética de Plantas a Doenças Foliaves. 3. Análise Dialélica e Estudo de Herança. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

**EFEITOS GÊNICOS DA RESISTÊNCIA A HELMINTOSPORIOSE-
COMUM E MAIDIS EM MILHO-PIPOCA SUBMETIDO A
CONDIÇÕES DIVERGENTES DE NITROGÊNIO NO SOLO**

RAILAN DO NASCIMENTO FERREIRA KUROSAWA

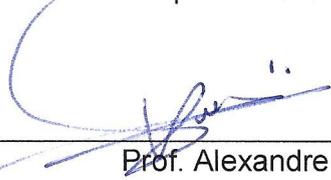
“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

Aprovada em 08 de Fevereiro de 2019.

Comissão Examinadora:



Prof^a. Monique Moreira Moulin (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
IFES



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



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



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

*Aos meus pais, minha querida mãe Edite Silva e ao meu padrasto
Antônio Carlos.*

*Às minhas irmãs e irmãos, Josiane Gomes, Josilene Gomes, Renata
Gomes, Diana Santos, Railane Santos, Raimison Santos e Daniel
Santos.*

*Aos queridos amigos, Johann Free Tadaiesky Tavares e Roberta
Letícia dos Santos Tavares e Lucimar Queiroz dos Santos.*

Ao meu orientador espiritual Pr. José Valderi do Nascimento.

Aos queridos amigos Arlem Júnior, Emerson Lima, Jaílton de Freitas

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

Ao meu filho Asaph Kurosawa, (que Deus o abençoe).

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, autor da vida.

Aos professores do Ensino Fundamental e Médio: Prof^a. Norma Gerhardt (E.M.E.F Arnaldo Manoel Fernandes); Prof^a. Suely Galvão (E.M.E.F Arnaldo Manoel Fernandes); Prof^a. Ana Cristina (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof^a. Adeisa (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof^a. Beth (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof^a. Darcilene (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof^a. Hilda (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof^a. Suzana (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof^a. Maria do Socorro (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof^a. Sandra Deprá (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof. Fernando (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof. Luís Pereira (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof. Joás (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof. Osmar (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof. Hilário (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof. Adelmo (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof. Romão (E.M.E.F. Maria da Silva Nunes); Prof. Túlio Garcia (E.E.E.M. Guilherme Gabriel); Prof. Mauro Reis (E.E.E.M. Guilherme Gabriel); Prof^a. Marcilene Dias (E.E.E.M. Guilherme Gabriel); Prof. Rafael (E.E.E.M. Guilherme Gabriel); Prof. Marcelo (E.E.E.M. Guilherme Gabriel); e Prof^a. Aparecida Luciano (E.E.E.M. Guilherme Gabriel).

Aos professores de Graduação da Universidade Federal Rural da Amazônia: Prof^a. Dr^a. Izabelle Pereira; Prof^a. Dr^a. Núbia Santos; Prof. Dr. Gustavo Ruffeil;

Prof. Dr. Allan Lobato; Prof^a. M.Sc. Leidy Santos; Prof^a. M.Sc. Alessandra Rodrigues; Prof^a. Dr^a. Barbara Quadros; Prof. Breno Colonnelli; Prof. Dr. Luis de Souza; Prof. Dr. Marcio Roberto; e Prof^a. Dr^a. Simone Sampaio.

Aos professores da Pós-graduação: Prof. Dr. Antonio Teixeira do Amaral Junior; Prof. Dr. Marcelo Vivas; Prof. Dr. Alexandre Pio Viana; Prof. Dr. Messias Pereira; Prof. Dr. Silvaldo Silveira; Prof^a. Dr^a. Telma Nair; Prof^a Dr^a. Rosana Rodrigues; Prof. Dr. Gonçalo Apolinario; Prof^a. Dr^a Valdirene Gomes; Prof. Dr. Geraldo Gravina; Prof^a. Dr^a. Helaine Ramos; e Prof. Dr. Rogério Daher.

À congregação Betel em Paragominas pelas orações.

À Assembléia de Deus Central em Campos dos Goytacazes pelo apoio espiritual.

Aos amigos João Ladislau e Daniele, pelo acolhimento.

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

À Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF na pessoa do professor Messias Gonzaga Pereira.

À toda equipe de melhoramento de milho-pipoca pela união frente aos desafios que nos foram confiados.

Aos queridos amigos Dr. Adriano Santos e Dr^a Erina Rodrigues, pelo companheirismo.

Ao orientador de campo Geraldo Carvalho, por nos ajudar desde a condução até a finalização dos experimentos.

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

Aos colegas do curso de doutorado.

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

A todos, meu muito obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	4
3.1. Implicações de estresses bióticos na agricultura	4
3.2. A disponibilidade de nitrogênio e o risco de estresse abiótico	9
3.3. Reação de plantas aos estresses bióticos e abióticos.....	11
3.4. Interações entre a disponibilidade de nitrogênio e a resistência genética de plantas aos patógenos.....	13
3.5. Análise dialélica e sua importância no melhoramento de plantas.....	16
4. MATERIAIS E MÉTODOS	19
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
5.1. Análise combinatória de acordo com o Método II de Griffing (1956)	27
5.1.1. Resistência a helmintosporiose-comum	27
5.1.2. Resistência a helmintosporiose-maidis.....	39
5.2. Análise dialélica de Hayman (1954).....	48

5.2.1. Pressuposições do modelo aditivo-dominante	48
5.2.2. Método de Hayman (1954) para resistência a helmintosporiose-comum	50
5.2.3. Método de Hayman (1954) para resistência a helmintosporiose-maidis.....	61
6. CONCLUSÕES	72
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	73

RESUMO

KUROSAWA, Railan do Nascimento Ferreira; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Fevereiro de 2019. Efeitos gênicos da resistência a helmintosporiose-comum e maidis em milho-pipoca submetido a condições divergentes de nitrogênio no solo. Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior. Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Prof. Marcelo Vivas.

A relação de dependência agricultura-agroquímicos é frequentemente associada aos temas de impactos ambientais, garantia da segurança alimentar e implicações na saúde da sociedade. Tal relação agricultura-pesticidas é fortalecida frente a poucas práticas agrícolas sustentáveis. Neste contexto, o Melhoramento Genético de Plantas mostra-se como ciência inovadora ao atenuar a dependência do uso de agroquímicos na agricultura, em específico, por intermédio do desenvolvimento de pesquisas visando resistência a doenças. No entanto, o estabelecimento de estratégias no melhoramento vegetal é somente possível mediante estudos genéticos que esclareçam o modo com que as características relacionadas com a influência das doenças são repassadas de uma geração de indivíduos para a próxima geração, sendo as análises dialélicas úteis na aquisição destas informações. Entretanto, é importante frisar que, embora a resistência às doenças seja controlada geneticamente, o ambiente exerce fortes influências sobre a reação das plantas aos patógenos. Diante disso, em programas de melhoramento, a seleção de genótipos superiores pode ser tanto mais eficiente quanto mais intrinsecamente forem considerados os fatores ambientais que influenciam a característica de interesse. Assim, através das

análises dialélicas de Griffing (1956) e Hayman (1954) objetivou-se, nesta pesquisa: i) Avaliar o potencial genético de genótipos de milho-pipoca em resposta aos danos foliares de helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis em condições contrastantes na disponibilidade de nitrogênio; ii) Averiguar o impacto de diferentes níveis de adubação nitrogenada sobre as estimativas da capacidade geral e específica de combinação em milho-pipoca; iii) Conhecer os efeitos gênicos envolvidos na resistência genética a helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis; iv) Possibilitar através da análise combinatória a seleção de genitores detentores de resistência, bem como indicar as melhores combinações híbridas para resistência a helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis e v) Conhecer a herança da resistência a helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis no estabelecimento de estratégias de melhoramento genético do milho-pipoca visando resistência genética a doenças foliares. Os resultados das análises dialélicas de Griffing (1956) demonstraram importantes influências dos ambientes estudados sobre as características mensuradas, contudo, houve prevalência de efeitos gênicos não-aditivos no controle da helmintosporiose-comum e helmintosporiose maidis com destaque para os híbridos L77 x P2, L80 x P7 e L77 x P7. Corroborando os primeiros resultados, a metodologia de Hayman (1954) prospectou maior importância dos efeitos gênicos de dominância no controle das características inerentes a ambas as helmintosporioses estudadas. A resistência para helmintosporiose-comum é controlada por aproximadamente um gene ou bloco gênico enquanto que de um a três genes ou blocos gênicos controlam a resistência a helmintosporiose-maidis.

ABSTRACT

KUROSAWA, Railan do Nascimento Ferreira; D.Sc.; Darcy Ribeiro Northern Fluminense State University; February 2019. Gene effects of resistance for Northern leaf blight and Southern leaf blight on popcorn submitted to divergent soil nitrogen conditions. Advisor Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior. Co-advisors: Prof. Alexandre Pio Viana and Prof. Marcelo Vivas

The relationship between agriculture and agrochemical dependence is often associated with issues of environmental impact, food safety assurance and society health implications. Such an agriculture-pesticide relationship is strengthened against a few ecologically and economically viable alternatives. In this context, the genetic plant breeding is an innovative science in attenuating the dependence of the use of agrochemicals in agriculture, in particular, through the development of research aimed at resistance to diseases. However, establishing strategies for plant breeding is only possible through genetic studies that clarify how disease-related traits are passed from one generation of individuals to the next generation, and diallel analyzes are useful in acquiring these information. However, it is important to highlight that, although resistance to diseases is genetically controlled, the environment exerts a strong influence on the reaction of plants to pathogens. Therefore, in breeding programs, the selection of superior genotypes may be more efficient if more intrinsically the environmental factors that influence the characteristic of interest are considered. Thus, through the Griffing (1956) and Hayman diallel analyzes(1954), the objective of this research was: i) To evaluate the genetic potential of popcorn genotypes in response to foliar damages of

Northern leaf blight and Southern leaf blight under contrasting conditions in the nitrogen availability; ii) To investigate the impact of different levels of nitrogen fertilization on estimates of the general and specific capacity of combination in popcorn; iii) To know the genetic effects involved in the genetic resistance to Northern leaf blight and Southern leaf blight; iv) To enable the selection of resistance-holding parents as well as to indicate the best hybrid combinations for resistance to Northern leaf blight and Southern leaf blight; and To know the resistance inheritance to Northern leaf blight and Southern leaf blight in the establishment of strategies for popcorn genetic resistance breeding to foliar diseases. The results of the Griffing diallel analyzes (1956) showed important influences of the studied environments on the measured characteristics, however, there was a prevalence of non-additive gene effects in the control of Northern leaf blight and Southern leaf blight, with emphasis on hybrids L77 x P2, L80 x P7 and L77 x P7. The results obtained by Hayman (1954) suggest that the effects of dominance in the control of the inherent characteristics of both helminthospores are more important. Resistance to Northern leaf blight is controlled by approximately one gene or gene block while one to three genes or gene blocks control Southern leaf blight resistance.

1. INTRODUÇÃO

A definição de doença de plantas se remete à patologia já instalada, a qual é resultado de uma série de manifestações visíveis e invisíveis das células das plantas ao patógeno invasor ou condição ambiental, tais manifestações reverberam em alterações adversas na forma e função dos tecidos, conduzindo a degradação parcial ou total da planta hospedeira (Agrios, 2005). Os estudos específicos dos componentes necessários à ocorrência de doenças de plantas implicam na obtenção de respostas importantes para a compreensão das interações entre o patógeno, o ambiente e o hospedeiro. No entanto, a interação entre os fatores envolvidos pode ser tanto mais complexa quanto pode-se estudar esses fatores separadamente. Um bom exemplo dessa relação é observado a partir da oferta de nitrogênio e a reação das plantas às doenças fúngicas, vez que o nutriente em baixa ou alta disponibilidade pode modular a reação do hospedeiro quando exposto à invasão de patógenos (Camañes et al., 2012; Manóza et al., 2017; Huang et al., 2017). Em programas de melhoramento de plantas visando resistência a doenças, este conhecimento torna-se imprescindível, pois os objetivos nos estudos desta natureza devem considerar os fatores que afetam as variáveis tipicamente relacionadas à reação de plantas aos patógenos, resguardando ainda, a plasticidade fenotípica das plantas para diferentes ambientes que influenciam direta ou indiretamente as características estudadas. É digno de nota que condições sub-ideais de nitrogênio são reportadas como fatores de estresses abióticos, especialmente por tratar-se de um macronutriente

indispensável às plantas, sua participação envolve desde reações metabólicas – composição estrutural da clorofila, fotossíntese, enzimas e proteínas – até a produção e translocação de fotoassimilados, bem como na taxa de crescimento de folhas e raízes (Fagan et al., 2007). Não obstante, tal qual o uso de pesticidas químicos para controle de doenças, o uso demorado de fertilizantes à base de nitrogênio como nitrato, uréia e amônio na agricultura, implicam em causas de poluição ao ambiente, impactando a qualidade de águas subterrâneas e ecossistemas de rios e lagos (Fagard et al., 2014).

Diante do exposto, o melhoramento genético de plantas propõe extrair a partir do montante da variabilidade genética, genótipos superiores, capazes de resistir às intempéries do ambiente e completar, eficientemente, o seu ciclo de vida de modo a não restringir o potencial de produção das plantas. Para tanto, é indispensável considerar o aspecto genético, as informações sobre os efeitos gênicos das características de interesse agrônômico possibilitam orientar as ações dos programas de melhoramento, sobretudo na obtenção de maiores ganhos por seleção e na exploração da heterose em combinações híbridas promissoras (Silva et al., 2001). Neste sentido, os procedimentos de análise dialéctica possibilitam obter estimativas de parâmetros importantes para a eleição de genitores, bem como a compreensão dos efeitos genéticos envolvidos na expressão das características de interesse agrônômico imprescindíveis para nortear tomadas de decisões no âmbito do melhoramento genético de plantas (Pfann et al., 2009; Cruz et al., 2012).

Adicionalmente, em se tratando de doenças foliares de milho-pipoca, em particular a helmintosporiose-comum e maidis, não há relatos na literatura quanto aos efeitos gênicos das resistências. Vê-se, pois, que há uma lacuna de pesquisa para a qual, o melhoramento aplicado pode ser empregado, trazendo benefícios a produtores, consumidores e ao meio ambiente.

2. OBJETIVOS

- I) Avaliar o potencial genético de genótipos de milho-pipoca em resposta aos danos foliares de helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis em condições contrastantes na disponibilidade de nitrogênio;
- II) Averiguar o impacto de diferentes níveis de adubação nitrogenada sobre as estimativas da capacidade geral e específica de combinação em milho-pipoca;
- III) Conhecer os efeitos gênicos envolvidos na resistência genética a helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis;
- IV) Possibilitar, por meio da análise combinatória, a seleção de genitores detentores de resistência, bem como indicar as melhores combinações híbridas para resistência a helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis e;
- V) Conhecer a herança da resistência a helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis para o adequado estabelecimento de estratégias de melhoramento genético do milho-pipoca visando à obtenção de ganhos para resistência genética às doenças foliares.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. Implicações de estresses bióticos na agricultura

Múltiplos fatores contribuem juntamente para a redução significativa do potencial agrônomo das plantas cultivadas, a saber, aqueles de natureza biótica e aqueles de natureza abiótica. A ação concomitante de estresses bióticos e abióticos incidindo sobre o desenvolvimento vegetal potencializa os danos causados, muitas vezes, inibindo a capacidade das plantas de completar eficientemente o seu ciclo de vida e, por fim, inviabilizando a produção de alimentos para a qual foi destinada. Perdas de produção por estresses bióticos representam um quantitativo alarmante na agricultura; em países em desenvolvimento estima-se que até 40 % da produção é perdida em função de pragas e doenças (Flood, 2010). Somente na cultura do milho, perdas globais de rendimento causadas por doenças foram estimadas em 9 %, em média, entre os anos de 2001-2003 (Oerke, 2006). Os graves danos econômicos resultantes de doenças fúngicas na cultura do milho são reflexos não apenas de menores rendimentos, mas também, de maiores demandas de insumos para o manejo dos agentes causais. Portanto, a forma de controle mais sustentável das doenças do milho é o emprego de cultivares geneticamente resistente (Sucher et al., 2016).

No Brasil, o IMEA (Instituto Mato-Grossense de Economia Agropecuária) estimou o custo de produção total de milho comum de alta tecnologia da safra 2017/2018, em R\$ 2.797,28/ha. O custo para controlar estresses bióticos foi

orçado em R\$ 274,28/ha entre fungicidas, herbicidas e inseticidas, sendo o custo com fungicida representado por 23,36 % deste total (Tabela 1).

Tabela 1. Custo de produção do milho safra 2017/2018. Fonte: IMEA (Instituto Matogrossense de Economia Agropecuária).

Componentes do Custo	2015/16	2016/17	2017/18*
	R\$ 2.268,54	R\$ 2.395,74	R\$ 2.258,81
A - CUSTO VARIÁVEL			
I - DESPESAS DE CUSTEIO DA LAVOURA	R\$ 1.491,29	R\$ 1.493,63	R\$ 1.374,29
1 – Operação com Máquinas/Implementos	R\$ 76,38	R\$ 70,08	R\$ 71,57
2 – Mão de Obra	R\$ 77,30	R\$ 94,01	R\$ 94,20
3 – Semente de Milho	R\$ 380,75	R\$ 425,49	R\$ 399,29
4 – Semente de Cobertura	R\$ 0,00	R\$ 0,00	R\$ -
5 – Corretivo de Solo	R\$ 0,00	R\$ 0,00	R\$ -
6 – Macronutriente	R\$ 601,19	R\$ 555,35	R\$ 510,40
7 – Micronutriente	R\$ 3,29	R\$ 3,42	R\$ 3,13
8 – Fungicida	R\$ 66,05	R\$ 73,29	R\$ 64,09
9 – Herbicida	R\$ 140,37	R\$ 129,33	R\$ 109,92
10 – Inseticida	R\$ 127,78	R\$ 119,02	R\$ 100,27
11 – Adjuvante/Outros	R\$ 18,19	R\$ 23,64	R\$ 21,41
II - OUTROS CUSTOS VARIÁVEIS	R\$ 707,75	R\$ 699,85	R\$ 697,87
1 – Seguro Agrícola	R\$ 0,00	R\$ 18,03	R\$ 16,67
2 – Transporte Externo	R\$ 147,84	R\$ 127,16	R\$ 126,95
3 – Armazenagem	R\$ 154,50	R\$ 133,57	R\$ 133,98
4 – Classificação e Beneficiamento	R\$ 163,27	R\$ 158,25	R\$ 159,70
5 – Impostos e Taxas	R\$ 55,41	R\$ 53,27	R\$ 52,99
6 – Manutenção Máquinas/Implementos	R\$ 85,73	R\$ 95,24	R\$ 95,58
7 – Despesas Administrativas	R\$ 101,01	R\$ 114,32	R\$ 112,00
III - DESPESAS FINANCEIRAS	R\$ 69,51	R\$ 202,26	R\$ 186,65
1 - Juros	R\$ 69,51	R\$ 202,26	R\$ 186,65
B - CUSTO FIXO	R\$ 157,23	R\$ 167,15	R\$ 168,30
IV – DEPRECIACÕES e EXAUSTÃO	R\$ 138,73	R\$ 146,52	R\$ 147,63
1 – Depreciação Benfeitorias	R\$ 6,01	R\$ 8,47	R\$ 8,38
2 – Depreciação Máquinas/Implementos	R\$ 132,73	R\$ 138,05	R\$ 139,24
V - OUTROS CUSTOS FIXOS	R\$ 18,50	R\$ 20,63	R\$ 20,67
1 – Encargos	R\$ 8,92	R\$ 9,94	R\$ 9,92
2 – Seguro do Capital Fixo	R\$ 8,08	R\$ 8,57	R\$ 8,65
3 – Manutenção Benfeitorias	R\$ 1,50	R\$ 2,12	R\$ 2,10
4 – Arrendamento	R\$ 0,00	R\$ 0,00	R\$ -
C - CUSTO OPERACIONAL (A + B)	R\$ 2.425,78	R\$ 2.562,89	R\$ 2.427,10
VI - RENDA DE FATORES	R\$ 387,29	R\$ 394,32	R\$ 370,18
1 - Remuneração Esperada sobre Capital	R\$ 98,68	R\$ 91,90	R\$ 91,19
2 - Terra	R\$ 288,61	R\$ 302,42	R\$ 278,99
D - CUSTO TOTAL (C + VI)	R\$ 2.813,07	R\$ 2.957,21	R\$ 2.797,28

Dentre as causas de estresses bióticos, a helmintosporiose-comum é provocada pelo fungo hemi-biotrófico *Exserohilum turcicum* (Pass.) K.J. (Leonard e Suggs 1974), conhecido por acarretar expressivos danos econômicos na cultura do milho (Munkvold e White, 2016). Plantas acometidas por helmintosporiose-comum produzem grãos leves e pobres em amido, resultado direto da diminuição

da área foliar sadia; portanto, os danos subsequentes à infecção do patógeno, incluem, além do aparecimento de grandes lesões necróticas da doença, baixa produção de fotoassimilados, redução do vigor e do rendimento das plantas (Debela et al., 2017).

Em milho-pipoca, as perdas de rendimento por helmintosporiose-comum são agravadas quando o estabelecimento da doença antecede ao florescimento das plantas; nestes casos, pode haver perda de rendimento em mais de 50 % (Pinto, 1980; Perkins e Pedersen, 1987). Em relação ao processo de dispersão dos inóculos, inicialmente os inóculos são liberados no ambiente e dispersos pelo vento e/ou chuva. Favorecida pela umidade e temperaturas amenas, a infecção inicia com a germinação dos conídios em folhas jovens do hospedeiro na presença de água livre na superfície da lâmina foliar, sendo que o processo de infecção pode durar de 6 a 18 horas em temperatura na margem entre 18-27 °C (Guiomar, 2011).

A resistência a helmintosporiose-comum pode ser herdada nas formas monogênica e poligênica. No tocante à resistência monogênica, vários genes foram descritos como controladores de inúmeras raças específicas do patógeno e manifestam grande efeito fenotípico (Welz e Geiger, 2000). Genótipos detentores dos genes *Ht1*, *Ht2* e *Ht3* manifestam, no fenótipo, lesões cloróticas por ocasião da infecção do patógeno, as quais inibem a esporulação do mesmo. Os genes *Ht1*, *Ht2* e *Ht3* foram encontrados simultaneamente na cultivar de milho-pipoca denominada 'Ladyfinger' e também em uma linhagem de milho dentado de codinome 'GE440' (Hooker, 1963, 1977, 1981). Em resumo, a empresa DuPont (Pioneer) publicou o primeiro efeito fenotípico da resistência à raça 0 do patógeno *E. turcicum* (Figura1).

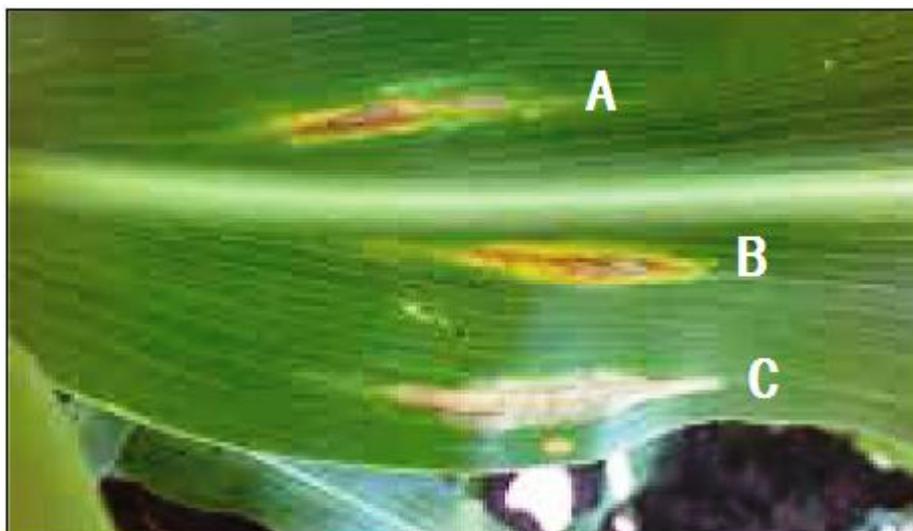


Figura 1. Reação de resistência à raça 0 de *E. turcicum*. Um halo clorótico circunda as lesões e restringe o desenvolvimento das lesões A e B. Em contraste, reação de susceptibilidade a raça 1 de *E. turcicum* com pleno desenvolvimento da lesão 'C'. Adaptado de DuPont-Pioneer (2014).

Durante o desenvolvimento da variedade sintética de milho BS19 via seleção recorrente, o gene recessivo *ht4* foi descoberto, manifestando halos cloróticos circulares de um centímetro de diâmetro no fenótipo das plantas infectadas (Carson, 1995). O gene *Htn1*, por sua vez, resulta no prolongamento do período de incubação, o que implica em sintomas retardados até a antese, bem como reduz a quantidade de lesões (Gevers, 1975; Raymundo et al., 1981).

A partir do trabalho de Robbins e Warren (1993) com a linhagem endogâmica denominada H102 – a qual foi inicialmente extraída do híbrido 'Mayorbela', resultante da combinação C123 x PI 209135 –, foram realizados cruzamentos entre H102 x NN14A e NN14B detentores dos genes *Htn1* e *Htn2*, respectivamente. Os resultados demonstraram que a resistência manifestada em H102 era controlada por um loco não ligado aos locos *Htn1* ou *Htn2*. Este novo loco recebeu o nome de *Htm1* e expressa resistência completa (Welz e Geiger, 2000). Outros dois genes foram mapeados e descritos na pesquisa de Ogliari et al. (2007), sendo o gene *HtP* dominante e o gene *rt* recessivo, os quais, segundo esses mesmos autores, conferem resistência a um amplo espectro de raças de *E. turcicum*.

Wang et al. (2012) mapearam o gene *HtNB* capaz de conferir resistência completa (sem lesões) às plantas de milho. Mais recentemente, o gene *Lr34*,

presente em trigo e no arroz, foi introduzido no milho o que resultou na manifestação eficiente de resistência a *E. turcicum* (helmintosporiose-comum) e a *Puccinia sorghi*, agente causal da ferrugem comum (Sucher et al., 2016). Em relação à resistência poligênica à helmintosporiose-comum, esta é caracterizada por prolongados períodos de incubação e lesões de tamanhos reduzidos, entretanto, não impede a esporulação do patógeno (Ullstrup 1970, Brewster et al., 1992, Smith e Kinsey, 1993).

A helmintosporiose-maidis também representa uma grave fonte de estresse biótico, cujo agente etiológico da doença é o fungo necrotófico *Bipolaris maydis* (Y. Nisik. & C. Miyake) (Shoemaker, 1959), sendo que o sintoma característico é o aparecimento de inúmeras lesões necróticas de cor castanho sobre os tecidos foliares (Braun e Howard, 1994; Shanmugam et al., 2010). Adicionalmente, a helmintosporiose-maidis ocorre em todo o mundo, especialmente em regiões de clima quente e úmido com temperatura em torno de 20 e 30° C (Bhandari et al., 2017). O fungo possui duas raças distintas, sendo denominadas “0” e “T” (Burnette e White, 1985). No processo de dispersão dos inóculos, por ser necrotrófico, a sobrevivência do fungo é favorecida pelos restos de cultura ora infectados. Os principais vetores dos inóculos são o vento e a chuva. No Brasil, temperaturas entre 22 a 30 °C, bem como alta umidade favorecem a infecção (Casela et al., 2006).

A herança da resistência a helmintosporiose-maidis pode ser de natureza monogênica e poligênica, as quais devem ser empregadas simultaneamente sempre que possível (Singh e Srivastava, 2012). Contudo, majoritariamente, a resistência a helmintosporiose maidis é dita quantitativa, com efeito gênico predominantemente aditivo (Heo et al., 1983; Shieh e Lu, 1993). Um único gene recessivo identificado como “loco de característica quantitativa” foi denominado *rhm* e confere resistência qualitativa à raça 0 do patógeno antes da antese (Zaitlin et al., 1993). Por tratar-se de um grande loco de resistência, Zhao et al. (2012) delimitaram a região *rhm* por meio de marcadores polimórficos e, a partir de um fragmento de DNA de 8,56 kb, verificaram a especificidade de um único gene análogo ao um gene transportador de histidina de lisina 1 (*LHT1*). Adicionalmente, a manifestação fenotípica de *rhm* foi demonstrada na pesquisa de Simmons et al. (2001) em que, diante da infecção pelo fungo *B. maydis*, as plantas portadoras de *rhm* apresentam lesões reduzidas com baixa esporulação (Figura 2).

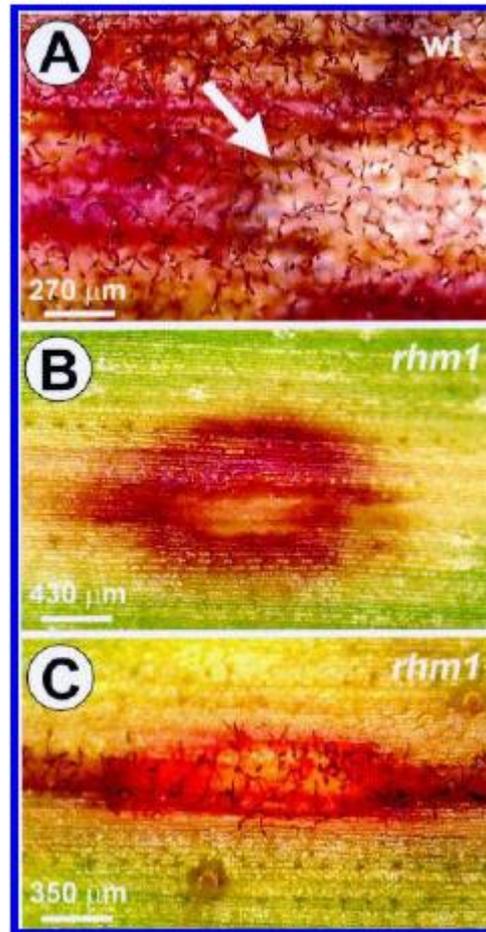


Figura 2. Lesões por *B. maydis* em folhas de genótipo de milho do tipo selvagem (A), e em folhas de genótipos de milho detentores do gene de resistência *rhm1* (B e C). As folhas foram inoculadas e após 3 dias seguiram para armazenamento em câmara úmida, na qual permaneceram por 40 horas para induzir a formação de conídios. É interessante notar que nas folhas de genótipo milho selvagem os conídios são abundantes tanto dentro quanto fora das lesões, enquanto que lesões de genótipos detentores de *rhm1* os conídios estão ausentes (B) ou restritos à lesão (C). Adaptado de Simmons et al. (2001).

3.2. A disponibilidade de nitrogênio e o risco de estresse abiótico

Entre as diversas fontes de estresses abióticos, o desequilíbrio nutricional está diretamente relacionado ao desenvolvimento ótimo das plantas. O nitrogênio é o componente responsável por várias reações, além de fazer parte da estrutura da clorofila, de enzimas e proteínas. Devido à essencialidade do nitrogênio, a sua disponibilidade pode afetar a formação de raízes, fotossíntese, produção, translocação de fotoassimilados e a taxa de crescimento de folhas e raízes (Fagan et al., 2007).

A assimilação do nitrogênio é um processo vital que controla o crescimento e o desenvolvimento das plantas e tem efeitos marcantes sobre a fitomassa e a produtividade das culturas. A rota de assimilação do nitrato em plantas superiores envolve dois estágios sequenciais, a conversão do nitrato a amônio, mediada pela enzima nitrato redutase (RN), a qual reduz nitrato a nitrito, e pela nitrito redutase (RNi), que converte nitrito à amônio. O amônio é, então, assimilado nos aminoácidos glutamina e glutamato, os quais servem para translocar nitrogênio orgânico de fontes para drenos. As principais enzimas envolvidas são a glutamina sintetase (GS) e a glutamato sintase (GOGAT) (Taiz e Zeiger, 2013).

A regulação da absorção e assimilação do nitrogênio nas plantas apresenta pontos limitantes do metabolismo deste elemento, quais sejam: 1) a afinidade dos carregadores pelo nitrato e amônio; 2) o suprimento de carboidratos às raízes; 3) o nível de aminoácidos no floema radicular; 4) a atividade das enzimas redutase do nitrato (RN), sintetase da glutamina (GS) e sintase do glutamato (GOGAT); 5) a fonte de N suprida às plantas (NO_3^- ou NH_4^+); e 6) o local de assimilação do N (raiz ou parte aérea) (Bredemeier e Mundstock, 2000).

Em solos com baixa disponibilidade de nitrogênio, as plantas usam diversos artifícios no intuito de aumentar a capacidade de absorção, os quais podem ser de caráter morfológico, como o aumento da relação raiz/parte aérea, o aumento de pelos radiculares, bem como de caráter bioquímico e fisiológico, em que se destaca a ativação gênica para a mudança e/ou aumento dos carregadores de N (Miller e Cramer, 2004). Souza (2007) definiu a eficiência na absorção de nitrogênio como o resultado obtido pela relação entre a quantidade de nitrogênio total na planta na maturidade e nitrogênio aplicado no solo. Adicionalmente, a eficiência na utilização do nitrogênio foi descrita pelo mesmo autor como o resultado da razão entre a massa de grãos e a quantidade de nitrogênio total na planta na maturidade. Assim, a eficiência no uso de nitrogênio é obtida pelo produto entre a eficiência na absorção e a eficiência de utilização de nitrogênio.

Outro ponto que justifica a necessidade do aumento na eficiência no uso do nitrogênio diz respeito às perdas deste elemento no solo. As maiores perdas ocorrem nos estádios iniciais das culturas em que as doses recomendadas são reduzidas na solução do solo, especialmente por lixiviação (Basso, 2003). O

manejo da adubação nitrogenada sempre implica em grandes dificuldades devido a complexidade de reações químicas e biológicas, a dependência das condições edafoclimáticas, vulnerabilidade a perdas por lixiviação, volatilização, desnitrificação e erosão, sempre recorrentes em manejos inadequados e/ou devido ao processo de imobilização biológica (Meira, 2006).

De acordo com Fidelis et al. (2007) a agricultura, sob o ponto de vista sustentável, poderá garantir incrementos mais desejáveis de produção quando atentar para maiores eficiências nos usos dos insumos do que em aumentar o consumo de insumos para obter maiores produções. Ressaltam ainda, a importância do melhoramento de plantas no que tange a atenção para a melhoria de características, não apenas as de interesses agrônômicos tradicionais, mas também para a implementação daquelas que abordam qualidades na eficiência no uso de insumos e de tolerância a estresses bióticos e abióticos. Segundo Machado et al. (1992), a atividade da enzima sintetase da glutamina (GS) pode ser utilizada como parâmetro auxiliar em programas de melhoramento genético que visem maior eficiência no uso do N. Borges et al. (2006) sugerem que a avaliação da capacidade de absorção e da remobilização do N em cada estágio fenológico das plantas implicam em importantes dados para a melhor avaliação da eficiência no uso deste elemento. DoVale et al. (2012) estudaram os efeitos gênicos de caracteres associados a eficiência no uso do nitrogênio em milho e esclarecem que à revelia da disponibilidade de N, a eficiência na absorção é a variável mais importante na avaliação da eficiência no uso de N, e ainda, que a alta correlação entre a matéria seca da parte aérea e eficiência na absorção permite selecionar, em estágio precoce, plantas de milho mais eficientes no uso de N com base na variável matéria seca da parte aérea.

3.3. Reação de plantas aos estresses bióticos e abióticos

No contexto em que está em voga a capacidade adaptativa das plantas, uma rápida reação traduzida em ativação de metabólitos secundários é um exemplo do complexo mecanismo que envolve a defesa das plantas a fim de adaptarem-se ao multiforme contingente de fatores estressantes num dado ecossistema, quer sejam bióticos ou abióticos. Sob tais condições, a atribuição do

tecido vegetal de maior relevância ou que esteja em maior grau de risco pode ser definida pela própria planta a partir da proporção, intensidade e duração do dano causado (Vaughan et al., 2015).

No entendimento da reação de plantas aos estresses bióticos, os fungos patogênicos merecem especial atenção. A grande maioria dos fungos é dita saprófita, isto é, sobrevivem em materiais vegetais mortos, atuando na ciclagem de nutrientes para que se tornem novamente disponíveis para as plantas vivas. Porém, acredita-se que, durante a evolução, alguns fungos passaram a interagir intrinsecamente com as plantas vivas, sendo que a maioria destas interações resultou em benefícios para os vegetais, entretanto, uma pequena minoria de espécies de fungos evoluiu ainda mais e rompeu com o benefício mútuo com as plantas, tornando-se patogênicos (Grayer e Kokubun, 2001). No entanto, as estratégias das plantas para sua defesa contra os patógenos são variadas e complexas. A resistência de plantas aos patógenos pode ser de natureza constitutiva, na qual o mecanismo de defesa já é existente e independem da chegada do inóculo ao sítio de infecção; ou de natureza induzida, em que o mecanismo de defesa parece latente, somente acionado quando a planta é exposta à injúria, seja por fator biótico ou abiótico (Agrios, 2005).

A resistência de plantas aos patógenos via barreiras mecânicas é promulgada pelas várias mudanças na anatomia, como células epidérmicas mais espessas e maior grau de lignificação e silicificação e/ou através da síntese de toxinas (Yamada, 2004). Segundo Matiello et al. (1997), as modificações ocorridas na parede celular das plantas em resposta a agressão de agentes patogênicos deram origem à cutina, carboidratos, géis e tiloses, lignina e ácidos fenólicos complexos. E, na concepção de Barros et al. (2010), as defesas estruturais, como as caloses, papilas, camadas de cortiça, camada de abscisão e tiloses, também chamadas de defesas físicas, atrasam a penetração dos patógenos nos tecidos vegetais. Os autores complementam, ainda, que a deposição de lignina nas células vegetais pode aumentar a resistência da parede celular às enzimas digestivas dos patógenos.

De outra forma, as plantas também podem produzir compostos químicos capazes de afetar negativamente o crescimento, o desenvolvimento e a sobrevivência de microrganismos; e, por isso, tais compostos são considerados toxinas (Wittstock e Gershenzon, 2002). O trabalho dirigido por Vaughan et al.

(2015) demonstrou como plantas de milho reagem a estresses bióticos e abióticos através da indução e ação de duas fitoalexinas, zealexinas e kauralexinas, no controle da *Diabrotica balteatai*, *Fusarium verticillioides* e na resistência a restrição hídrica e alta salinidade. De acordo com os resultados desta pesquisa, as zealexinas e kauralexinas demonstraram ter um importante papel na defesa a estresses bióticos e abióticos. Paiva et al. (2003) observaram significativas alterações na espessura da lâmina foliar e do mesófilo, bem como no conteúdo de antocianina em folhas de *Tradescantia pallida* submetidas a intensidades distintas de luz. Fahn e Shimony, (1996) estudando tricomas glandulares de plantas do gênero *L. fagonia* adaptadas a condições áridas, verificaram que os tricomas e o material pegajoso secretado nas folhas constituem em artifício evolutivo para a deposição de partículas de areia sobre as folhas, protegendo-as da radiação excessiva, da oviposição de insetos e herbivoria.

3.4. Interações entre a disponibilidade de nitrogênio e a resistência genética de plantas aos patógenos

Nas diferentes formas com que as plantas reagem às injúrias causadas por pragas e patógenos em seus tecidos, a condição nutricional – seja por excesso ou carência de alguns elementos – é ponto determinante nas respostas das plantas aos ataques bióticos, isto porque os efeitos dos nutrientes afetam desde o padrão de crescimento, morfologia, anatomia, até a composição química das plantas, podendo predispor o estabelecimento de enfermidades ou pragas devido ao desequilíbrio nutricional (Paiva, 2013).

Segundo Taiz e Zeiger (2013) o metabolismo secundário das plantas exerce relevante importância na agricultura, pois na mesma proporção em que os metabólitos secundários aumentam o desempenho produtivo das plantas por agirem na defesa contra fungos, bactérias e herbívoros, também existe a possibilidade de torná-las indesejáveis ao consumo humano. Os autores complementam, ainda, que muitas plantas cultivadas têm sido selecionadas para menor produção de metabólitos secundários à custa de torná-las mais suscetíveis a pragas e doenças. Por outro lado, a parede celular das plantas é considerada como o principal obstáculo estrutural à invasão de patógenos.

Em condições de alta disponibilidade de nitrogênio, há uma grande exigência de carbono da fotossíntese via ciclo de Krebs. Essa demanda de carbono pode comprometer a síntese de metabólitos secundários pela via do ácido chiquímico. Em contrapartida, em condições de deficiência em N, há a formação de um amplo *pool* de fenólicos e alcalóides (Yamada, 2004). Sobre a alta disponibilidade de N para as plantas, Marschner (2012) esclarece que a produção de lignina das folhas também é reduzida e que há aumento na concentração de aminoácidos e de amidas no apoplasto e na superfície foliar, o que favorece o desenvolvimento dos conídios fúngicos e posterior desenvolvimento das doenças. Muitos trabalhos têm reportado a influência da nutrição de plantas em relação à susceptibilidade a doenças. A esse respeito, é fato que o conhecimento da interação entre fatores limitantes da produção é de fundamental relevância para nortear os objetivos em programas de melhoramento de plantas. Seabra Júnior et al. (2013), estudando a suscetibilidade à podridão negra e produtividade de brócolis em função de doses de nitrogênio e potássio, verificaram que tanto a ausência quanto o excesso de nitrogênio predisponha as plantas a maiores severidades da podridão negra. Os autores sugerem que altas concentrações de N resultam na produção de tecidos jovens e suculentos, prolongando o estágio vegetativo das plantas e, portanto, expondo-as cada vez mais a condições propícias à infecção dos patógenos. Por outro lado, Pozza et al. (2001) relataram que doses crescentes de nitrogênio são capazes de reduzir, porém não impedem a incidência da mancha-de-olho-pardo em mudas de café.

Resultados mais recentes demonstram a relação intrínseca da oferta de nitrogênio com a resposta de plantas a estresses bióticos, vez que o nutriente em baixa ou alta disponibilidade pode modular a reação do hospedeiro quando exposto à invasão de patógenos. Na variedade Kasalath, em arroz infectado por *Magnaporthe oryzae*, altos níveis de nitrogênio quebram, parcialmente, a resistência desencadeada pelo gene *Pi1*; por outro lado, na mesma condição, a susceptibilidade é aumentada pelo loco gênico *NIS1*. Isto sugere que sob certas condições ambientais, a resistência completa pode ser quebrada à revelia da capacidade de fungos de mutarem e que a resistência a doenças está relacionada à eficiência no uso do nitrogênio (Ballini et al., 2013).

Em condições de alto nível de nitrogênio, as plantas podem apresentar um reforço na defesa por meio da glutamina; entretanto, o programa de patogenicidade fúngica também pode ser modulado pela adubação nitrogenada. Assim, apesar de um aumento na defesa, o hospedeiro poderá não resistir ao aumento concomitante na patogenicidade do agente causal (Huang et al., 2017). Em *Arabidopsis* afetada por *Pseudomonas syringae* foi demonstrado que a alteração no transportador de nitrato de alta afinidade NRT2.1 foi capaz de produzir mudanças globais, afetando outras respostas que não estão exclusivamente vinculadas ao transporte de nutrientes, mas coordenando a percepção de sinais externos com respostas de plantas a estresses abióticos e bióticos como respostas a patógenos (Camañes et al., 2012). As atividades de enzimas envolvidas na defesa de plantas de *Arabidopsis*, tais como as quitinases, quitosanas e peroxidases são sensivelmente prejudicadas em condições limitantes de nitrogênio. Em decorrência, tanto a habilidade das plantas de expressarem eficientemente as suas defesas, quanto o tempo requerido para tal, são retardados (Dietrich et al., 2004).

Em *Medicago truncatula* infectada por *Aphanomyces euteiches* foi possível observar a estreita interação que ocorre entre a nutrição por nitrogênio e a homeostase de óxido nítrico, bem como a influência do óxido nítrico (NO) na resistência das plantas estudadas nutridas com nitrogênio (Thalineau et al., 2016). A esse respeito, o NO cumpre uma importante função na defesa das plantas, pois está envolvido na regulação transcricional de genes de defesa que codificam proteínas relacionadas à patogênese, como aquelas envolvidas na síntese de fitoalexina, bem como na acumulação de ácido salicílico, além de modificações de proteínas pós-traducionais (Wendehenne et al., 2014). Em milho foi demonstrada apenas uma tendência no controle da contaminação por aflatoxina produzida por *Aspergillus flavus* em grãos analisados na pré-colheita, por meio da aplicação de taxas ótimas de nitrogênio (Manoza et al., 2017). Contudo, apesar da interação existente entre nutrição mineral e resistência a doenças, trabalhos que enfoquem a eficiência na utilização de nutrientes e sua influência na fitossanidade de plantas em milho-pipoca inexistem.

3.5. Análise dialélica e sua importância no melhoramento de plantas

Estudos comparativos entre genótipos em um grande número de ensaios podem indicar apenas suas respectivas desenvolvimentos como resultado da variabilidade genética existente; contudo, não agregam necessariamente, informações quanto às suas capacidades em transmitir características de interesse à progênie quando cruzados com outros genótipos. Assim, em programas de melhoramento, quando se deseja selecionar genitores para estudos envolvendo hibridações, a seleção destes baseada unicamente nos desempenhos agrônômicos não é suficiente para garantir o potencial genético da progênie.

Um dos métodos adequados para acessar informações quanto à transmissão de características importantes dos genitores à progênie é a análise dialélica, sistema pelo qual os desempenhos dos genitores e da progênie podem ser estatisticamente desdobrados em componentes associados à capacidade geral e específica de combinação (Hallauer et al., 2010; Cruz et al., 2012; Murtadha et al., 2016). Portanto, os procedimentos de análise dialélica objetivam a estimativa de parâmetros importantes para a eleição de genitores, bem como a compreensão dos efeitos genéticos envolvidos na expressão das características (Pfann et al., 2009).

Entre os métodos para obtenção de dialelos, a metodologia proposta por Griffing (1956) permite estimar a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) dos genótipos estudados. Griffing postulou que "p" possíveis genitores podem ser organizados em uma tabela $p \times p$ sendo possível a observação de três grupos, quais sejam: i) genitores, ii) híbridos F_1 's, e iii) híbridos F_1 's recíprocos. Além disso, segundo Cruz et al. (2012) esta metodologia pode ser classificada em quatro métodos experimentais em que o primeiro método consiste na inclusão das p^2 combinações; o segundo método são inclusas $p(p+1)/2$ combinações, descontados os recíprocos; o terceiro método são inclusas $p(p-1)$ combinações descontados os genitores e o quarto método são inclusas $p(p-1)/2$ combinações descontados os genitores e os recíprocos.

Outra metodologia de análise dialélica é a proposta por Hayman (1954), a qual é norteadada pelo conhecimento das facetas ambiental e genética de estatísticas, tais como médias, variâncias e covariâncias, as quais são obtidas a partir de uma tabela dialélica envolvendo "p" genitores homocigotos. O

procedimento pressupõe que os genitores homocigotos diferem em um loco (T/t) e que coexista uma proporção u_t de genitores possuidores de alelos favoráveis e uma proporção v_t de genitores possuidores de alelos desfavoráveis (Tabela 2, adaptada de Cruz et al., 2012).

Tabela 2. Número e frequência de genótipos entre genitores de uma tabela dialélica.

Genitores	Número	Frequência	θ_t
TT	P1	u_t	1
tt	P2	v_t	-1
Total	p	1	

$\theta_t = 1$ se o genótipo é favorável; e -1, se desfavorável.

Nesta metodologia, é presumível que os genes em questão distribuam-se independentemente entre os genitores e que os valores genotípicos relacionados aos genótipos TT, Tt e tt são, respectivamente, d_t , h_t e $-d_t$. Além disso, conjectura-se que, normalmente, não haja diferenças entre híbridos e recíprocos e que, portanto, na tabela dialélica os valores médios de Y_{ij} são utilizados através de $(Y_{ij} + Y_{ji})/2$. Assim, considerando-se apenas os componentes ambientais (residuais), tem-se:

$$E(Y_{ii}^2) = \varepsilon$$

$$E(Y_{ij}^2) = \frac{1}{2} \varepsilon',$$

Em que: ε e ε' são variâncias residuais associadas, respectivamente, aos genitores e aos híbridos.

Em suma, os componentes genéticos e ambientais (residuais) associados às variâncias e covariâncias, são expressos por: variância entre genitores; variância dentro da linha ou coluna; média das variâncias obtidas dentro da linha; variância entre as médias das linhas; covariância entre as médias das colunas e a i -ésima linha; covariância entre genitores e a i -ésima linha; média das covariâncias entre genitores e a i -ésima linha; quadrado da diferença entre a média geral e a média dos genitores (Cruz et al., 2012).

A metodologia de análise dialélica de Hayman, (1954) estabelece algumas condições em atenção ao modelo aditivo-dominante, tais como:

segregação diplóide; genitores homozigotos; ausência de efeito materno; ausência de alelismo múltiplo; genes distribuídos independentemente entre os genitores; e ausência de epistasia. Segundo Cruz et al. (2012), as restrições referentes a segregação diplóide, genitores em homozigose e ausência de efeito materno são, normalmente satisfeitas, especialmente em detrimento da diploidia e homozigose dos genitores. Outrossim, a existência de alelismo múltiplo não configura em graves variações de resultados em comparação com os casos de apenas dois alelos por loco. Por outro lado, quando a seleção dos genitores para compor a tabela dialélica é realizada à revelia de suas divergências genéticas, é possível a ocorrência de distribuição direcionada dos alelos que regulam as características, acarretando, portanto, falhas na análise dialélica, razão pela qual a condição para distribuição independente dos genes entre os genitores implica na principal dificuldade para a análise dialélica. Adicionalmente, de acordo com Hayman (1954) quando se trabalha com pequeno número de genitores ($P < 10$) e o modelo genético é fixo, as estimativas nos parâmetros genéticos são pouco comprometidas pelas falhas nas pressuposições.

4. MATERIAIS E MÉTODOS

Para a obtenção das sementes híbridas, foram realizados cruzamentos em sistema dialélico completo, sem recíprocos, utilizando oito linhagens de milho-pipoca do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, selecionadas com base em estudo prévio realizado por Santos et al. (2017) – de acordo com a eficiência no uso do nitrogênio –, bem como no trabalho anterior realizado por Kurosawa et al. (2017) quanto à reação de genótipos a helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis. Da Universidade Estadual de Maringá, provieram: a linhagem P2, extraída do composto CMS-42; e as linhagens P6 e P7, extraídas do híbrido Zaeli. Das linhagens desenvolvidas na Universidade Estadual do Norte Fluminense "Darcy Ribeiro", provieram L75, L76, L77 e L80, as quais foram extraídas da população 'Viçosa'; e a linhagem L59, oriunda da população 'Beija-Flor'.

O dialelo completo foi realizado mediante a representação de cada genitor a campo por meio do plantio de um conjunto de cinco linhas paralelas de seis metros espaçadas por 80 centímetros entre linhas e 40 centímetros entre covas, mantendo-se duas plantas por cova. O plantio foi escalonado pela quantidade de dias até o florescimento de cada linhagem genitora. Esta estratégia permitiu que o florescimento das linhagens coincidissem, tornando viável a realização dos cruzamentos para garantia da quantidade suficiente de sementes.

Foram obtidos 28 híbridos de milho-pipoca, os quais foram avaliados juntamente com os genitores sob duas condições contrastantes de disponibilidade

de nitrogênio e em dois locais distintos – Campos dos Goytacazes e Itaocara – regiões Norte e Noroeste, respectivamente, do Estado do Rio de Janeiro. O delineamento experimental utilizado foi látice quadrado 6x6 com três repetições, totalizando 108 unidades experimentais por ambiente. Cada unidade experimental foi representada por uma linha de 4,2 m, em que foram semeadas três ou quatro sementes em covas espaçadas de 0,25 m e 0,60 m entre linhas. Os tratamentos culturais realizados após o plantio incluíram, inicialmente: desbaste após 21 dias da emergência das plântulas, regime diário de irrigação quando necessário e capina de plantas espontâneas. Para a diferenciação dos experimentos quanto ao nível de nitrogênio aplicado foi adotada a seguinte estratégia em ambos os locais: para os experimentos com ideal disponibilidade de nitrogênio (+N), a adubação de cobertura para suplementação de nitrogênio foi parcelada em duas vezes, aos 30 e 40 dias após a semeadura, compreendendo 108 kg ha⁻¹ de N. Quanto aos experimentos em baixa disponibilidade de nitrogênio (-N), as adubações nitrogenadas de cobertura corresponderam a 30 % do utilizado em alto N conforme utilizado por Santos et al. (2017).

A reação dos tratamentos à helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis, foi monitorada por meio da manifestação de sintomas pela infecção natural a campo, dada a disponibilidade de fontes de inóculo nos campos experimentais. Utilizou-se a estimativa da incidência e severidade dos sintomas, para tanto, foram adotados dois procedimentos de avaliação, a saber: i) aferição da incidência pela distribuição de sintomas ao longo da planta, por meio da porcentagem de folhas sintomáticas em detrimento das sadias; e ii) aferição da severidade, por meio da área foliar comprometida pelos sintomas na folha da primeira espiga. Foi possível obter duas avaliações, sendo a primeira realizada 15 dias após o florescimento das plantas e a segunda aos 36 dias após a primeira avaliação.

A incidência de lesões para as duas doenças foliares foi estimada com auxílio de escala de notas adotada pela Agrocere (1996), a qual apresenta intervalo entre 1 a 7, em que a nota 1 = 0 % de incidência; a nota 2 = 0,5 % de incidência; a nota 3 = 10 % de incidência; a nota 4 = 30 % de incidência; a nota 5 = 50 % de incidência; a nota 6 = 70 % de incidência; a nota 7 = 80 % de incidência; a nota 8 = 90 % de incidência; e a nota 9 = 100 % de incidência (Figura 3).

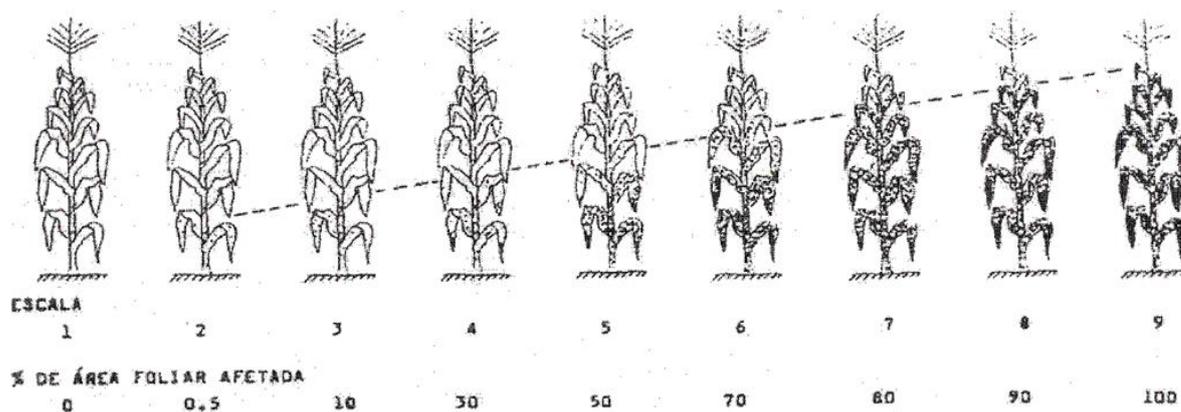


Figura 3. Escala diagramática para avaliação de severidade de moléstias com base na planta adotada pela Agroceres (1996).

A avaliação da severidade foliar de helmintosporiose-comum foi realizada com auxílio da escala diagramática proposta por Lazaroto et al. (2012) contendo os intervalos de severidade em porcentagem correspondentes a: 0,5 %; 1,0 %; 2,5 %; 6,5 %; 15,5 %; 30,0 %; e 54,0 % da área foliar comprometida pela doença (Figura 4).

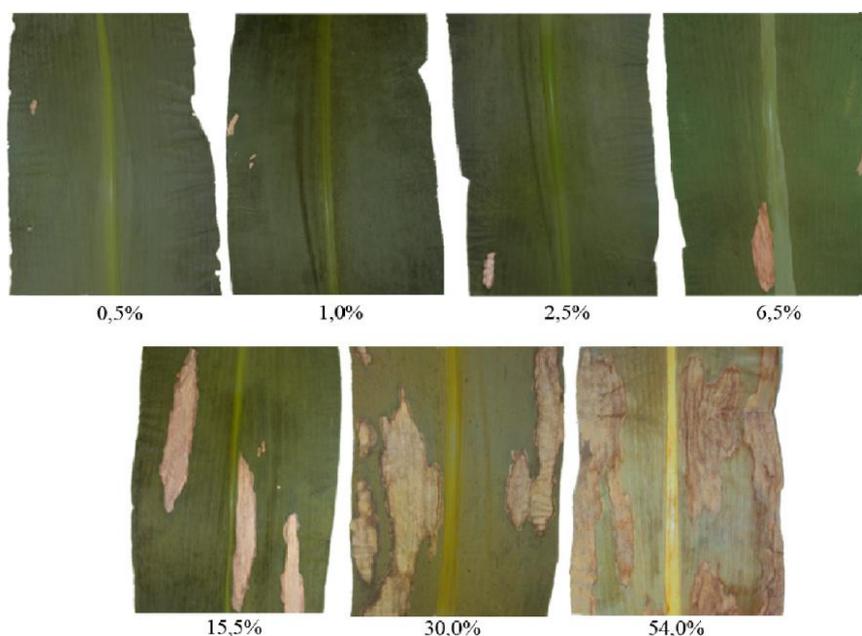


Figura 4. Escala diagramática para avaliação da severidade foliar de helmintosporiose-comum do milho, proposta por Lazaroto et al. (2012).

Para a estimativa da severidade foliar de helmintosporiose-maidis, foi utilizada a escala proposta por James (1971), sendo o intervalo de severidade expresso pelos valores percentuais: 0 %; 1 %; 5 %; 25 % e 100 % (Figura 5).



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

No intuito de reduzir a subjetividade nas avaliações a campo devido ao grande número de amostras e condições ambientais estressantes, as severidades foliares das doenças foram obtidas em duas etapas: A primeira consistiu na obtenção de fotos do terço médio das folhas, tendo sido utilizada a estratégia de câmera fixa com auxílio de câmera digital Samsung modelo ES95 com 16.0 Mega Pixels. Para a fixação da câmera digital foi elaborada uma câmara de acrílico opaco (Figura 6) em dimensões apropriadas que permitiu a obtenção de 24 centímetros de tecido foliar a campo, constituindo, portanto um método não destrutivo, em que foram obtidas quatro fotos por unidade experimental e por avaliação.

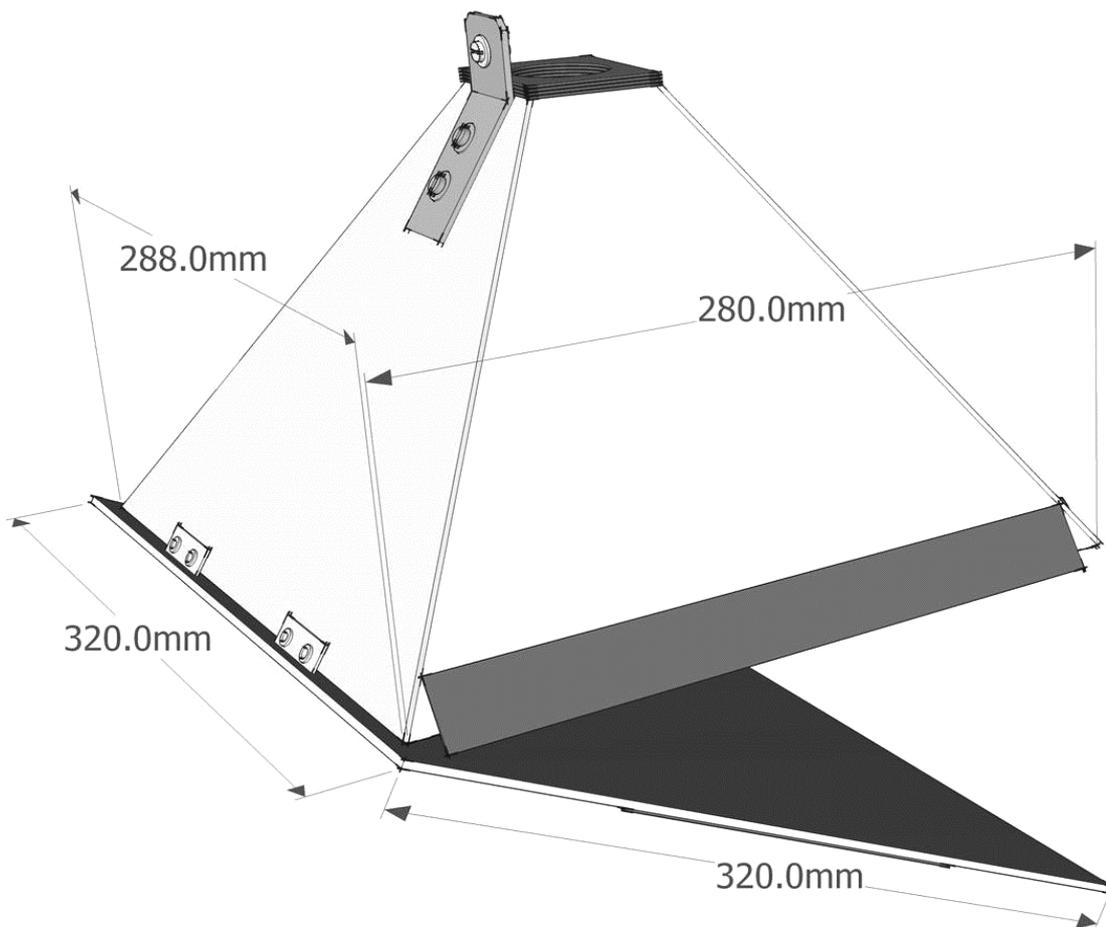


Figura 6. Estrutura em acrílico opaco para auxiliar na obtenção de imagens a partir do terço médio das folhas de milho-pipoca a campo.

A segunda etapa consistiu na organização, identificação e análise das imagens em laboratório, aplicando notas de severidades de acordo com cada escala correspondente. Na obtenção da área abaixo da curva do progresso das doenças (AACPD), foi aplicada a equação de Campbell e Madden (1990), correspondente a interações numéricas da proporção de doenças em relação ao tempo, por meio da expressão:

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

Em que:

n é o número de observações;

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

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

A análise de capacidade combinatória foi realizada de acordo com o Método II de Griffing (1956), em que são avaliados “p” genitores em $p(p+1)/2$ combinações correspondentes aos parentais e seus cruzamentos (F_1), sendo os genótipos de efeito fixo e o ambiente de efeito aleatório, considerando o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + a_k + g_{a_{ik}} + g_{a_{jk}} + a_{s_{ijk}} + \varepsilon_{ijk}, \text{ em que:}$$

Y_{ij} é o valor médio da combinação híbrida ij ; m é a constante inerente às observações; g_i e g_j são os efeitos da capacidade geral de combinação dos pais de ordem i , respectivamente; s_{ij} é o efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j ; a_k é o efeito do ambiente k com NID $(0, \sigma^2)$; $g_{a_{ik}}$ e $g_{a_{jk}}$ são os efeitos da interação entre a capacidade geral de combinação dos pais de ordem i e j , respectivamente, com o ambiente k ; $a_{s_{ijk}}$ é o efeito da interação entre a capacidade específica de combinação entre os pais i e j e o ambiente k ; e ε_{ijk} é o erro experimental médio associado à observação de ordem ij , com NID $(0, \sigma^2)$. Todas as análises de variância, bem como os testes de significância foram realizadas com auxílio do Programa Genes (Cruz, 2013).

Segundo Cruz et al. (2012) as falhas nas pressuposições da análise dialéctica de Hayman (1954) podem ser avaliadas conjuntamente a partir de testes de suficiência do modelo aditivo-dominante. Dois testes são disponíveis para tal, sendo que o último pode ser efetivado pelo desdobramento deste em um terceiro, quais sejam: **a)** Quando o delineamento experimental apresenta repetições de uma tabela dialéctica, **b)** Quando o delineamento experimental envolve uma única

tabela dialélica, e **b'**) Teste com rotação de 45° dos eixos representados por $\hat{W}'_{i(g)}$ e $\hat{V}'_{i(g)}$. Os testes são baseados nas diferenças entre os componentes genéticos da covariância entre genitores e a i-ésima linha ($\hat{W}_{i(g)}$) e os componentes genéticos da variância da linha ($\hat{V}_{i(g)}$). Assim, havendo heterogeneidade na diferença entre os valores estimados de $\hat{W}_i - \hat{V}_i$ é presumível que haja falhas nas condições impostas para adoção do modelo aditivo-dominante.

Isto posto, realizou-se inicialmente os testes de suficiência para atender as pressuposições exigidas. O primeiro teste (**a**) envolvendo repetições da tabela dialélica, consistiu na análise de variância de $\hat{W}_i - \hat{V}_i$ da qual, verificaram-se possíveis falhas nas pressuposições do modelo por meio do uso da fonte de variação do efeito de linhas. Sendo o efeito de linhas significativo tinha-se que uma dada variável estimada num dado ambiente não atendia as pressuposições do modelo aditivo-dominante. Ato contínuo, os testes **b** e **b'** foram realizados, os quais são fundamentados nas médias de cada ambiente e consideram a análise de regressão linear de \hat{W} em função de \hat{V} . No teste **b** foi observado o efeito do coeficiente de regressão considerando a equação $\hat{W}_i = \hat{a} + \hat{b}\hat{V}_i$ e a hipótese $H_0: b=1$ respaldada pela estatística t. O teste **b'** foi também baseado na estatística t; porém, ponderando-se \hat{W}_i e \hat{V}_i por meio de uma rotação de 45° dos eixos representados por $\hat{W}'_{i(g)}$ e $\hat{V}'_{i(g)}$. No teste **b'** a hipótese testada é que $H_0: b'=0$, em que o **b'** da hipótese é o coeficiente de regressão após rotação dos eixos. Adicionalmente, para as variáveis que apresentaram suficiência ao modelo aditivo-dominante, foram estimados os seguintes componentes genéticos e ambientais a partir das estatísticas da tabela dialélica:

$\hat{\varepsilon}$: Componente de variância ambiental;

$\hat{D} = \sum_t d_t^2(1 - w_t^2)$: Componente associado aos efeitos aditivos;

$\hat{H}_1 = \sum_t h_t^2(1 - w_t^2)$ e $\hat{H}_2 = \sum_t h_t^2(1 - w_t^2)^2$: Componentes de variâncias

associados aos desvios de dominância;

$$\hat{h}^2 = \left[\sum_t h_t (1 - w_t^2) \right]^2 : \text{Componente quadrático determinado pela diferença}$$

de média entre híbridos e pais;

$$\hat{F} = 2 \sum_t d_t h_t w_t (1 - w_t^2) : \text{Componente associado à covariância entre efeitos}$$

aditivos e não aditivos; e

$\hat{D} - \hat{H}_1$: Componente que expressa a diferença entre os efeitos gênicos aditivos e dominantes.

Também foram estimados os parâmetros genéticos:

$$\sqrt{\hat{H}_1 - \hat{D}} : \text{Grau médio de dominância;}$$

$$\hat{H}_2 / 4\hat{H}_1 : \text{Distância dos alelos (simetria);}$$

$$\hat{K}_D / \hat{K}_R : \text{Relação entre genes dominantes e recessivos;}$$

$$\hat{h}^2 / \hat{H}_2 : \text{Número de genes com dominância;}$$

$$\hat{h}_R^2 : \text{Coeficiente de determinação no sentido restrito;}$$

$$\hat{h}_A^2 : \text{Coeficiente de determinação no sentido amplo;}$$

$$\bar{Y}_{rr} : \text{Correlações entre os valores médios dos genitores;}$$

\hat{W}_r : Soma da covariância entre médias dos genitores e médias da r-ésima linha;

$$\hat{V}_r : \text{Variância entre médias da r-ésima linha;}$$

$$\hat{W}_R; \hat{V}_R \text{ e } \hat{W}_D; \hat{V}_D : \text{Valores esperados das coordenadas;}$$

\hat{Y}_D : Valor predito para o genitor com máxima concentração de alelos dominantes; e

\hat{Y}_R : Valor predito para o genitor com máxima concentração de alelos recessivos.

As análises de variâncias, testes de pressuposições e demais estimativas foram realizadas utilizando o Programa Genes (Cruz, 2013).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Análise combinatória de acordo com o Método II de Griffing (1956)

5.1.1. Resistência a helmintosporiose-comum

Os resultados da análise de variância conjunta envolvendo os quatro ambientes no estudo das variáveis AACPD/ST, AACPD/IT, SMT e IMT (Tabela 3) revelam que houve efeitos significativos em 1 % ($P < 0,01$) para quase todas as fontes de variação estudadas. Para a variável área abaixo da curva do progresso da doença da severidade foliar (AACPD/ST) e severidade média de *E. turcicum* (SMT) ocorreram efeitos significativos para Genótipo, CGC, Ambiente, Genótipo x Ambiente, CGC x Ambiente e CEC x Ambiente. Em relação à variável área abaixo da curva do progresso da doença para incidência foliar (AACPD/IT), tal qual para incidência média de *E. turcicum* (IMT), a análise de variância conjunta denotou significância para todas as fontes de variação estudadas.

Considerando-se o efeito significativo da interação de Genótipo x Ambiente, conjectura-se que os genótipos respondem de forma diferenciada a diferentes ambientes, sendo, pois, conveniente realizar a apreciação dos resultados separados por ambiente.

Os efeitos significativos para Genótipo nas análises de variância dialélica conjunta demonstraram a existência de variabilidade genética entre os genótipos estudados em relação às helmintosporiose-comum.

Tabela 3. Análise dialélica conjunta da área abaixo da curva do progresso da doença para severidade foliar (AACPD/ST) e incidência (AACPD/IT); Severidade média (SMT) e incidência média (IMT) de helmintosporiose-comum em linhagens e híbridos de milho-pipoca sob níveis contrastantes de nitrogênio nas cidades de Campos dos Goytacazes e Itaocara, regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, respectivamente.

FV	GL	Quadrados Médios			
		AACPD/ST	AACPD/IT	SMT	IMT
Genótipo					
(G)	35	9306,6476**	628493,4101**	7,1789**	552,7781**
C.G.C.	7	26368,8043**	1752754,4231**	20,1822**	1569,4319**
C.E.C.	28	5041,1084 ^{ns}	347428,1569*	3,9281 ^{ns}	298,6146*
Ambiente					
(E)	3	128870,4619**	3360168,4646**	131,5927**	3689,5129**
G x E	105	4654,7348**	234768,1819**	3,3342**	206,9754**
CGC x E	21	7016,2063**	382192,9927**	5,0111**	327,4465**
CEC x E	84	4064,3669**	197911,9792**	2,9150**	176,8576**
Resíduo	880	282,5763	17415,6406	0,6332	31,8001

**; *, ns: Significativo em $P < 0,01$; Significativo em $P < 0,05$; e não-significativo em $P < 0,05$, respectivamente, pelo teste F.

A existência e a manutenção da variabilidade genética é fator decisivo para o sucesso dos programas de melhoramento de plantas a longo prazo, pois constitui a principal fonte de estudos genéticos (Paula et al., 2010; Ribeiro et al., 2016). Em espécies alógamas, como o milho, essa diversidade genética tem especial atenção, pois permite a exploração da heterose que se manifesta a partir do vigor dos híbridos obtidos em cruzamentos divergentes. Neste sentido, a heterose refletida nos híbridos relaciona-se diretamente com a divergência genética dos genitores que lhes deu origem (Falconer, 1981).

A significância para a fonte de variação de Genótipo, desdobrada em CGC e CEC na análise de variância dialélica conjunta, indica que os genitores endogâmicos diferiram dos seus híbridos F_{1s} para AACPD/IT e IMT em relação à helmintosporiose-comum. Além disso, tais resultados apontam que a variabilidade entre os genótipos estudados está vinculada aos efeitos gênicos aditivos e não-aditivos. Quanto a AACPD/ST e SMT, a análise conjunta demonstrada na Tabela 3 não apontou diferença significativa para CEC, indicando que, na ausência da influência de Ambientes sobre os Genótipos, isto é, considerando os ambientes como apenas um, os híbridos não diferiram fortemente dos seus genitores para as variáveis estudadas.

A fonte de variação Ambiente apresentou-se significativa para as variáveis investigadas, demonstrando que as variáveis AACPD/ST, AACPD/IT, SMT e IMT foram altamente ($P < 0,01$) influenciadas pelos ambientes estudados.

Segundo Shanner e Finney (1977), ambientes N-contrastantes são úteis para discriminar, de forma eficiente, as diferentes reações de genótipos a doenças, sendo a AACPD um critério útil para a seleção. Portanto, a interação Genótipo x Ambiente, sendo estatisticamente significativa na análise conjunta é perfeitamente compreensível, vez que respostas diferenciadas dos genótipos foram observadas em diferentes ambientes para as variáveis investigadas. Ademais, as significâncias nas interações CGC x Ambiente e CEC x Ambiente ($P < 0,01$) demonstram que os desempenhos dos genitores e de seus respectivos híbridos foram também influenciados pelos ambientes estudados.

Realizada a análise de variância individualizada por ambiente para as variáveis AACPD/ST, AACPD/IT, SMT e IMT, novamente verificaram-se efeitos significativos para as fontes de variação de Genótipo, CGC e CEC (Tabela 4). Tais observações apontam para a existência de variabilidade genética no material estudado. Além disso, indicam que efeitos gênicos aditivos e não-aditivos estão envolvidos no controle da resistência à helmintosporiose-comum.

Nos ensaios experimentais localizados em Campos dos Goytacazes, as estimativas das médias dos quadrados dos efeitos para capacidade geral de combinação (Φ_G) foram menores quando comparadas com as estimativas da capacidade específica de combinação (Φ_S). Este resultado foi observado para todas as variáveis estudadas nos diferentes níveis de adubação nitrogenada. Nos ensaios experimentais na localidade de Itaocara, os resultados foram semelhantes. Quando avaliadas as médias dos quadrados dos efeitos, a capacidade específica de combinação (Φ_S) prevaleceu sobre a capacidade geral de combinação (Φ_G) para todas as variáveis investigadas nos níveis contrastantes de nitrogênio (Tabela 4). As médias dos quadrados dos efeitos nas estimativas de capacidade geral e específica de combinação, condicionadas a um grupo de genótipos avaliados em dialelo, podem expressar a variabilidade genética existente entre os genitores e também permitem alvitrar sobre tipo de ação gênica que predomina para as características estudadas (Cruz et al., 2012). Assim, o conhecimento inerente à capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação torna-se útil na caracterização de genitores em cruzamentos, pois a CGC está relacionada, principalmente, a genes de efeitos aditivos, ao passo que a CEC está associada com efeitos gênicos não-aditivos (Parteniani et al., 2000;

Tabela 4. Análise dialéctica individual da área abaixo da curva do progresso da doença para severidade foliar (AACPD/ST) e incidência (AACPD/IT); Severidade média (SMT) e incidência média (IMT) de helmintosporiose-comum causada *E. turcicum* em linhagens e híbridos de milho-pipoca avaliados em ambientes N-contrastantes.

FV	GL	Quadrados Médios (AACPD/ST)			
		Campos dos Goytacazes		Itaocara	
		+N	-N	+N	-N
Genótipo	35	8267,2600**	13866,6430**	650,0271**	486,9218**
C.G.C.	7	13651,9110**	32202,7330**	995,3159**	567,4633**
C.E.C.	28	6921,0970**	9282,6200**	563,7049**	466,7864**
Resíduo	220	549,2440	549,2440	16,7774	15,0400
Média dos Quadrados dos Efeitos					
Φ_G		436,7560	1055,1160	32,6179	18,4141
Φ_S		2123,9510	2911,1260	182,3092	150,5821
Resíduo		549,2440	549,2440	16,7774	15,0400
FV	GL	(AACPD/IT)			
Genótipo	35	382039,1460**	662996,2850**	113038,7031**	174723,8218*
C.G.C.	7	1124489,4840**	1436882,3580**	233428,9042**	104532,6546*
C.E.C.	28	196426,5620**	469524,7660**	82941,1529**	192271,6136*
Resíduo	220	26015,2430	36947,5520	4622,7064	2077,0609
Média dos Quadrados dos Efeitos					
Φ_G		36615,8080	46664,4940	7626,8732	3415,1864
Φ_S		56803,7730	144192,4050	26106,1488	63398,1842
Resíduo		26015,2430	36947,5520	4622,7064	2077,0609
FV	GL	(SMT)			
Genótipo	35	6,831**	9,304**	0,542**	0,505**
C.G.C.	7	9,623**	24,079**	0,740**	0,774**
C.E.C.	28	6,133**	5,610**	0,493**	0,438**
Resíduo	220	1,068	1,436	0,011	0,019
Média dos Quadrados dos Efeitos					
Φ_G		0,285	0,755	0,0241	0,025
Φ_S		1,688	1,391	0,161	0,139
Resíduo		1,068	1,436	0,011	0,019
FV	GL	(IMT)			
Genótipo	35	334,143**	597,264**	130,202**	112,095**
C.G.C.	7	993,136**	1186,652**	271,495**	100,488**
C.E.C.	28	169,395**	449,917**	94,879**	114,996**
Resíduo	220	39,043	75,007	7,245	5,906
Média dos Quadrados dos Efeitos					
Φ_G		31,803	37,055	8,808	3,153
Φ_S		43,451	124,970	29,211	36,363
Resíduo		39,043	75,007	7,245	5,906

** , * , ns: Significativo em $P < 0,01$, Significativo em $P < 0,05$ e não-significativo, respectivamente, pelo teste F.

Rameeh, 2011). Por conseguinte, a superioridade dos componentes quadráticos de CEC (Φ_s) em relação aos componentes quadráticos de CGC (Φ_G) para as variáveis estudadas demonstram o predomínio dos efeitos não-aditivos no controle da reação à helmintosporiose-comum causada por *E. turcicum* (Tabela 4) tal como observado por Nihei e Ferreira (2012).

Para os efeitos de capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) em relação à AACPD/ST, AACPD/IT, SMT e IMT houve diferenças consideráveis nas magnitudes das variáveis nos ambientes estudados. Na localidade de Campos dos Goytacazes, a disponibilidade de nitrogênio influenciou sobremaneira as estimativas de CGC para AACPD/ST, pelo que na condição ideal de adubação nitrogenada, os genitores com as melhores capacidades gerais de combinação – L80, P7 e L75 – apresentaram, respectivamente, magnitudes de -21,39; -19,78; e -18,62. Por outro lado, em baixa disponibilidade de nitrogênio, as linhagens supracitadas apresentaram, respectivamente, as magnitudes de -43,23; 9,82; e -33,75. Isto ratifica, portanto, a existência de variabilidade genética nas linhagens genitoras para ambientes contrastantes quanto ao nível de nitrogênio (Tabela 5). Quanto a AACPD/IT, os genótipos que apresentaram as melhores CGC's em ideal (+N) e baixa (-N) disponibilidade de nitrogênio foram os mesmos, a saber: L77, L80 e L75, com uma pequena alteração na ordem dos genótipos. No entanto, ao comparar as estimativas entre os níveis de nitrogênio, vê-se que em baixa disponibilidade do nutriente houve reduções para AACPD/IT da ordem de -1,6; -1,4; e -1,1 vezes em relação ao ambiente de condição ideal de adubação nitrogenada para os genitores L80, L77 e L75, respectivamente.

Quanto à severidade média de helmintosporiose-comum (SMT) para Campos dos Goytacazes, em ideal e baixa disponibilidade de nitrogênio, destacaram-se as linhagens genitoras: L80, L75 e L77. Isso evidencia baixa expectativa de discrepância genética entre os genitores quando submetidos a condições contrastantes de nitrogênio em relação a variável SMT. Para as estimativas de CGC quanto à incidência média (IMT), ainda na localidade de Campos dos Goytacazes, os genitores de melhor destaque por ordem de classificação, foram: L77, L80 e L75 em ideal disponibilidade de nitrogênio; e os genitores L80, L75 e L76 em baixa disponibilidade de nitrogênio (Tabela 5)

Considerando os resultados obtidos a partir do campo experimental de Itaocara, houve grandes flutuações em decorrência do nível de nitrogênio

aplicado para AACPD/ST, inclusive apontando diferentes desempenhos entre os genitores; isto é, em nível ideal de nitrogênio os genitores L75, L76 e L77 apresentaram as melhores estimativas de CGC. Em baixa disponibilidade de nitrogênio, no entanto, destacaram-se: L59, L76 e L80 (Tabela 5). Em relação à AACPD/IT, os genitores L75, L80 e P6 em ideal disponibilidade de nitrogênio, reportaram as melhores estimativas para CGC, porém, em baixa disponibilidade destacaram-se os genitores L59, P6 e L75.

Para SMT em Itaocara, os melhores genitores para capacidade geral de combinação em ideal disponibilidade de nitrogênio foram: L80, L76 e L75; em baixa disponibilidade de nitrogênio, entretanto, destacam-se os genitores: L59, L77 e L80. Ainda na localidade de Itaocara, considerando a variável IMT, em ideal disponibilidade de nitrogênio, as melhores estimativas de CGC foram observadas para os genitores L75, L80 e P6. Em baixa disponibilidade de nitrogênio, no entanto, os genitores L59, L75 e L77 figuraram como aqueles de melhor CGC (Tabela 5).

Notadamente, as diferenças mais patentes ocorreram em decorrência das dos ambientes geográficos. As magnitudes de AACPD/ST e AACPD/IT foram maiores no campo experimental de Campos dos Goytacazes do que em Itaocara. Possivelmente, estes resultados estão em função da quantidade de inóculo disponível no ambiente. O campo experimental de Campos dos Goytacazes, por motivo de logística, recebe durante todo o ano a maioria dos ensaios experimentais, bem como aqueles destinados à manutenção do Banco de Germoplasma dos programas de melhoramento do milho-pipoca, milho-doce e milho-comum da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Entretanto, vale ressaltar mediante os resultados obtidos que, para a seleção de linhagens endogâmicas visando resistência a helmintosporiose-comum, a reação das mesmas ao agente causal é apenas parcialmente influenciada por ambientes N-contrastantes; contudo, faz-se necessário atentar para as possíveis influências dos níveis de nitrogênio sobre a seleção dos híbridos, vez que os efeitos gênicos que impactaram as variáveis estudadas são especialmente de natureza não-aditiva, com supremacia dos componentes quadráticos de CEC (Φ_s) em relação aos componentes quadráticos de CGC (Φ_G), conforme Tabela 4.

Tabela 5. Efeito da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) para a área abaixo da curva do progresso da doença para severidade (AACPD/ST) e incidência (AACPD/IT); severidade média (SMT) e incidência média (IMT) de helmintosporiose-comum em linhagens e híbridos de milho-pipoca avaliados em ambientes N-contrastantes.

(AACPD/ST)					
Genótipos	Campos dos Goytacazes		Itaocara		Médio
	+N	-N	+N	-N	
L59	7,63	11,02	4,049	-5,41	4,32
L75	-18,62	-33,75	-6,13	-0,93	-14,86
L76	7,31	-13,06	-4,75	-2,56	-3,26
L77	-9,70	-14,47	-3,50	-1,69	-7,34
L80	-21,39	-43,23	1,19	-1,88	-16,33
P2	39,45	56,13	11,65	9,01	29,06
P6	15,09	27,54	0,024	0,68	10,83
P7	-19,78	9,82	-2,54	2,79	-2,43
(AACPD/IT)					
L59	130,59	213,41	164,47	-65,12	110,84
L75	-121,09	-130,22	-76,61	-42,87	-92,69
L76	-63,15	-84,12	-32,93	18,34	-40,46
L77	-193,06	-269,42	-9,14	-0,96	-118,14
L80	-175,02	-279,25	-75,81	-8,81	-134,72
P2	397,98	235,23	105,66	116,27	213,79
P6	18,88	229,23	-55,27	-54,46	34,59
P7	4,86	85,14	-20,37	37,59	26,81
(SMT)					
L59	0,31	0,12	0,17	-0,18	0,10
L75	-0,80	-0,60	-0,10	-0,04	-0,38
L76	0,09	-0,43	-0,15	-0,06	-0,14
L77	-0,13	-0,53	-0,06	-0,12	-0,21
L80	-0,78	-1,23	-0,15	-0,06	-0,56
P2	0,88	1,31	0,29	0,33	0,70
P6	0,29	1,24	0,02	-0,02	0,38
P7	0,14	0,12	-0,02	0,14	0,10
(IMT)					
L59	2,88	6,28	5,34	-2,52	3,00
L75	-3,00	-4,98	-2,33	-1,31	-2,91
L76	-2,14	-4,67	-1,77	0,12	-2,12
L77	-6,39	-2,75	-0,44	-1,06	-2,66
L80	-5,79	-9,09	-2,21	0,97	-4,03
P2	11,02	8,13	4,11	3,12	6,59
P6	3,74	5,73	-1,94	-0,96	1,64
P7	-0,31	1,36	-0,77	1,63	0,48

De acordo com Vivas et al. (2013), quando o objetivo do trabalho é resistência genética, as melhores combinações são aquelas que apresentam as menores estimativas para capacidade específica de combinação. Diante disso, tem-se que os resultados para AACPD/ST em Campos dos Goytacazes apontaram a quase totalidade dos híbridos superiores como desiguais para os diferentes níveis de nitrogênio avaliados. Em disponibilidade ideal de nitrogênio, as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} foram observadas para os híbridos L80 x P2, L76 x P7 e L75 x L76. Para baixa disponibilidade de nitrogênio, sobressaíram-se os híbridos L80 x P2, L77 x P2 e L59 x P7.

No campo experimental de Itaocara, as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} também flutuaram na discriminação da quase totalidade dos pares superiores em relação ao nível de nitrogênio aplicado no solo. Em ideal disponibilidade de nitrogênio, figuraram os híbridos P2 x P7, L77 x P2 e L76 x P2. Por outro lado, as combinações híbridas P2 x P6, L75 x P2 e L77 x P2 apresentaram melhores estimativas de \hat{S}_{ij} em baixa disponibilidade de nitrogênio. Ao considerar a média absoluta de \hat{S}_{ij} entre os ambientes estudados em relação à AACPD/ST, sobressaíram-se os híbridos L77 x P2, L80 x P2 e L76 x P7 (Tabela 6).

No tocante à variável AACPD/IT, no campo experimental de Campos dos Goytacazes, as combinações L77 x P2, L76 x P7 e L59 x P2 foram as mais promissoras em ideal disponibilidade de nitrogênio enquanto que, em baixa disponibilidade de nitrogênio, destacaram-se os híbridos P2 x P6, L76 x P7 e L77 x P2 com as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} . No campo experimental de Itaocara, as combinações L59 x L76, L77 x P2 e L76 x P2 apresentaram as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} em ideal disponibilidade de nitrogênio, enquanto que, em baixa disponibilidade de nitrogênio, houve supremacia dos híbridos L77 x P2, L77 x P7 e L75 x P7 (Tabela 6). Considerando a média absoluta entre os ambientes, as combinações L77 x P2, L80 x P6 e L76 x P7 foram as mais satisfatórias.

Quanto a variável SMT em Campos dos Goytacazes, as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} em ideal disponibilidade de nitrogênio foram observadas para os híbridos L76 x P7, L80 x P2 e L59 x L76. Em baixa disponibilidade de nitrogênio figuraram os híbridos L80 x P6, L76 x L77 e L80 x P2. No campo experimental de Itaocara, as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} em ideal disponibilidade de nitrogênio foram observadas para as combinações P2 x P7, L77 x P2 e L75 x P2. Em baixa disponibilidade de nitrogênio foram superiores os pares P2 x P6, L75 x P2 e L77 x

P2. Considerando a estimativa de \hat{S}_{ij} no ambiente médio, os melhores resultados foram observados para os híbridos L80 x P2, L76 x P7 e L80 x P7 (Tabela 6).

No tocante a variável IMT na Estação Experimental de Campos dos Goytacazes, as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} em ideal disponibilidade de nitrogênio foram expressas pelas combinações L77 x P2, L80 x P6 e L76 x P7. Em baixa disponibilidade de nitrogênio os melhores resultados foram observados para os híbridos L77 x P2, L77 x P6 e L76 x P7. Reportando os resultados da localidade de Itaocara, em ideal disponibilidade de nitrogênio as melhores capacidades específicas de combinação recaíram sobre os híbridos L59 x P6, L77 x P2 e L59 x L76. Na condição de baixa disponibilidade de nitrogênio, entretanto, destacaram-se os híbridos L77 x P2, L77 x P7 e L75 x P7. No ambiente médio, as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} para IMT foram devidas às combinações híbridas L77 x P2, L80 x P6 e L76 x P7 (Tabela 6).

De acordo com Cruz et al. (2012) a capacidade específica de combinação (CEC) é interpretada como o desvio de um híbrido em relação ao desempenho de seus genitores quando submetidos à análise de capacidade geral de combinação (CGC). Portanto, baixos valores absolutos de \hat{S}_{ij} indicam que os híbridos não diferem muito do comportamento de seus genitores. Por outro lado, altos valores absolutos denotam que um cruzamento específico possui melhor ou pior desempenho em relação ao que se esperava com base na CGC de seus genitores. Assim, para as variáveis inerentes à severidade foliar de helmitosporiose-comum (AACPD/ST e SMT) as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} nos diferentes ambientes foram observadas para os híbridos L77 x P2, L76 x P7, L76 x L77 e L80 x P7. Para as variáveis alusivas à incidência foliar (AACPD/IT e IMT) as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} nos diferentes ambientes foram expressas pelos híbridos L77 x P2, L80 x P6, L80 x P7. Por conseguinte, ao considerar as regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro em áreas de alta ou baixa demanda de adubação nitrogenada, recomendam-se os híbridos L77 x P2 e L80 x P7, os quais são de maior interesse na resistência a helmitosporiose-comum (Tabela 6).

Estudo comparativo de atributos agrônômicos entre linhagens genitoras conduzido por Santos et al. (2017) reportou que o genótipo L77 possui potencial de adaptação a condições de estresse abiótico em ambientes N-deficientes. Inobstante, segundo o trabalho conduzido por Kurosawa et al. (2017), as

linhagens L77 e P2 apresentam resistências intermediárias envolvendo a incidência e severidade de helmintosporiose-comum. Santos et al. (2017) observaram que o genótipo P2 é eficiente e responsivo ao uso do nitrogênio, apresentando, inclusive, elevada capacidade de expansão e estabilidade fenotípica. Por outro lado, enquanto o genótipo L80 apresentou ineficiência no uso do nitrogênio, o genótipo P7 revelou-se eficiente e responsivo no uso do nitrogênio, além de expressar alta capacidade de expansão e produtividade. Porém, no estudo de Kurosawa et al. (2017) o genótipo L80 apresentou susceptibilidade a helmintosporiose-comum enquanto P7 figurou entre as fontes de resistência a helmintosporiose-comum.

Atentando para os desempenhos dos híbridos, tendo em vista o complexo ambiental estudado, as combinações L77 x P2 e L80 x P7, resistentes a helmintosporiose-comum, possuem bom potencial agrônomo, ao expressarem estimativas de capacidade de expansão com 26,00 e 27,60 mL.g⁻¹ e rendimento de grãos de 3.055,00 e 2.335,00 Kg.ha⁻¹, respectivamente (dados não apresentados).

Tabela 6. Efeito da capacidade específica de combinação (\hat{S}_{ij}) quanto à área abaixo da curva do progresso da doença para severidade (AACPD/ST) e incidência (AACPD/IT), severidade média (SMT) e incidência média (IMT) de helmintosporiose-comum em genótipos de milho-pipoca avaliados em ambientes N-contrastantes.

Genótipo	(AACPD/ST)				Médio	(AACPD/IT)				Médio
	Campos dos Goytacazes		Itaocara			Campos dos Goytacazes		Itaocara		
	+N	-N	+N	-N		+N	-N	+N	-N	
L59 x L59	-1,93	-25,31	-14,83	2,39	-9,92	-122,53	-194,57	-19,40	-86,90	-105,85
L59 x L75	16,86	-20,76	-6,46	-2,09	-3,11	232,16	136,94	-64,83	79,86	96,03
L59 x L76	-41,65	-5,24	-5,83	-0,45	-13,29	75,22	81,50	-260,10	18,65	-21,19
L59 x L77	-37,04	-32,83	18,08	18,18	-8,40	281,13	171,45	19,70	296,45	192,18
L59 x L80	16,07	-12,51	1,31	-1,14	0,93	263,08	-277,38	-65,63	-143,20	-55,78
L59 x P2	30,82	184,58	4,45	-9,77	52,52	-286,92	-327,14	224,90	-50,79	-109,99
L59 x P6	34,30	-14,50	-11,67	-3,70	1,11	-82,82	870,33	-90,16	-83,55	153,45
L59 x P7	-15,50	-48,12	29,77	-5,80	-9,91	-236,80	-266,56	274,94	56,40	-43,01
L75 x L75	-29,46	-1,77	9,50	-5,06	-6,70	-179,15	-279,23	172,24	-131,37	-104,38
L75 x L76	-55,25	-15,72	3,22	-3,43	-17,80	90,91	-86,34	-24,76	-24,59	-11,20
L75 x L77	-33,70	84,70	0,66	14,21	16,47	56,82	15,05	-43,22	44,21	18,21
L75 x L80	-21,49	7,70	-3,22	-5,61	-5,66	-106,90	-117,56	23,44	23,56	-44,36
L75 x P2	125,79	-36,65	-12,75	-16,50	14,97	-78,23	-43,36	-174,02	-73,19	-92,20
L75 x P6	-11,99	18,16	-2,16	23,82	6,96	-137,35	574,93	-13,09	424,71	212,30
L75 x P7	38,71	-33,91	1,72	-0,28	1,56	300,89	78,80	-47,99	-211,84	29,97
L76 x L76	25,41	-43,16	1,67	-3,30	-4,84	108,96	-44,77	-64,10	-253,80	-63,43
L76 x L77	-19,81	-41,75	0,64	-4,16	-16,27	-21,57	-30,82	258,43	163,00	92,26
L76 x L80	124,66	50,68	18,54	9,69	50,89	5,83	312,21	315,77	-43,65	147,54
L76 x P2	-23,37	28,65	-15,18	15,14	1,31	43,83	-30,02	-201,70	462,76	68,72
L76 x P6	20,20	89,24	-4,02	-4,55	25,22	-49,07	385,09	-56,76	-13,00	66,56
L76 x P7	-55,60	-19,54	-0,72	-5,65	-20,38	-363,05	-542,09	97,34	-55,55	-215,84
L77 x L77	64,80	3,66	2,48	-3,03	16,98	-32,22	161,59	41,31	-26,20	36,12
L77 x L80	-36,42	-11,58	-6,30	-1,85	-14,04	-50,26	11,54	-49,35	-39,35	-31,86
L77 x P2	-30,59	-51,93	-15,99	-15,73	-28,56	-626,26	-407,86	-241,49	-332,44	-402,01
L77 x P6	36,22	-0,29	0,20	4,92	10,26	240,84	-301,25	-75,23	168,30	8,17
L77 x P7	-8,26	46,37	-2,26	-9,51	6,58	183,75	218,70	48,54	-247,75	50,81
L80 x L80	9,79	55,18	-8,63	-4,66	12,92	114,69	526,50	6,64	286,50	233,58
L80 x P2	-64,00	-61,18	12,73	10,45	-25,50	164,58	-338,91	-174,82	-156,59	-126,43
L80 x P6	-13,06	-47,59	-2,79	-2,90	-16,59	-254,54	-313,65	-13,89	-153,85	-183,98
L80 x P7	-25,34	-35,87	-3,01	0,67	-15,89	-251,18	-329,24	-48,79	-59,90	-172,28
P2 x P2	-15,17	-17,28	1,55	3,04	-6,97	222,69	709,62	131,71	-281,67	195,59
P2 x P6	-23,56	-34,69	41,67	-18,11	-8,67	-118,21	-542,17	365,97	-89,94	-96,09
P2 x P7	15,26	5,77	-18,03	28,46	7,87	455,82	270,22	-62,26	803,51	366,82
P6 x P6	-19,77	-35,85	-7,50	-9,79	-18,23	0,89	-551,96	-23,75	-108,20	-170,76
P6 x P7	-2,56	61,36	-6,25	20,11	18,17	399,36	430,64	-69,32	-36,25	181,11
P7 x P7	26,64	11,97	-0,61	-14,00	6,00	-244,39	69,76	-96,22	-124,30	-98,79

Tabela 6, Cont.

Genótipo	(SMT)				Médio	(IMT)				Médio
	Campos dos Goytacazes		Itaocara			Campos dos Goytacazes		Itaocara		
	+N	-N	+N	-N		+N	-N	+N	-N	
L59 x L59	-0,339	-0,578	-0,53	0,096	-0,338	-2,811	-9,248	-2,058	-0,738	-3,714
L59 x L75	0,544	-0,163	-0,236	-0,045	0,025	5,921	1,873	-2,402	3,148	2,135
L59 x L76	-1,475	0,676	-0,172	-0,024	-0,249	-1,431	1,746	-7,161	1,842	-1,251
L59 x L77	-0,57	-0,839	0,556	0,58	-0,068	8,675	-2,655	4,600	3,189	3,452
L59 x L80	1,733	-0,817	-0,188	-0,017	0,178	8,075	-9,390	-2,281	-4,459	-2,014
L59 x P2	0,449	2,038	0,246	-0,405	0,582	-8,097	7,298	13,250	-1,224	2,807
L59 x P6	0,608	0,804	-0,347	-0,059	0,252	-5,670	22,476	-7,917	-2,105	1,696
L59 x P7	-0,614	-0,543	1,203	-0,224	-0,044	-1,854	-2,852	6,025	1,083	0,601
L75 x L75	-0,453	-0,938	0,308	-0,186	-0,317	-6,547	-5,066	5,304	-3,106	-2,354
L75 x L76	-1,382	-0,959	0,092	-0,165	-0,603	-4,369	-0,413	0,055	0,088	-1,160
L75 x L77	-0,967	1,906	-0,01	0,459	0,347	1,327	-4,454	-0,814	1,845	-0,524
L75 x L80	-0,554	-0,272	0,086	-0,158	-0,224	-3,393	-2,439	1,105	-0,363	-1,272
L75 x P2	2,722	-0,557	-0,37	-0,546	0,312	-7,225	0,649	-6,384	-2,238	-3,799
L75 x P6	0,011	2,309	-0,083	0,69	0,732	13,312	16,137	-0,951	9,771	9,567
L75 x P7	0,529	-0,388	-0,093	0,135	0,046	7,518	-1,221	-1,219	-6,041	-0,241
L76 x L76	0,339	-1,32	0,136	-0,144	-0,247	2,889	-2,910	-0,574	-5,988	-1,646
L76 x L77	-0,786	-1,215	0,044	-0,08	-0,509	4,915	-7,291	3,127	0,339	0,273
L76 x L80	3,517	2,037	0,13	0,333	1,504	0,565	10,844	8,966	-1,889	4,622
L76 x P2	-0,487	0,862	-0,316	0,305	0,091	0,253	3,182	-6,193	10,916	2,040
L76 x P6	2,102	1,818	-0,029	-0,179	0,928	4,370	11,170	-0,790	-0,665	3,521
L76 x P7	-2,17	-0,579	-0,019	0,096	-0,668	-10,08	-13,41	3,142	1,343	-4,754
L77 x L77	1,399	0,54	-0,078	-0,016	0,461	0,411	24,928	1,118	1,406	6,966
L77 x L80	-1,118	-0,128	0,048	-0,073	-0,318	-0,359	-4,987	-1,203	-1,402	-1,988
L77 x P2	-1,142	-0,493	-0,398	-0,461	-0,623	-15,50	-20,15	-7,532	-8,227	-12,852
L77 x P6	0,467	-0,607	0,009	-0,115	-0,061	3,596	-14,95	-1,809	7,572	-1,398
L77 x P7	1,315	0,296	-0,091	-0,28	0,31	-3,478	4,631	1,393	-6,130	-0,896
L80 x L80	-0,295	1,714	0,144	-0,13	0,358	2,631	15,108	0,456	8,180	6,594
L80 x P2	-1,779	-1,111	-0,312	0,202	-0,75	6,709	-5,784	-6,693	-1,065	-1,708
L80 x P6	0,26	-2,065	-0,055	0,028	-0,458	-10,34	-9,726	-0,060	-5,686	-6,454
L80 x P7	-1,472	-1,072	0,005	-0,057	-0,649	-6,518	-8,734	-0,748	-1,498	-4,374
P2 x P2	-0,243	-0,236	0,272	0,334	0,032	5,337	13,864	1,258	-7,130	3,332
P2 x P6	-0,564	-0,37	1,079	-0,56	-0,104	0,954	-10,45	13,591	-2,641	0,364
P2 x P7	1,284	0,103	-0,471	0,795	0,428	12,230	-2,476	-2,557	18,737	6,484
P6 x P6	-0,975	-2,204	-0,194	-0,214	-0,897	-7,309	-16,33	-0,116	-3,672	-6,857
P6 x P7	-0,937	2,519	-0,184	0,621	0,505	8,397	18,002	-1,834	1,096	6,415
P7 x P7	1,031	-0,168	-0,174	-0,544	0,036	-3,107	3,034	-2,102	-4,296	-1,618

5.1.2. Resistência a helmintosporiose-maidis

Os resultados da análise de variância conjunta envolvendo os quatro ambientes no estudo do efeito gênico da resistência a helmintosporiose-maidis (Tabela 7) revelam que para as variáveis área abaixo da curva do progresso da doença da severidade (AACPD/SB) e severidade média (SMB) de helmintosporiose-maidis causada por *B. maydis*, houve efeito significativo para as fontes de variação: Genótipo, CEC, Ambiente, Genótipo x Ambiente, CGC x Ambiente e CEC x Ambiente. Contudo, não houve efeito significativo para a fonte de variação CGC para as variáveis supracitadas, o que pressupõe que, ao desconsiderar os efeitos dos ambientes sobre os genótipos, os genitores não representariam diferenças consideráveis entre si. Em relação às variáveis área abaixo da curva do progresso da doença para a incidência foliar (AACPD/IB) e incidência média (IMB) de helmintosporiose-maidis, a análise de variância conjunta denotou significância para todas as fontes de variação estudadas. Porém, em IMB não houve efeito significativo para CGC. Diante do efeito significativo da interação de Genótipo x Ambiente, conjectura-se que os genótipos respondem de forma diferenciada aos diferentes ambientes envolvidos, sendo, pois, conveniente realizar a apreciação dos resultados separada por ambiente.

Tabela 7. Análise dialélica conjunta da área abaixo da curva do progresso da doença para severidade foliar (AACPD/SB) e incidência (AACPD/IB), severidade média (SMB) e incidência média (IMB) de helmintosporiose-maidis em linhagens e híbridos de milho-pipoca sob níveis contrastantes de nitrogênio nas cidades de Campos dos Goytacazes e Itaocara, regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, respectivamente.

FV	GL	Quadrados Médios			
		AACPD/SB	AACPD/IB	SMB	IMB
Genótipo (G)	35	3452,8029*	1672953,3546**	3,7707**	1263,2708**
C.G.C.	7	4363,6283 ^{ns}	2211643,4764*	4,0678 ^{ns}	1526,0064 ^{ns}
C.E.C.	28	3225,0966*	1538280,8242**	3,6964**	1197,5869**
Ambiente (E)	3	19033,8937**	5584873,5157**	16,2315**	5559,0146**
G x E	105	1951,9439**	772982,2179**	1,9674**	561,3603**
CGC x E	21	2772,8192**	883939,3309**	2,6819**	767,8791**
CEC x E	84	1746,7251**	745242,9396**	1,7888**	509,7305**
Resíduo	880	78,8001	80589,8200	0,0316	87,3796

** , * , ns: Significativo em $P < 0,01$, Significativo em $P < 0,05$, e não-significativo, respectivamente, pelo teste F.

Realizada a análise de variância individualizada por ambiente para as variáveis AACPD/SB, AACPD/IB, SMB e IMB, novamente verificaram-se efeitos significativos ($P < 0,01$) para as fontes de variação Genótipo, CGC e CEC em todos os ambientes envolvidos (Tabela 8), evidenciando que os efeitos gênicos aditivos e não-aditivos estão envolvidos no controle helmintosporiose-maidis, o que está em consonância com os resultados obtidos por Shieh e Lu (1993) e Karimishahri e Sharma (2017).

Segundo Hallauer et al. (2010), considerando um loco específico, as estimativas CGC são devido às diferenças genéticas entre os genitores e dos efeitos médios de substituição alélica, sendo diretamente associados aos efeitos aditivos dos genes. Por outro lado, os efeitos de CEC estão em função da dominância e do produto das diferenças nas frequências alélicas dos genitores, sendo atribuído aos efeitos de dominância, sobredominância e epistasia. Observando os resultados experimentais obtidos na localidade de Campos dos Goytacazes, as estimativas das médias dos quadrados dos efeitos para capacidade geral de combinação (Φ_G) foram menores quando comparadas com as estimativas da capacidade específica de combinação (Φ_S) para todas as variáveis estudadas nos diferentes níveis de adubação nitrogenada. Nos ensaios experimentais na localidade de Itaocara, os resultados foram semelhantes. Quando estudadas as médias dos quadrados dos efeitos, a capacidade específica de combinação (Φ_S) prevaleceu sobre a capacidade geral de combinação (Φ_G) para variáveis investigadas nos níveis contrastantes de nitrogênio (Tabela 8). Assim, apesar da participação dos efeitos gênicos aditivos, os efeitos gênicos não-aditivos foram mais importantes no controle da resistência à *B. maydis*. Contudo, houve contraste com os resultados obtidos por Shieh e Lu (1993) e Karimishahri e Sharma (2017), em que predominaram os efeitos gênicos aditivos, pois em ambos os estudos os componentes quadráticos Φ_G sobrepujaram as estimativas de Φ_S .

Tabela 8. Análise dialélica individual da área abaixo da curva do progresso da doença para severidade foliar (AACPD/SB) e incidência (AACPD/IB), severidade média (SMB) e incidência média (IMB) de helmintosporiose-maidis em linhagens e híbridos de milho-pipoca avaliados em ambientes N-contrastantes.

FV	GL	Quadrados Médios (AACPD/SB)			
		Campos dos Goytacazes		Itaocara	
		+N	-N	+N	-N
Genótipo	35	6311,783**	2930,608**	4,779**	61,465**
C.G.C.	7	6855,850**	5782,578**	2,808**	40,849**
C.E.C.	28	6175,766**	2217,615**	5,272**	66,619**
Resíduo	220	247,938	66,501	0,021	0,7397
Média dos Quadrados dos Efeitos					
Φ_G		220,264	190,536	0,093	1,337
Φ_S		1975,942	717,038	1,750	21,959
Resíduo		247,938	66,501	0,021	0,739
FV	GL	(AACPD/IB)			
Genótipo	35	1591849,805**	1496973,188**	334741,243*	568335,771*
C.G.C.	7	1895123,232**	2225218,463**	352372,002*	390747,771*
C.E.C.	28	1516031,449**	1314911,869**	330333,554*	612732,771*
Resíduo	220	86432,766	88529,266	56766,981	90630,250
Média dos Quadrados dos Efeitos					
Φ_G		60289,682	71222,973	9853,500	10003,9174
Φ_S		476532,894	408794,201	91188,857	174034,173
Resíduo		86432,766	88529,266	56766,981	90630,250
FV	GL	(SMB)			
Genótipo	35	6,451**	3,197**	0,0040**	0,0213**
C.G.C.	7	6,315**	5,787**	0,0021**	0,0096**
C.E.C.	28	6,484**	2,550**	0,0044**	0,0242**
Resíduo	220	0,085	0,042	0,0001	0,0001
Média dos Quadrados dos Efeitos					
Φ_G		0,208	0,191	0,0001	0,0003
Φ_S		2,133	0,836	0,0014	0,0080
Resíduo		0,085	0,042	0,0001	0,0001
FV	GL	(IMB)			
Genótipo	35	1119,718**	1101,245**	275,0697**	451,3193**
C.G.C.	7	1500,355**	1706,996**	235,6448**	386,6483**
C.E.C.	28	1024,559**	949,807**	284,9259**	467,4870**
Resíduo	220	134,406	100,903	40,7525	73,4568
Média dos Quadrados dos Efeitos					
Φ_G		45,532	53,536	6,4964	10,4397
Φ_S		296,717	282,968	81,3911	131,3434
Resíduo		134,406	100,903	40,7525	73,4568

** , * , ns: Significativo em $P < 0,01$, Significativo em $P < 0,05$, e não-significativo, respectivamente, pelo teste F.

Quanto às estimativas de \hat{g}_i para AACPD/SB na localidade de Campos dos Goytacazes, os genótipos que apresentaram as melhores capacidades gerais de combinação em ideal disponibilidade de nitrogênio foram respectivamente: P2, L76 e L59. Em baixa disponibilidade de nitrogênio houve apenas mudança posicional na classificação dos melhores genótipos; destacando-se L76, P2 e L59, nesta ordem (Tabela 9). Ainda em relação à AACPD/SB, porém na localidade de Itaocara, os níveis de nitrogênio afetaram mais gravemente as estimativas de capacidade geral de combinação, isto é, os melhores genitores em condição ideal de adubação nitrogenada não foram os mesmos em baixa disponibilidade de nitrogênio. Em disponibilidade ideal de nitrogênio, as melhores capacidades gerais de combinação foram apresentadas pelos genótipos P7, L75 e L80. Em baixa disponibilidade de nitrogênio, no entanto, as melhores estimativas foram apresentadas pelos genótipos L77, L76 e P2.

Para a variável AACPD/IB na localidade de Campos dos Goytacazes, os diferentes níveis de nitrogênio influenciaram parcialmente a capacidade geral de combinação dos genótipos. Em dose ideal de nitrogênio, destacaram-se os genótipos L76, L59 e L80. Em baixa disponibilidade do nutriente, os genótipos de melhor desempenho, foram: L76, P2 e L59 (Tabela 9). Considerando a localidade de Itaocara, em disponibilidade ideal de nitrogênio, os genótipos P2, L59 e L76 apresentaram os melhores desempenhos, enquanto em baixa disponibilidade de nitrogênio os genótipos destacados na mesma localidade, foram: L75, L59 e P2. No ambiente médio, isto é, quando considerado o desempenho médio dos genótipos em todos os ambientes estudados simultaneamente, apresentaram os melhores resultados os genótipos P2, L76 e L59 para as variáveis AACPD/SB e AACPD/IB (Tabela 9).

No tocante à variável SMB na área experimental de Campos dos Goytacazes, figuraram com as melhores estimativas de \hat{g}_i os genitores P2, L76 e L59, os quais persistiram no ambiente de baixa disponibilidade de nitrogênio apenas com alteração posicional, isto é, L76, P2 e L59. Em Itaocara, apresentaram melhores estimativas de \hat{g}_i em ideal disponibilidade de nitrogênio os genitores P2, L75 e P7. Em baixa disponibilidade de nitrogênio destacaram-se os genitores L75, L76 e L77. No ambiente médio, considerando a variável SMB, figuraram novamente os genitores P2, L76 e L59 (Tabela 9).

Tabela 9. Efeito da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) para a área abaixo da curva do progresso da doença da severidade (AACPD/SB) e incidência (AACPD/IB); severidade média (SMB) e incidência média (IMB) de helmintosporiose-maidis em milho-pipoca em linhagens e híbridos de milho-pipoca avaliados em ambientes N-contrastantes.

Genótipos	(AACPD/SB)				Médio
	Campos dos Goytacazes		Itaocara		
	+N	-N	+N	-N	
L59	-11,057	-9,299	0,093	-0,119	-5,096
L75	20,424	3,595	-0,418	-0,776	5,706
L76	-16,845	-12,855	0,13	-0,948	-7,63
L77	0,775	30,081	0,425	-1,237	7,511
L80	-0,005	-0,762	-0,171	1,83	0,223
P2	-17,598	-11,667	0,237	-0,848	-7,469
P6	2,91	5,072	0,124	0,715	2,205
P7	21,396	-4,163	-0,419	1,381	4,549
Genótipos	(AACPD/IB)				Médio
	Campos dos Goytacazes		Itaocara		
	+N	-N	+N	-N	
L59	-205,576	-184,342	-119,267	-79,3	-147,121
L75	413,306	164,553	133,233	-170,8	135,073
L76	-394,732	-408,035	-12,667	41,6	-193,459
L77	62,666	325,602	80,8	61,1	132,542
L80	-74,058	-0,867	-7,167	218,2	34,027
P2	-61,44	-223,566	-180,2	-44	-127,302
P6	15,125	366,2	105,033	-0,3	121,515
P7	244,711	-39,545	0,233	-26,5	44,725
Genótipos	(SMB)				Médio
	Campos dos Goytacazes		Itaocara		
	+N	-N	+N	-N	
L59	-0,40	-0,369	0,004	0,011	-0,189
L75	0,015	0,223	-0,01	-0,014	0,054
L76	-0,41	-0,439	0,005	-0,015	-0,215
L77	0,02	0,874	0,011	-0,022	0,221
L80	0,358	-0,106	0,004	0,027	0,071
P2	-0,46	-0,385	-0,011	-0,012	-0,217
P6	-0,022	0,219	0,008	0,009	0,053
P7	0,897	-0,017	-0,01	0,016	0,222
Genótipos	(IMB)				Médio
	Campos dos Goytacazes		Itaocara		
	+N	-N	+N	-N	
L59	-5,406	-5,125	-3,159	-0,063	-3,438
L75	8,961	6,116	3,066	-5,889	3,064
L76	-10,965	-12,226	-0,379	1,334	-5,559
L77	5,946	8,487	3,086	-2,922	3,649
L80	-0,908	-0,858	-0,448	6,631	1,105
P2	-3,418	-5,524	-4,68	-0,086	-3,427
P6	-2,384	9,048	1,844	1,107	2,404
P7	8,172	0,082	0,671	-0,114	2,203

Em relação à IMB, no ambiente de ideal e de baixa disponibilidade de nitrogênio em Campos dos Goytacazes figuraram com as melhores estimativas de

\hat{g}_i os genitores L76, L59 e P2. Reportando os resultados em Itaocara, a ordem dos melhores genitores em ideal disponibilidade de nitrogênio, foi: P2, L59 e L80. Em baixa disponibilidade de nitrogênio despontaram os genitores L75, L77 e P7. Considerando o ambiente médio os melhores genitores superiores foram: L76, L59 e P2 (Tabela 9)

Para os efeitos de capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) em relação à AACPD/SB, AACPD/IB, SMB e IMB é possível observar que as estimativas de \hat{g}_i dos genótipos foram pouco influenciadas pelos diferentes níveis de nitrogênio. Entretanto, tendo em vista que os efeitos gênicos não-aditivos foram majoritários no controle das variáveis estudadas, vem à baila que as implicações das disponibilidades de N sejam mais importantes a partir das estimativas de \hat{S}_{ij} no julgamento do mérito das progênies.

No que se refere às estimativas \hat{S}_{ij} , para a característica AACPD/SB em relação à helmintosporiose-maidis (Tabela 10), teve-se que, em Campos dos Goytacazes os níveis diferenciados de nitrogênio impactaram sobremaneira a capacidade específica de combinação, na medida em que os resultados obtidos na condição ótima de adubação nitrogenada foram contrastantes quando comparados com aqueles obtidos em condições deficitárias de nitrogênio. Para o ambiente com ótima adubação nitrogenada (+N), as combinações que se sobressaíram, foram: L75 x P7 e L75 x L80 e L59 x P7. Por sua vez, na condição de baixa disponibilidade de nitrogênio (-N) a seleção dos genótipos superiores recaiu para os pares L77 x P7, L77 x P6 e L77 x L80.

Em alusão aos resultados obtidos na localidade de Itaocara, vê-se novamente que as estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação para AACPD/SB foram afetadas pela disponibilidade de nitrogênio. Em condição de ideal disponibilidade de nitrogênio na adubação, as melhores combinações foram: L77 x P2, L76 x L77 e L77 x P6. Por outro lado, em baixa disponibilidade de nitrogênio, os genótipos selecionados foram: L80 x P6, L59 x L80 e L59 x P7. Analisando o desempenho dos genótipos no ambiente médio, os melhores valores absolutos foram observados para as combinações L75 x P7, L77 x P7 e L75 x L80 (Tabela 10).

Tabela 10. Efeito da capacidade específica de combinação (\hat{S}_{ij}) quanto à área abaixo da curva do progresso da severidade (AACPD/SB) e incidência (AACPD/IB), severidade média (SMB) e incidência média (IMB) de helmintosporiose-maidis em genótipos de milho-pipoca avaliados em ambientes N-contrastantes.

Genótipo	AACPD/SB					AACPD/IB				
	Campos dos Goytacazes		Itaocara		Médio	Campos dos Goytacazes		Itaocara		Médio
	+N	-N	+N	-N		+N	-N	+N	-N	
L59 x L59	31,86	13,70	1,90	-1,17	11,57	1094,83	1217,94	12,24	-69,40	563,90
L59 x L75	-22,17	-5,00	-0,15	-0,51	-6,96	-938,30	-279,99	-126,26	502,10	-210,61
L59 x L76	1,90	5,20	-0,68	-0,33	1,52	-70,18	144,79	0,64	-445,30	-92,51
L59 x L77	-2,12	-15,55	-0,98	-0,05	-4,68	-364,29	-449,14	-73,83	411,20	-119,01
L59 x L80	-11,74	-4,49	-0,39	-3,11	-4,94	-633,07	-240,22	77,14	-600,90	-349,26
L59 x P2	6,18	5,36	-0,79	-0,38	2,60	-490,64	-448,08	168,17	-123,70	-223,56
L59 x P6	-4,86	-8,68	-0,68	9,39	-1,21	-486,39	-545,57	42,94	751,60	-59,36
L59 x P7	-30,90	-4,24	-0,15	-2,70	-9,49	793,21	-617,66	-113,26	-356,20	-73,48
L75 x L75	107,35	5,78	0,37	0,37	28,47	768,97	1142,66	318,24	-141,40	522,12
L75 x L76	-24,79	7,06	-0,17	2,84	-3,76	189,30	-573,70	-232,86	758,20	35,23
L75 x L77	-12,81	30,02	-0,47	0,58	4,33	31,87	-69,32	370,67	342,70	168,98
L75 x L80	-42,18	-13,74	0,12	-0,57	-14,09	-602,26	-354,00	-417,36	-454,40	-457,01
L75 x P2	-18,79	-5,73	-0,28	0,23	-6,14	163,59	-758,51	-472,33	-268,20	-333,86
L75 x P6	-30,14	-12,44	-0,17	-1,32	-11,02	118,71	223,48	-49,56	-311,90	-4,82
L75 x P7	-63,83	-11,73	0,37	-2,00	-19,30	-500,86	-473,28	291,24	-285,70	-242,15
L76 x L76	24,83	9,41	-0,72	0,49	8,50	356,73	639,98	-265,96	-94,20	159,14
L76 x L77	-5,74	-33,28	-1,02	1,09	-9,73	-347,91	-449,64	-275,43	-90,70	-290,92
L76 x L80	-6,86	-1,49	-0,42	-2,02	-2,69	-291,05	-156,96	-111,46	49,20	-127,57
L76 x P2	11,04	10,09	-0,81	0,39	5,18	238,99	-258,61	297,57	-404,60	-31,66
L76 x P6	-8,67	-8,27	4,70	-1,16	-3,35	-297,10	-336,22	576,34	267,70	52,68
L76 x P7	-16,56	1,87	-0,16	-1,82	-4,17	-135,51	350,39	277,14	53,90	136,48
L77 x L77	31,44	80,14	2,87	1,07	28,88	238,01	1086,20	583,10	186,80	523,53
L77 x L80	-8,58	-34,87	-0,71	-2,00	-11,54	520,88	-375,08	-364,93	-290,30	-127,36
L77 x P2	-4,78	-29,92	-1,11	0,73	-8,77	-278,82	-412,61	-217,23	215,90	-173,19
L77 x P6	-8,89	-35,66	-1,00	-0,92	-11,62	937,11	311,57	-553,13	-522,80	43,19
L77 x P7	-19,98	-41,02	-0,47	-1,59	-15,76	-974,87	-728,19	-52,33	-439,60	-548,75
L80 x L80	-24,80	-10,18	-0,13	-5,09	-10,05	-551,41	-352,12	119,04	192,60	-147,97
L80 x P2	8,45	10,86	1,95	1,64	5,72	-193,55	475,20	696,07	774,80	438,13
L80 x P6	-17,31	0,46	-0,42	-4,00	-5,32	567,69	-182,56	166,84	-700,90	-37,23
L80 x P7	127,8	63,62	0,13	20,24	52,95	1734,18	1537,85	-284,36	837,30	956,24
P2 x P2	14,89	7,03	1,07	0,29	5,82	640,00	879,91	-6,90	-235,00	319,50
P2 x P6	-8,57	-6,46	-0,82	-1,27	-4,28	-526,64	-65,79	-292,13	193,30	-172,81
P2 x P7	-23,30	1,73	-0,28	-1,94	-5,95	-192,92	-291,42	-166,33	82,50	-142,04
P6 x P6	-16,83	36,50	-0,72	0,62	4,90	-633,96	49,44	-25,36	73,60	-134,07
P6 x P7	112,1	-1,97	-0,18	-1,96	27,00	954,53	496,21	159,44	175,80	446,50
P7 x P7	-42,67	-4,13	0,37	-4,13	-12,64	-838,88	-136,95	-55,76	-34,00	-266,40

Tabela 10, Cont.

Genótipo	SMB					IMB				
	Campos dos Goytacazes		Itaocara		Médico	Campos dos Goytacazes		Itaocara		Médio
	+N	-N	+N	-N		+N	-N	+N	-N	
L59 x L59	0,57	0,51	-0,02	-0,05	0,25	26,00	33,54	0,96	-3,94	14,14
L59 x L75	0,02	-0,23	-0,01	0,00	-0,06	-24,95	-9,61	-2,09	13,64	-5,75
L59 x L76	0,07	0,27	-0,02	-0,02	0,07	-3,36	4,09	0,82	-14,00	-3,11
L59 x L77	0,20	-0,84	-0,03	-0,02	-0,17	-3,77	-14,25	-2,11	-3,19	-5,83
L59 x L80	-0,60	0,04	0,12	-0,06	-0,12	-18,17	-6,93	3,17	-18,71	-10,16
L59 x P2	0,26	0,20	-0,01	-0,03	0,11	-9,32	-13,41	-0,02	22,76	0,00
L59 x P6	0,00	-0,22	-0,02	0,27	0,01	-11,99	-14,40	0,88	19,34	-1,54
L59 x P7	-1,10	-0,23	-0,01	-0,05	-0,35	19,56	-12,58	-2,56	-11,97	-1,89
L75 x L75	1,36	0,37	0,01	0,00	0,44	25,52	28,08	11,04	-0,95	15,92
L75 x L76	-0,19	0,10	-0,01	0,07	-0,01	5,44	-16,61	-4,87	20,49	1,11
L75 x L77	-0,03	1,20	-0,01	0,01	0,29	-6,39	-3,68	11,02	0,53	0,37
L75 x L80	-0,95	-0,52	-0,01	-0,04	-0,38	-16,20	-11,78	-9,78	-11,36	-12,28
L75 x P2	-0,08	-0,38	0,01	0,00	-0,11	1,23	-12,32	-11,88	-6,75	-7,43
L75 x P6	-0,17	-0,44	-0,01	-0,02	-0,16	6,86	5,41	-13,48	-7,94	-2,29
L75 x P7	-1,30	-0,48	0,02	-0,03	-0,45	-17,03	-7,57	9,00	-6,72	-5,58
L76 x L76	0,67	0,37	-0,02	0,00	0,26	8,93	18,89	-6,40	-3,39	4,51
L76 x L77	-0,16	-0,96	-0,03	0,02	-0,28	-8,21	-22,39	-7,53	2,61	-8,88
L76 x L80	-0,57	-0,01	-0,02	-0,04	-0,16	-7,86	-4,83	-10,55	1,31	-5,48
L76 x P2	0,33	0,31	-0,01	0,00	0,16	3,49	0,20	8,90	-11,86	0,18
L76 x P6	0,04	-0,38	0,13	-0,02	-0,06	-1,36	-7,85	18,04	6,84	3,92
L76 x P7	-0,87	-0,06	-0,01	-0,03	-0,24	-5,99	9,60	7,99	1,39	3,25
L77 x L77	0,91	2,59	0,06	0,02	0,89	13,22	32,96	15,45	15,12	19,19
L77 x L80	-0,54	-0,97	-0,03	-0,03	-0,39	8,40	-10,60	-9,80	-3,32	-3,83
L77 x P2	0,10	-0,89	-0,01	0,01	-0,20	-5,76	-3,67	-6,26	-9,02	-6,18
L77 x P6	-0,21	-1,24	0,00	-0,01	-0,36	23,21	9,79	-14,20	-10,33	2,12
L77 x P7	-1,19	-1,48	-0,01	-0,02	-0,68	-33,90	-21,11	-2,02	-7,53	-16,14
L80 x L80	-1,31	-0,23	-0,02	-0,08	-0,41	-3,00	-8,98	3,63	4,90	-0,86
L80 x P2	-0,16	0,29	-0,01	0,07	0,05	-1,53	13,21	20,19	16,06	11,98
L80 x P6	-0,90	-0,30	-0,02	-0,06	-0,32	-3,16	-3,30	6,89	-16,55	-4,03
L80 x P7	6,32	1,93	-0,01	0,32	2,14	44,50	42,18	-7,38	22,76	25,52
P2 x P2	0,37	0,43	0,01	0,00	0,20	10,35	14,39	0,09	-8,11	4,18
P2 x P6	-0,21	-0,28	-0,01	-0,02	-0,13	-15,39	-2,20	-6,43	3,81	-5,06
P2 x P7	-0,99	-0,10	0,01	-0,03	-0,28	6,57	-10,59	-4,68	1,23	-1,87
P6 x P6	-0,29	0,78	-0,03	-0,04	0,11	-12,91	-0,39	2,38	0,50	-2,60
P6 x P7	2,01	1,30	-0,01	-0,05	0,81	27,65	13,33	3,55	3,83	12,09
P7 x P7	-1,44	-0,44	0,01	-0,06	-0,48	-20,69	-6,63	-1,95	-1,50	-7,69

No tocante às estimativas da capacidade específica de combinação para a área abaixo da curva do progresso da doença da incidência de helmintosporiose-maidis (AACPD/IB) causada por *B.maydis* (Tabela 10), para a localidade de Campos dos Goytacazes em relação ao ambiente com disponibilidade ideal de nitrogênio (+N), os genótipos que apresentaram os melhores desempenhos para a capacidade específica de combinação, foram os pares L77 x P7, L59 x L75 e L59 x L80. Quando submetidos à baixa disponibilidade de nitrogênio (-N), as mais interessantes capacidades específicas de combinação ocorreram para com os híbridos L75 x P2, L77 x P7 e L59 x P7. Na localidade de Itaocara, as melhores estimativas para combinações específicas em relação à AACPD/IB no ensaio envolvendo a disponibilidade ideal de nitrogênio foram expressas pelas combinações L77 x P6, L75 x P2 e L75 x L80. Por outro lado, na condição de baixa disponibilidade de nitrogênio, sobressaíram-se os pares L80 x P6, L59 x L80 e L77 x P6. Adicionalmente, no ambiente médio figuram os híbridos L77 x P7, L75 x L80 e L59 x L80 (Tabela 10).

Em relação à variável SMB, mais uma vez os níveis contrastantes na adubação nitrogenada implicaram em seleção divergente dos potenciais híbridos resistentes a helmintosporiose-maidis. Na estação experimental de Campos dos Goytacazes, considerando a ideal disponibilidade de nitrogênio na adubação, os híbridos mais promissores foram: L75 x P7, L77 x P7 e L59 x P7. Dessemelhantemente, na condição de baixa disponibilidade de nitrogênio, despontaram as combinações L77 x P7, L77 x P6 e L77 x L80 (Tabela 10).

Na Estação Experimental de Itaocara, novamente os diferentes níveis de N afetaram a seleção dos melhores híbridos para SMB mediante as estimativas de \hat{S}_{ij} . Em disponibilidade ideal de N, as melhores combinações foram: L59 x L77, L76 x L77 e L77 x L80. Em baixa disponibilidade de N, no entanto, destacaram-se os híbridos L59 x L80, L80 x P6 e L59 x P7. No ambiente médio, as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} para a severidade média de helmintosporiose-maidis (SMB) foram expressas pelos híbridos L77 x P7, L75 x P7 e L77 x L80 (Tabela 10).

Reportando aos resultados da incidência média de helmintosporiose-maidis (IMB), na Estação Experimental de Campos dos Goytacazes, sobressaíram-se as combinações híbridas L77 x P7, L59 x L75 e L59 x L80 na condição de ideal disponibilidade de nitrogênio. Em baixa disponibilidade de nitrogênio, destacaram-se os híbridos L76 x L77, L77 x P7 e L75 x L76. Na Estação Experimental de

Itaocara, em ideal disponibilidade de nitrogênio as combinações híbridas L77 x P6, L75 x P6 e L75 x P2 exprimiram as melhores estimativas \hat{S}_{ij} , enquanto na condição de baixa disponibilidade nitrogênio os híbridos mais promissores foram: L59 x L80, L80 x P6 e L59 x L76. Ao considerar o desempenho dos híbridos no ambiente médio destacaram-se as combinações L77 x P7, L75 x L80 e L59 x L80 (Tabela 10).

Com enfoque nas estimativas mais atraentes de \hat{S}_{ij} para as variáveis AACPD/SB e SMB alusivas à severidade foliar de helmintosporiose-maidis, entre todos os ambientes estudados, conclui-se que os híbridos de maior interesse, foram: L77 x P7, L77 x L80, e L59 x P7. Em relação às variáveis inerentes a incidência foliar de helmintosporiose-maidis – AACPD/IB e IMB –, destacaram-se nos ambientes estudados as combinações híbridas L77 x P7 e L75 x L80 (Tabela 10). Por conseguinte, a combinação L77 x P7 prospectou-se como oportunidade para realização de cultivos mais sustentáveis no manejo da helmintosporiose-maidis devido à sua plasticidade fenotípica entre distintos ambientes. Inobstante, esse híbrido revelou estimativa média de capacidade de expansão de $29,50 \text{ mL.g}^{-1}$ e de rendimento de grãos de $4.438,45 \text{ Kg.ha}^{-1}$ (dados não apresentados). Portanto, trata-se de genótipo com elevado potencial para utilização pelos produtores locais, com perspectiva de elevação da renda por unidade de área.

5.2. Análise dialélica de Hayman (1954)

5.2.1. Pressuposições do modelo aditivo-dominante

Em atenção às pressuposições do modelo aditivo-dominante, os resultados dos testes de suficiência do modelo (Tabelas 11 e 12) revelaram que para helmintosporiose-comum, as variáveis que atenderam as pressuposições nos diferentes ambientes estudados, foram: área abaixo da curva do progresso da doença da incidência (AACPD/IT) e Incidência Média (IMT), as quais foram não significativas na condição de suprimento ideal de nitrogênio em Campos dos Goytacazes (+N). As demais variáveis em seus respectivos ambientes de estudo foram descartadas, por expressarem significância para os testes F e, ou t (Tabela 11).

Em relação à helmintosporiose-maidis (Tabela 12), em Campos dos Goytacazes na condição de baixo N, apenas uma variável atendeu as pressuposições do modelo, sendo, portanto, não significativa nos diferentes testes de suficiência, a saber: área abaixo da curva do progresso da doença da incidência (AACPD/IB). De igual modo, a área abaixo da curva do progresso da doença da incidência (AACPD/IB) demonstrou adequação ao modelo pelos testes de suficiência também no campo experimental de Itaocara; porém, em condição ideal de disponibilidade de nitrogênio (+N). As demais variáveis em seus respectivos ambientes de estudo foram desconsideradas, por haverem sido significativas em pelo menos um dos três testes de suficiência (Tabela 12).

Tabela 11. Resultado dos testes de suficiência do modelo aditivo-dominante pela heterogeneidade de $\hat{W}_i - \hat{V}_i$ para área abaixo do progresso da doença da incidência (AAPD/IT) e da severidade (AACPD/ST), severidade média (SMT) e incidência média (IMT) de helmintosporiose-comum em quatro ambientes N-contrastantes.

Teste de suficiência	Ambiente				Variável
	Campos dos Goytacazes		Itaocara		
	+N	-N	+N	-N	
a	0,0015**	0,0030**	0,0001**	0,0267*	AACPD/ST
b	-4,6978*	-5,9108*	-4,7854*	-3,4588*	
b'	1,9889*	3,6935*	2,6126*	1,4497 ^{ns}	
a	0,1896 ^{ns}	1,0000 ^{ns}	0,0029**	0,0006**	SMT
b	-3,3748*	-2,2439*	-5,1637*	-2,4412*	
b'	0,6319 ^{ns}	0,7969 ^{ns}	2,6533*	0,9964 ^{ns}	
a	1,0000 ^{ns}	0,0001**	0,0080**	0,0**	AACPD/IT
b	-1,4603 ^{ns}	-2,6531*	-2,0650*	-12,0096*	
b'	0,5699 ^{ns}	0,6535 ^{ns}	0,9782 ^{ns}	5,6228*	
a	1,0000 ^{ns}	0,0067**	0,0081**	0,0016**	IMT
b	-1,3335 ^{ns}	-4,7205*	-7,5001*	-7,7880*	
b'	0,6506 ^{ns}	1,4055 ^{ns}	4,8506*	3,6657*	

^{ns}, não significativo; * e **, significativo em 5 % e 1 %, respectivamente, pelo teste F ou t. Teste **a**, baseado no efeito de Linhas na ANOVA $\hat{W}_i - \hat{V}_i$; Teste **b**, baseado na análise de regressão linear de \hat{W}_i em \hat{V}_i ; e teste **b'** baseado na análise de regressão linear do teste **b**, porém com rotação dos eixos em 45°.

Tabela 12. Resultado dos testes de suficiência do modelo aditivo-dominante pela heterogeneidade de $\hat{W}_i - \hat{V}_i$ para área abaixo do progresso da doença da incidência (aapd/ib) e da severidade (AACPD/SB), severidade média (SMB) e incidência média (IMB) de helmintosporiose-maidis em quatro ambientes N-contrastantes.

Teste de suficiência	Ambientes				Variável
	Campos dos Goytacazes		Itaocara		
	+N	-N	+N	-N	
a	0,0000**	0,0001**	0,0000**	0,0000**	AACPD/SB
b	-4,0626*	-0,7141 ^{ns}	-4,7767*	-43,8419*	
b'	1,0382 ^{ns}	0,0527 ^{ns}	1,5056 ^{ns}	21,3399*	
a	0,0035**	0,0006**	0,0000**	0,0000**	SMB
b	-26,1932*	-0,7501 ^{ns}	-9,1978*	-1498,2527*	
b'	12,2460*	0,0644 ^{ns}	3,8585*	750,1269*	
a	0,0000**	0,2078 ^{ns}	0,0597 ^{ns}	0,1582 ^{ns}	AACPD/IB
b	-9,4023*	-0,9654 ^{ns}	-0,3602 ^{ns}	-2,1739*	
b'	1,8049 ^{ns}	-0,7234 ^{ns}	-1,1130 ^{ns}	0,4447 ^{ns}	
a	0,0125*	0,0179*	0,0378*	0,1853 ^{ns}	IMB
b	-5,4925*	-0,8264 ^{ns}	-0,8759 ^{ns}	-3,1099*	
b'	1,2564 ^{ns}	-0,5878 ^{ns}	-0,8489 ^{ns}	0,6828 ^{ns}	

^{ns}, não significativo; * e **, significativo em 5 % e 1 %, respectivamente, pelo teste F ou t. Teste **a**, baseado no efeito de Linhas na ANOVA $\hat{W}_i - \hat{V}_i$; Teste **b**, baseado na análise de regressão linear de \hat{W}_i em \hat{V}_i ; e teste **b'** baseado na análise de regressão linear do teste **b**, porém com rotação dos eixos em 45°.

5.2.2. Método de Hayman (1954) para resistência a helmintosporiose-comum

Diante das variáveis remanescentes após os testes de suficiência de Hayman (1954), tem-se que aquelas relativas à helmintosporiose-comum foram a área abaixo da curva do progresso da doença da incidência de *E. turcicum* (AACPD/IT) e incidência média de *E. turcicum* (IMT) e estas, no ambiente de ideal disponibilidade de nitrogênio em Campos dos Goytacazes, conforme detalhado no subitem 5.2.1.

Os componentes genéticos e não-genéticos expressos para as variáveis AACPD/IT e IMT (Tabela 13), revelaram estimativas de componente de variância ambiental ($\hat{\epsilon}$) de 24.565,96 e de 166,33, respectivamente. No tocante ao componente de variância associado aos efeitos aditivos (\hat{D}), foram expressos valores de 24.0760,66 para AACPD/IT e de 37,61 para IMT. Para os

componentes de variância associados aos desvios de dominância (\hat{H}_1 e \hat{H}_2), houve estimativas de 37.5009,48 e 30.6028,43 para AACPD/IT e de 298,53 e 247,36 para IMT, respectivamente. Em relação ao componente quadrático determinado pela diferença de médias entre híbridos e genitores (\hat{h}^2), para variável AACPD/IT obteve-se a magnitude de 15011,75 e, pra IMT, de 18,07. Quanto ao componente associado à covariância entre os efeitos aditivos e não-aditivos (\hat{F}), foram expressas estimativas de 227.525,59 e 136,63 para AACPD/IT e IMT, respectivamente. Para o componente que expressa a diferença entre os efeitos gênicos aditivos e dominantes ($\hat{D} - \hat{H}_1$), para a variável AACPD/IT, o valor computado foi de -134.248,82 e -132,20 para a variável IMT.

Tabela 13. Estimativa dos componentes genéticos e não genéticos através do método de Hayman (1954) para a área abaixo da curva do progresso da doença da incidência (AACPD/IT) e incidência média (IMT) de helmintosporiose-comum na condição ideal na disponibilidade de nitrogênio na cidade de Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro.

Parâmetro	Campos dos Goytacazes +N	
	AACPD/IT	IMT
$\hat{\varepsilon}$	24565,96 +- 15111,57	166,33 +- 15,00
\hat{D}	240760,66 +- 38968,28	37,61 +- 38,67
\hat{H}_1	375009,48 +- 105267,50	298,53 +- 104,47
\hat{H}_2	306028,43 +- 89790,06	247,36 +- 89,11
\hat{h}^2	15011,75 +- 90861,33	18,07 +- 50,95
\hat{F}	227525,59 +- 51340,16	136,63 +- 90,17
$\hat{D} - \hat{H}_1$	-134248,82 +- 48163,48	-132,20 +- 47,80

$\hat{\varepsilon}$: Componente de variância ambiental; \hat{D} : Componente de variância associado aos efeitos aditivos; \hat{H}_1 e \hat{H}_2 : Componentes de variância associados aos desvios de dominância; \hat{h}^2 : Componente quadrático determinado pela diferença de média entre híbridos e pais; \hat{F} : Componente associado à covariância entre efeitos aditivos e não aditivos; $\hat{D} - \hat{H}_1$: Componente que expressa a diferença entre efeitos gênicos aditivos e dominantes.

Para AACPD/IT, os componentes genéticos e não genéticos variaram dentro de limites aceitáveis exceto o componente quadrático da diferença de média entre híbridos e pais (\hat{h}^2), cujo valor estimado não superou o próprio desvio padrão (Tabela 13). Os componentes associados aos efeitos aditivos (\hat{D}) foram

menos importantes que os componentes associados aos efeitos de dominância ($\hat{H}_1; \hat{H}_2$), evidenciando a maior importância da dominância na expressão da característica.

Em relação à variável IMT, o componente genético associado aos efeitos aditivos (\hat{D}) bem como o componente quadrático (\hat{h}^2), apesar de positivos, não superaram seus respectivos desvios-padrão (Tabela 13). De forma análoga a AACPD/IT, os componentes associados aos efeitos de dominância ($\hat{H}_1; \hat{H}_2$) foram maiores em relação aos componentes associados aos efeitos aditivos ($\hat{D}; \hat{D} - \hat{H}_1$) o que também pressupõe supremacia dos efeitos de dominância.

No que se refere às informações genéticas (Tabela 14), verifica-se que as estimativas do grau médio de dominância ($\sqrt{\hat{H}_1 - \hat{D}}$) para AACPD/IT e IMT foram respectivamente de magnitudes 1,25 e 1,34, respectivamente. Há que se destacar que ainda que parcialmente, valores positivos próximos a zero nas estimativas do grau médio de dominância implicam na existência de dominância. Para valores próximos à unidade fica caracterizada a existência de dominância completa (Vivas et al., 2013; Schwantes et al., 2018). Assim, no presente estudo, para AACPD/IT e IMT fica evidenciada a dominância completa, haja vista a proximidade das estimativas de $\sqrt{\hat{H}_1 - \hat{D}}$ à unidade (Tabela 13). Em relação à distribuição dos alelos entre os genitores, também denominada de simetria alélica ($\hat{H}_2 / 4\hat{H}_1$), os valores obtidos para AACPD/IT e IMT foram, respectivamente, 0,204 e 0,207. Através das estimativas da distribuição alélica ou simetria é almejado quantificar a proporção de genitores em homocigose dominante ou recessiva. Segundo Cruz et al. (2012) uma distribuição alélica desejável possui valor próximo a 0,25 entre os genitores. Destarte, vê-se que as estimativas obtidas para AACPD/IT e IMT corresponderam, respectivamente, a 0,204 e 0,207, o que tipifica uma distribuição alélica tendendo à simetria entre genitores estudados (Tabela 14).

No que tange à relação de genitores que detêm maior concentração de alelos dominantes em detrimento dos que detêm maior concentração de alelos recessivos (\hat{K}_D / \hat{K}_R), ocorreu que, para AACPD/IT e IMT, as proporções foram respectivamente, 2,22 e 1,88. Diante da informação de que os alelos estão razoavelmente distribuídos entre os genitores para AACPD/IT e IMT, é desejável conhecer a relação de genitores que possuem maiores concentrações de alelos

dominantes em detrimento daqueles que possuem alelos majoritariamente recessivos. Neste sentido, os valores 2,22 e 1,88 reforçam que, em termos de controle genético de ambas as características estudadas, os genes dominantes são mais contundentes na expressão da característica.

Em relação ao número de genes com dominância (\hat{h}^2 / \hat{H}_2), os valores inerentes a AACPD/IT e IMT, foram de magnitudes de 0,05 e 0,07, respectivamente. É conveniente, no entanto, que o número de genes que exibem dominância seja estimado para AACPD/IT e IMT; deste modo, os valores próximos a zero, porém positivos na ordem de 0,05 e 0,07 denotam a presença de um gene ou bloco gênico no controle das características AACPD/IT e IMT, respectivamente. Porém, as baixas estimativas na inferência do número de genes podem estar associadas à razoabilidade da simetria alélica dos genitores. Há que se acentuar, de todo modo, que a herança oligogênica da resistência a helmintosporiose-comum tem sido propalada ocorrer em milho-comum conforme trabalhos de Ogliari et al. (2007), Wang et al. (2012) e Sucher et al. (2016).

A manifestação fenotípica da reação a helmintosporiose-comum (Figura 9), tanto pelo genitor L77 *per se* quanto pela sua progênie, reforça o entendimento de que a resistência a *E. turcicum* é de natureza dominante. Além disso, os sintomas atípicos em L77, nos quais as pequenas lesões elípticas são sempre acompanhadas de clorose, pode ser entendido como resultado da ativação de um gene de defesa para restringir o desenvolvimento do patógeno, como mencionado por Hooker (1963, 1977) e DuPont-Pioneer (2014). Adicionalmente, a reação de L77 a helmintosporiose-comum constitui uma clara evidência de que o inóculo de *E. turcicum* acessou o sítio de infecção do hospedeiro e este reagiu à infecção do patógeno.

No tocante ao coeficiente de determinação genotípico no sentido restrito (\hat{h}_R^2), tem-se que tanto para AACPD/IT quanto para IMT os valores obtidos foram similares, sendo aproximadamente iguais a 0,29. Por outro lado, o coeficiente de determinação no sentido amplo (\hat{h}_A^2) denotou valores divergentes para AACPD/IT e IMT 0,83 e 0,73, respectivamente. As estimativas dos coeficientes de determinação genotípico no sentido restrito e no sentido amplo ratificam os resultados *a priori* da supremacia dos efeitos de dominância, na medida em que os coeficientes de determinação no sentido restrito estimados em 0,05 e 0,07 inerentes a AACPD/IT e IMT, respectivamente, foram suplantados pelos

coeficientes de determinação no sentido amplo, com valores estimados de 0,83 e 0,73, respectivamente (Tabela 14). Segundo Cruz et al. (2012), o coeficiente de determinação no sentido restrito diz respeito à fração genético-aditiva da herança das características e o coeficiente de determinação no sentido amplo alude à porção genotípica da herança, onde a fração de dominância foi mais expressiva.

Tabela 14. Estimativas dos componentes genéticos e não genéticos pelo método de Hayman (1954) para a área abaixo da curva do progresso da doença da incidência (AACPD/IT) e incidência média (IMT) de helmintosporiose-comum na condição ideal na disponibilidade de nitrogênio na localidade de Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro.

Parâmetro	Campos dos Goytacazes (+N)	
	AACPD/IT	IMT
$\sqrt{\hat{H}_1 - \hat{D}}$	1,24804	1,33972
$\hat{H}_2 / 4\hat{H}_1$	0,20401	0,20715
\hat{K}_D / \hat{K}_R	2,21856	1,88429
\hat{h}^2 / \hat{H}_2	0,04905	0,07306
\hat{h}_R^2	0,28912	0,28904
\hat{h}_A^2	0,82722	0,73114

$\sqrt{\hat{H}_1 - \hat{D}}$: Grau médio de dominância; $\hat{H}_2 / 4\hat{H}_1$: Distribuição dos alelos entre os genitores (simetria); \hat{K}_D / \hat{K}_R : Relação média do número de genes dominantes e recessivos; \hat{h}^2 / \hat{H}_2 : Número de genes com dominância; \hat{h}_R^2 : Coeficiente de determinação genotípico no sentido restrito; \hat{h}_A^2 : Coeficiente de determinação genotípico no sentido amplo.

Diante da análise gráfica da regressão das covariâncias entre médias de genitores e médias entre a i-ésima linha (\hat{W}_r), em função da variância dentro da i-ésima linha (\hat{V}_r), verifica-se que os genitores de máxima homozigose recessiva para AACPD/IT, tendo em vista o ambiente de ideal disponibilidade de nitrogênio na localidade de Campos dos Goytacazes, serão aqueles situados próximos à extremidade superior do intervalo de definição da reta da regressão estimada, são estas, portanto, as linhagens genitoras P7 e P2, seguidas do genitor L80, elencados por ordem classificatória. Por outro lado, os genitores de máxima homozigose dominante para AACPD/IT situam-se na extremidade oposta da reta da regressão estimada. Neste sentido, é possível apontar, por ordem de classificação, a linhagem genitora L59 como aquela de maior homozigose

dominante em relação aos demais genitores, seguida pelos genitores L77, L76, P6 e L75 (Figura 7).

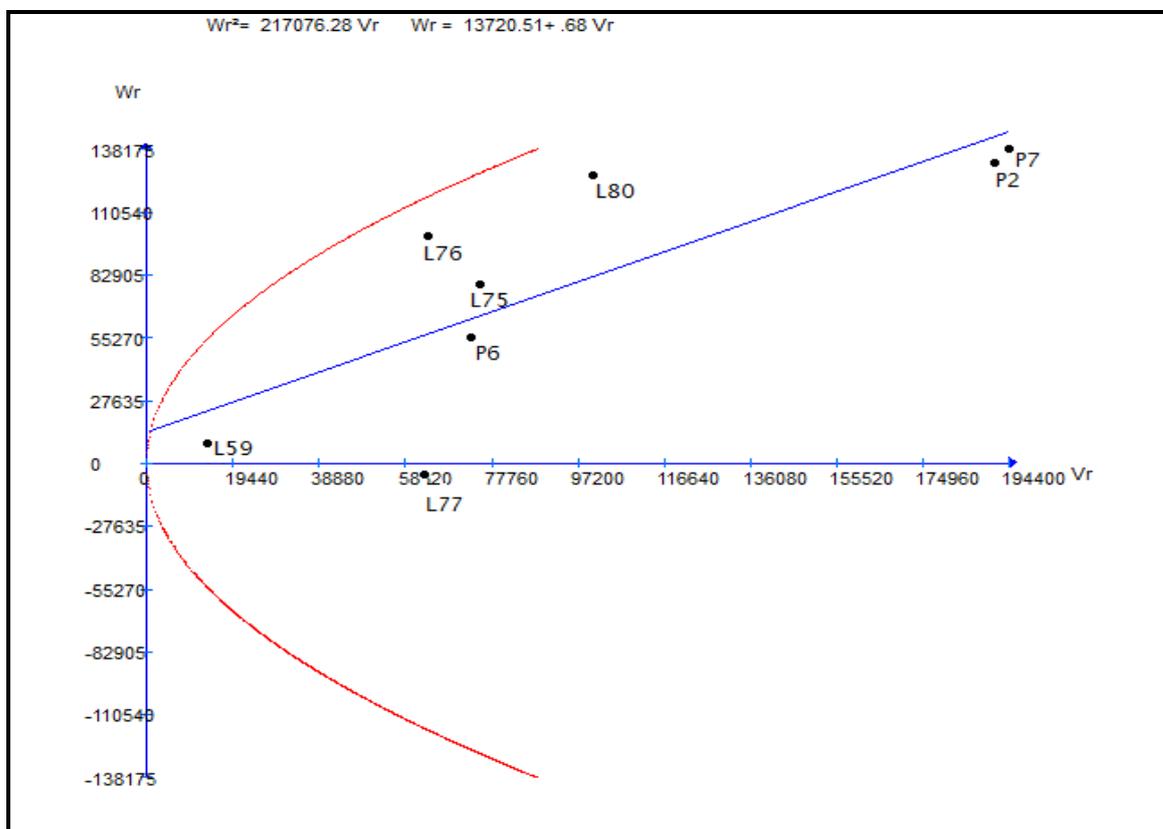


Figura 7. Regressão de \hat{W}_r em \hat{V}_r para área abaixo da curva do progresso da doença da incidência de helmintosporiose-comum (AACPD/IT) em relação aos genitores submetidos à adubação adequada de nitrogênio em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro.

A análise gráfica da regressão das covariâncias entre médias de genitores e médias entre a i -ésima linha (\hat{W}_r), em função da variância dentro da i -ésima linha (\hat{V}_r), demonstra que os genitores de máxima homozigose recessiva para IMT no ambiente de ideal disponibilidade de nitrogênio na localidade de Campos dos Goytacazes foram, em ordem de classificação, os genitores P7 e P2 seguidos por L75, L80 e P6, tendo em vista que estes situaram-se mais próximos à extremidade superior do intervalo de definição da reta da regressão estimada. Por outro lado, o genitor de máxima homozigose dominante, em ordem de classificação foi L59 – por se situar mais próximo da extremidade do limite de concentração de alelos dominantes –, seguido por L77 e L76 (Figura 8).

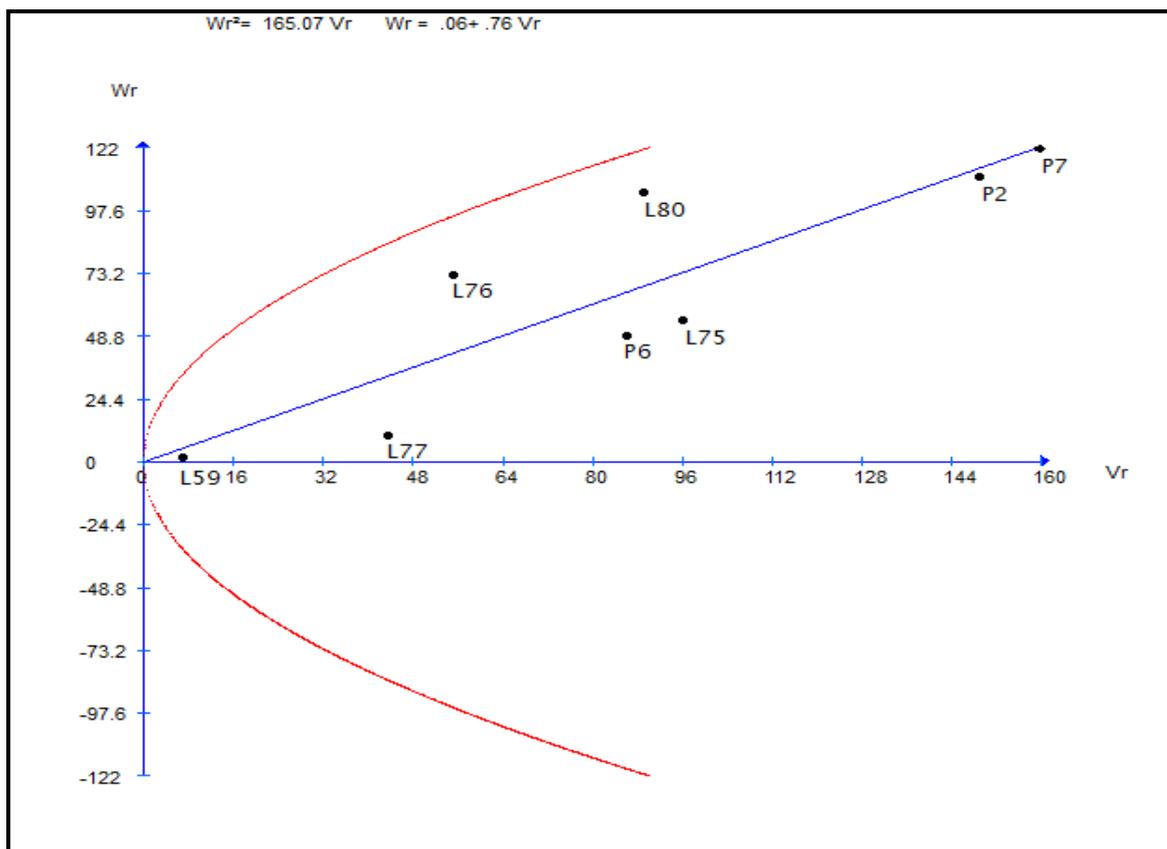


Figura 8. Regressão de \hat{W}_r em \hat{Y}_r Incidência Média de helmintosporiose-comum (IMT) em relação aos genitores submetidos à adubação adequada de nitrogênio em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro.

Ao observar o fenótipo dos genitores, constatou-se que as diferentes reações dos genitores a *E. turcicum* corroboram o resultado da análise gráfica. O genitor L59 apresentou sintomas claros de helmintosporiose-comum, expressando susceptibilidade ao patógeno, apesar das plantas apresentarem baixas concentrações de lesões. O genitor L77, contudo, demonstrou resistência ao patógeno ao exibir sintomas atípicos para helmintosporiose-comum, sendo que as lesões elípticas em L77 foram reduzidas em relação aos sintomas típicos, contornados por clorose. Em contraste, o genitor P2 revelou abundantes lesões típicas de helmintosporiose-comum, o que corrobora sua alta susceptibilidade ao patógeno. É digno de nota que os híbridos F_1 s que tiveram como um dos pais o genitor L77 também manifestaram sintomas atípicos (Figura 9).

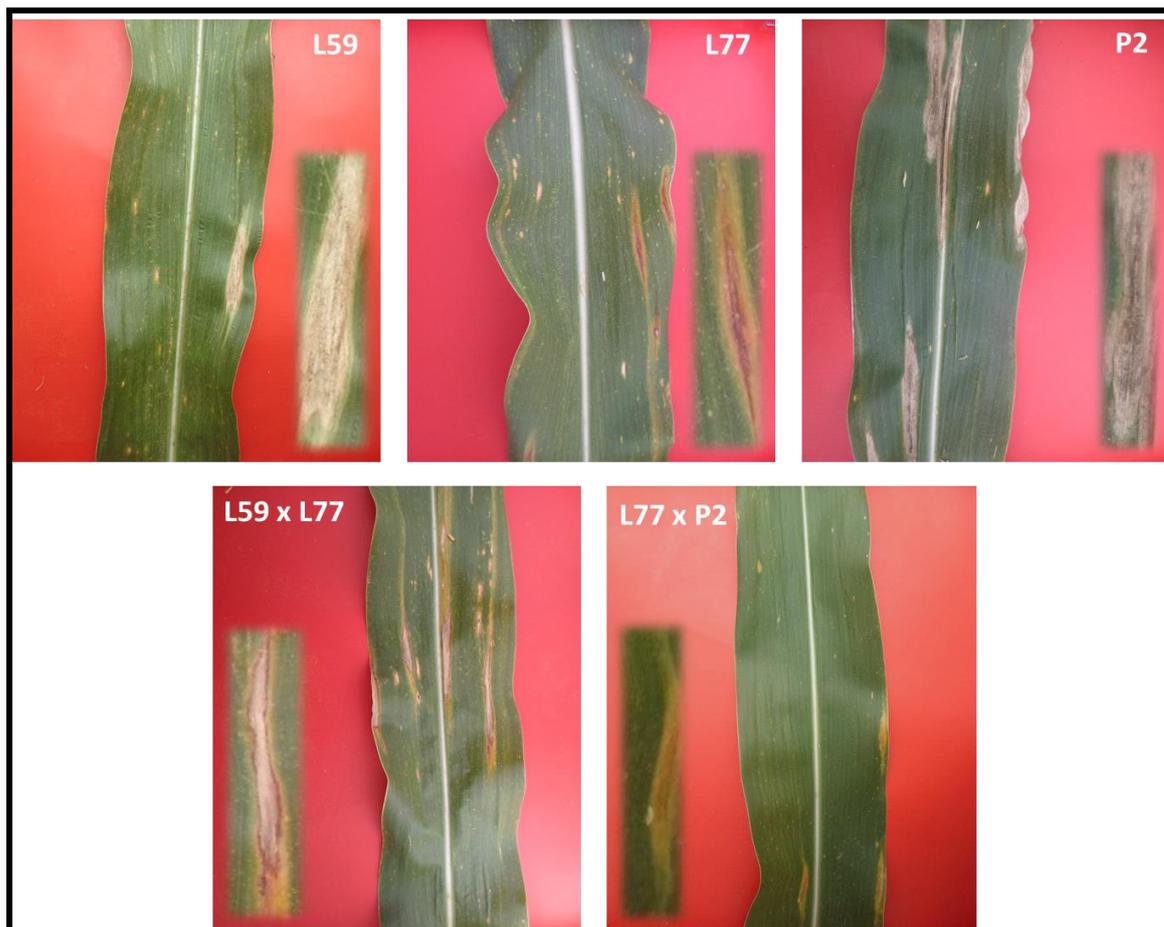


Figura 9. Manifestação de sintomas típicos de helmintosporiose-comum pelos genitores susceptíveis L59 e P2 e reação de resistência manifestando sintomas atípicos pelo genitor L77 e pelas progênie L59 x 77 e L77 x P2.

Em relação aos limites teóricos de seleção, alusivos às coordenadas que apontam os valores esperados para o genitor completamente dominante ou recessivo quanto aos genes segregantes do dialelo ($\hat{W}_R; \hat{V}_R$ e $\hat{W}_D; \hat{V}_D$), tem-se que o valor teórico do genótipo completamente recessivo para AACPD/IT seria designado pela coordenada 366.167,32; 505.333,81. Por outro lado, o valor teórico que identificaria o genitor completamente dominante para AACPD/IT seria dado pela coordenada -26.352,89; 2.617,43. Em IMT, a coordenada 329,67; 532,94 revelaria o valor teórico de identificação do genótipo completamente recessivo ($\hat{W}_R; \hat{V}_R$), enquanto o ponto teórico que identificaria o genitor completamente dominante ($\hat{W}_D; \hat{V}_D$) seria dado pela intersecção dos valores 24,27 e 2,89 (Tabela 15). É característico que entre a progênie do genitor teórico de máxima homozigose recessiva haja altas variâncias, bem como altas covariâncias entre o próprio genitor e sua progênie. Em contraste, variâncias mínimas entre a

progênie e mínima covariância progênie/genitor tipificam aquele genitor de máxima homozigose dominante (Hayman, 1954).

O valor predito para AACPD/IT em relação ao genitor com máxima concentração de alelos recessivos (\hat{Y}_R) correspondeu a 1.789,91 e para aquele genitor com máxima concentração de alelos dominantes (\hat{Y}_D), o valor predito foi de -121,22. Em relação à variável IMT, o valor predito para o genitor com máxima concentração de alelos recessivos (\hat{Y}_R) foi de 59,31, e, para aquele genitor com máxima concentração de alelos dominantes (\hat{Y}_D), o valor predito foi de -4,31 (Tabela 15). Diante disso, tem-se que resultados interessantes para resistência genética mediante a redução da incidência de helmintosporiose-maidis, são esperados com maiores concentrações de alelos dominantes, ratificando os resultados demonstrados nas Tabelas 13 e 14.

Tabela 15. Valores esperados das coordenadas $\hat{W}_R; \hat{V}_R$ e $\hat{W}_D; \hat{V}_D$, bem como para o valor predito do genitor com máxima concentração de alelos dominantes (\hat{Y}_D) e recessivo (\hat{Y}_R) quanto à área abaixo da curva do progresso da doença da incidência (AACPD/IT) e severidade média (IMT) da helmintosporiose-comum em genótipos de milho-pipoca em ambiente com adequada adubação de nitrogênio. Campos dos Goytacazes, RJ.

Parâmetro	Campos dos Goytacazes (+N)	
	AACPD/IT	IMT
$\hat{W}_R; \hat{V}_R$	366.167,32; 505.333,81	329,67; 532,94
$\hat{W}_D; \hat{V}_D$	-26.352,89; 2.617,43	-24,27; 2,89
Limite \hat{Y}_R	1.789,91	59,31
Limite \hat{Y}_D	-121,22	-4,31

As estimativas de correlações entre os valores médios dos genitores e da soma da covariância entre as médias dos genitores e as médias da r-ésima linha – $r(\bar{Y}_r, \hat{W}_r + \hat{V}_r)$ – proporcionaram valores positivos de moderadas magnitudes, respectivamente de 0,65 e 0,69 para AACPD/IT e IMT (Tabela 16). Assim, é possível verificar que, não exclusivamente, os alelos recessivos atuam no sentido de aumentar a susceptibilidade das plantas, mas que, em maior grau a resistência das plantas pode ser alcançada por genes dominantes, como observado nas Tabelas 13, 14 e 15. Além disso, o gene recessivo *ht4*, de resistência, foi descrito

por Carson (1995) manifestando halos cloróticos circulares de um centímetro de diâmetro no fenótipo das plantas infeccionadas, o que demonstra que a resistência a helmitosporiose-comum, de fato, não é exclusivamente devida a genes dominantes.

As somas de covariâncias entre médias dos genitores com médias da r -ésima linha e a variância entre médias dentro da r -ésima linha ($\hat{W}_r + \hat{V}_r$) permitiu inferir maior concentração de alelos recessivos para AACPD/IT ao genitor P2 seguido pelo genitor P7 com estimativas de 343.281,47 e 488.015,50, respectivamente. Por outro lado, maiores concentrações de alelos dominantes foram verificadas nos genitores L59 e L77, com valores de 39.860,13 e 63.944,99, respectivamente. Quanto a variável IMT, os genitores P2 e P7 expressaram as mais elevadas estimativas de $\hat{W}_r + \hat{V}_r$ com valores de 431,44 e 297,09, respectivamente. Por outro lado, os genitores L59 e L77 apresentaram os menores valores, com estimativas de 33,85 e 55,88, respectivamente (Tabela 16).

Diante do pressuposto de que pais detentores de genes dominantes produzem progênes com mínima variância entre si e mínima covariância genitor/progênie, os resultados das somas $\hat{W}_r + \hat{V}_r$ também discriminaram os genitores de máxima homozigose dominante daqueles de máxima homozigose recessiva. Neste sentido, os valores da soma de covariâncias e variâncias para AACPD/IT ratificam os resultados da análise gráfica obtida *a priori*, vez que os mesmos genitores de máxima homozigose dominante foram elencados, quais sejam, L59 e L77, ao passo que os genitores P2 e P7 apresentaram máxima homozigose recessiva (Tabela 16 e Figura 7). Assim, diante dos valores observados na Tabela 16, tem-se que, apesar de L59 e L77 apresentarem a maior concentração de alelos dominantes para AACPD/IT, esses genitores apresentam estimativas de $\hat{W}_r + \hat{V}_r$ (39.860,13 e 63.944,99, respectivamente) com magnitudes superiores ao valor previsto para máxima homozigose dominante (Tabela 15, em que $\hat{W}_D + \hat{V}_D = -23.735,46$), o que implica na possibilidade de obtenção genótipos ainda mais resistentes nas populações segregantes do dialelo. Adicionalmente, o limite $\hat{Y}_R = 1.789,91$ que indicou o grau máximo de AACPD/IT e $\hat{Y}_D = -121,22$ relativo ao grau mínimo de AACPD/IT (Tabela 15) deixa evidente que a obtenção de resistência genética por meio da redução de AACPD/IT é viável mediante maiores concentrações de alelos dominantes.

Tabela 16. Valores da soma da covariância entre médias dos genitores e médias da r-ésima linha (\hat{W}_r) e da variância entre médias da r-ésima linha (\hat{V}_r); das médias e correlações entre os valores médios dos genitores (\hat{Y}_{rr}) e da soma da covariância entre as médias dos genitores e as médias da r-ésima linha (\hat{W}_r), bem como da variância entre médias da r-ésima linha (\hat{V}_r) quanto à área abaixo da curva do progresso da doença da incidência (AACPD/IT) e severidade média (IMT) da helmintosporiose-comum em genótipos de milho-pipoca submetidas à adubação adequada de nitrogênio em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro.

Genitor		Campos dos Goytacazes (+N)			
		AACPD/IT		IMT	
		$\hat{W}_r + \hat{V}_r$	Média	$\hat{W}_r + \hat{V}_r$	Média
L59	1	39860,13	0,00	33,85	0,00
L75	2	178658,18	460,00	186,15	12,78
L76	3	92227,13	0,00	109,82	0,08
L77	4	63944,99	0,00	55,88	0,08
L80	5	168751,02	186,67	132,75	0,25
P2	6	488015,50	1440,00	431,44	40,00
P6	7	130835,72	3,00	139,96	8,89
P7	8	343281,47	560,00	297,09	15,56
$r(\bar{Y}_{rr}, \hat{W}_r + \hat{V}_r)$		0,653092		0,689575	

Em relação a IMT, os resultados são análogos a AACPD/IT, em que os valores de $\hat{W}_r + \hat{V}_r$ (Tabela 16) corroboram a análise gráfica (Figura 8), denotando os genitores L59 e L77 como os detentores de máxima homozigose dominante (33,85 e 55,88, respectivamente), ao passo que P2 e P7 detiveram a máxima homozigose recessiva – 431,44 e 297,09, respectivamente, conforme Tabela 16). Contudo, com base nos valores preditos para máxima homozigose dominante ($\hat{W}_D + \hat{V}_D = -21,38$, expressos na Tabela 15), os valores observados em L59 e L77 (Tabela 16) foram superiores aos preditos, razão pela qual, julga-se possível a obtenção de genótipos ainda mais resistentes nas populações segregantes do dialelo para IMT. Posto isso, a concentração de alelos dominantes como meio de alcançar maiores resistências pela redução de IMT é novamente reiterado, vez que o limite do genitor de máxima homozigose recessiva (\hat{Y}_R) estima uma incidência média de helmintosporiose-comum (IMT) de 59,31, entretanto, o limite de IMT para o genitor de máxima homozigose dominante (\hat{Y}_D) é estimado em -

4,31 (Tabela 16), o que é um alento para o melhoramento de plantas visando resistência.

5.2.3. Método de Hayman (1954) para resistência a helmintosporiose-maidis

O componente de variância ambiental ($\hat{\varepsilon}$) para AACPD/IB reportou valores de magnitudes de 90.118,17 e 52.037,50 para os ambientes Campos dos Goytacazes em baixa disponibilidade de nitrogênio e em Itaocara sob ideal disponibilidade de nitrogênio. Por conseguinte, os valores para o componente de variância associado aos efeitos aditivos (\hat{D}) foram, respectivamente, 551.474,69 e 16.0549,09 (Tabela 17).

Os componentes de variância associados aos desvios de dominância (\hat{H}_1 e \hat{H}_2) expressaram estimativas respectivas de 1.112.610,53 e 1.012.864,73 em Campos dos Goytacazes sob baixa disponibilidade de nitrogênio. No ambiente sob ideal disponibilidade de nitrogênio na localidade de Itaocara, esses valores foram de 320.724,57 e 396.451,98. Em relação ao componente quadrático determinado pela diferença de médias entre híbridos e genitores (\hat{h}^2), observaram-se valores 3.677.913,98 e 94.565,37 nos ambientes estudados (Tabela 17).

Quanto ao componente associado à covariância entre os efeitos aditivos e não aditivos (\hat{F}), obtiveram-se estimativas de 340.388,93 e -235.902,89 entre os ambientes mencionados. Para o componente que expressa à diferença entre os efeitos gênicos aditivos e dominantes ($\hat{D} - \hat{H}_1$), teve-se que, no ambiente de Campos dos Goytacazes em baixa disponibilidade de nitrogênio o valor quantificado foi de -561.135,84 e 193.001,01 na localidade de Itaocara sob ideal disponibilidade de nitrogênio (Tabela 17).

Os resultados reportados na Tabela 17 indicam a supremacia dos efeitos de dominância ($\hat{H}_1; \hat{H}_2$) em detrimento dos efeitos aditivos ($\hat{D}; \hat{D} - \hat{H}_1$) no tocante ao controle genético da característica estudada.

Tabela 17. Estimativa dos componentes genéticos e não genético pelo método de Hayman (1954) para a área abaixo da curva do progresso da doença da incidência (AACPD/IB) de helmintosporiose-maidis em genótipos de milho-pipoca submetidos à condições de baixa disponibilidade de N em Campos dos Goytacazes e disponibilidade ideal de N em Itaocara, regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, respectivamente.

Parâmetro	AACPD/IB	
	Campos dos Goytacazes (-N)	Itaoca (+N)
$\hat{\varepsilon}$	90118,17 +- 41355,98	52037,50 +- 20609,86
\hat{D}	551474,69 +- 106644,84	160549,09 +- 53146,75
\hat{H}_1	1112610,53 +- 288086,52	396451,98 +- 143568,70
\hat{H}_2	1012864,73 +- 245729,27	320724,57 +- 122459,86
\hat{h}^2	3677913,98 +- 140503,07	94565,37 +- 70020,09
\hat{F}	340388,93 +- 248661,01	193001,01 +- 123920,89
$\hat{D} - \hat{H}_1$	-561135,84 +- 131809,43	-235902,89 +- 65687,59

$\hat{\varepsilon}$: Componente de variância ambiental; \hat{D} : Componente de variância associado aos efeitos aditivos; \hat{H}_1 e \hat{H}_2 : Componentes de variâncias associados aos desvios de dominância; \hat{h}^2 : Componente quadrático determinado pela diferença de média entre híbridos e pais; \hat{F} : Componente associado à covariância entre efeitos aditivos e não aditivos; $\hat{D} - \hat{H}_1$: Componente que expressa a diferença entre efeitos gênicos aditivos e dominantes.

O grau médio de dominância ($\sqrt{\hat{H}_1 - \hat{D}}$) para AACPD/IB em Campos dos Goytacazes sob baixa disponibilidade de nitrogênio e em Itaocara sob disponibilidade ideal de N, expressou valores respectivos de 1,42 e 1,57 (Tabela 18). A superação da unidade para a estimativa do grau médio de dominância para AACPD/IB tanto no ambiente de baixa disponibilidade de nitrogênio em Campos dos Goytacazes e quanto no ambiente de disponibilidade ideal de nitrogênio em Itaocara é uma forte razão para a suposição da natureza da dominância completa na expressão da resistência a helmintosporiose-maidis em milho-pipoca (Tabela 18).

Em relação à simetria alélica ($\hat{H}_2/4\hat{H}_1$), os valores estimados para AACPD/IB nos ambientes estudados na Estação Experimental de Campos dos Goytacazes – 0,23 e 0,20 (Tabela 18) – expressam tendência a adequada distribuição alélica em relação àquela obtida no ambiente de ideal disponibilidade de N na Estação Experimental de Itaocara (Tabela 18) o que poderá implicar em estimativas menos precisas das informações genéticas para este ambiente em relação a localidade de Campos dos Goytacazes. As estimativas de 1,55 e 2,24

superiores à unidade para o estimador \hat{K}_D / \hat{K}_R em relação à AACPD/IB para as localidades de Campos dos Goytacazes (-N) e Itaocara (+N), respectivamente (Tabela 18), denotam a supremacia de alelos dominantes em relação aos recessivos, ratificando os resultados expressos *a priori* para o grau médio de dominância (Tabela 17).

Tabela 18. Estimativa dos componentes genéticos e não genéticos pelo método de Hayman (1954) para a área abaixo da curva do progresso da doença da incidência (AACPD/IB) de helmintosporiose-maidis em condições de baixa disponibilidade de nitrogênio na localidade de Campos dos Goytacazes e de disponibilidade ideal de N na localidade de Itaocara, regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, respectivamente.

Parâmetro	AACPD/IB	
	Campos dos Goytacazes (-N)	Itaocara (+N)
$\sqrt{\hat{H}_1 - \hat{D}}$	1,42039	1,57142
$\hat{H}_2 / 4\hat{H}_1$	0,22758	0,20225
\hat{K}_D / \hat{K}_R	1,55518	2,23886
\hat{h}^2 / \hat{H}_2	3,63120	0,29485
\hat{h}_R^2	0,31161	0,14064
\hat{h}_A^2	0,81931	0,66178

$\sqrt{\hat{H}_1 - \hat{D}}$: Grau médio de dominância; $\hat{H}_2 / 4\hat{H}_1$: Distribuição dos alelos entre os genitores (simetria); \hat{K}_D / \hat{K}_R : Relação média do número de genes dominantes e recessivos; \hat{h}^2 / \hat{H}_2 : Número de genes com dominância; \hat{h}_R^2 : Coeficiente de determinação genotípico no sentido restrito; \hat{h}_A^2 : Coeficiente de determinação genotípico no sentido amplo.

As estimativas do número de genes que exibem dominância (\hat{h}^2 / \hat{H}_2), com magnitudes de 3,63 e 0,29 (Tabela 18) para as localidades de Campos dos Goytacazes e Itaocara, indicam discrepância no quantitativo de genes envolvidos na expressão de AACPD/IB. Em Campos dos Goytacazes com baixa disponibilidade de nitrogênio, estima-se que três a quatro genes ou blocos gênicos controlam a AACPD/IB; por sua vez, em Itaocara no ambiente com ideal disponibilidade de nitrogênio, acredita-se que a expressão de AACPD/IB seja condicionada por um gene ou um bloco gênico. Tal diferença pode estar associada à menor tenacidade da inferência da simetria alélica para localidade de Itaocara, na comparação entre as estimativas de 0,23 e 0,20 (Tabela 18), vez que

a expressão \hat{h}^2 / \hat{H}_2 é válida quando os valores genotípicos dos heterozigotos (h_i) que não são nulos são diferentes em magnitude e quando é nula a diferença entre a frequência de genitores em homozigose dominante e a frequência de genitores em homozigose recessiva ($w_i = u_i v_i$) o que ocorre quando $\tilde{H}_2 - \tilde{H}_1$ pode ser considerado aproximadamente igual a zero.

As comparações das estimativas do coeficiente de determinação genotípico no sentido restrito (\hat{h}_R^2), com valores de 0,31 e 0,14 e no sentido amplo (\hat{h}_A^2), com magnitudes de 0,82 e 0,66, respectivamente, para a localidade de Campos dos Goytacazes em ambiente com baixa disponibilidade de nitrogênio e em Itaocara com disponibilidade adequada de nitrogênio respectivamente (Tabela 18) clarificam a suposição de que os efeitos de dominância são, de fato, os mais expressivos na herança da resistência a que helmintosporiose-maidis em milho-pipoca, posto que a variabilidade fenotípica de AACPD/IB é, em maior proporção, de natureza genotípica e, em menor proporção, de natureza genético-aditiva.

Com base na análise gráfica da regressão das covariâncias entre médias de genitores e médias entre a i -ésima linha (\hat{W}_r), em função da variância dentro da i -ésima linha (\hat{V}_r), os genitores de máxima homozigose recessiva para AACPD/IB no ambiente de baixa disponibilidade de nitrogênio na localidade de Campos dos Goytacazes foram àqueles situados próximos à extremidade superior do intervalo de definição da reta da regressão estimada. Destacam-se, portanto, as linhagens genitoras L77 e L75. Por outro lado, os genitores de máxima homozigose dominante para AACPD/IB situam-se na extremidade oposta da reta da regressão estimada, isto é, L76, P7 e P2 (Figura 10).

Em relação a variável AACPD/IB no ambiente sob ideal disponibilidade de nitrogênio na localidade de Itaocara, a análise gráfica da regressão das covariâncias entre médias de genitores e médias entre a i -ésima linha (\hat{W}_r), em função da variância dentro da i -ésima linha (\hat{V}_r), tem-se que os genitores de máxima homozigose recessiva foram às linhagens L77 e L75, por se situarem mais próximas da extremidade superior do intervalo de definição da reta da regressão estimada. Por outro lado, os genitores de máxima homozigose dominante foram às linhagens P2, L59 e L80 (Figura 11).

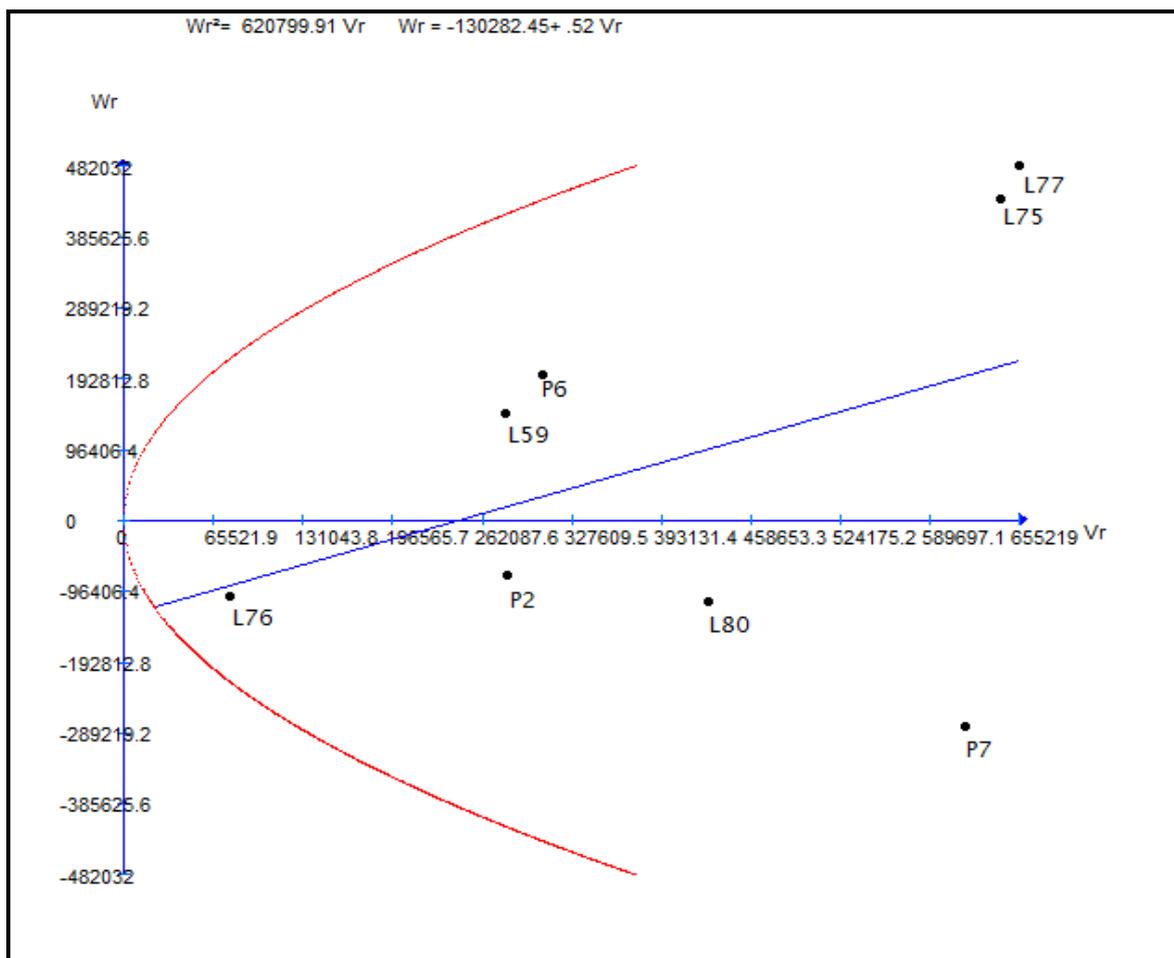


Figura 10. Regressão de \hat{W}_r em \hat{Y}_r para área abaixo da curva do progresso da doença da incidência de helmintosporiose-maidis (AACPD/IB) em relação aos genitores submetidos à baixa disponibilidade de nitrogênio na localidade de Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro.

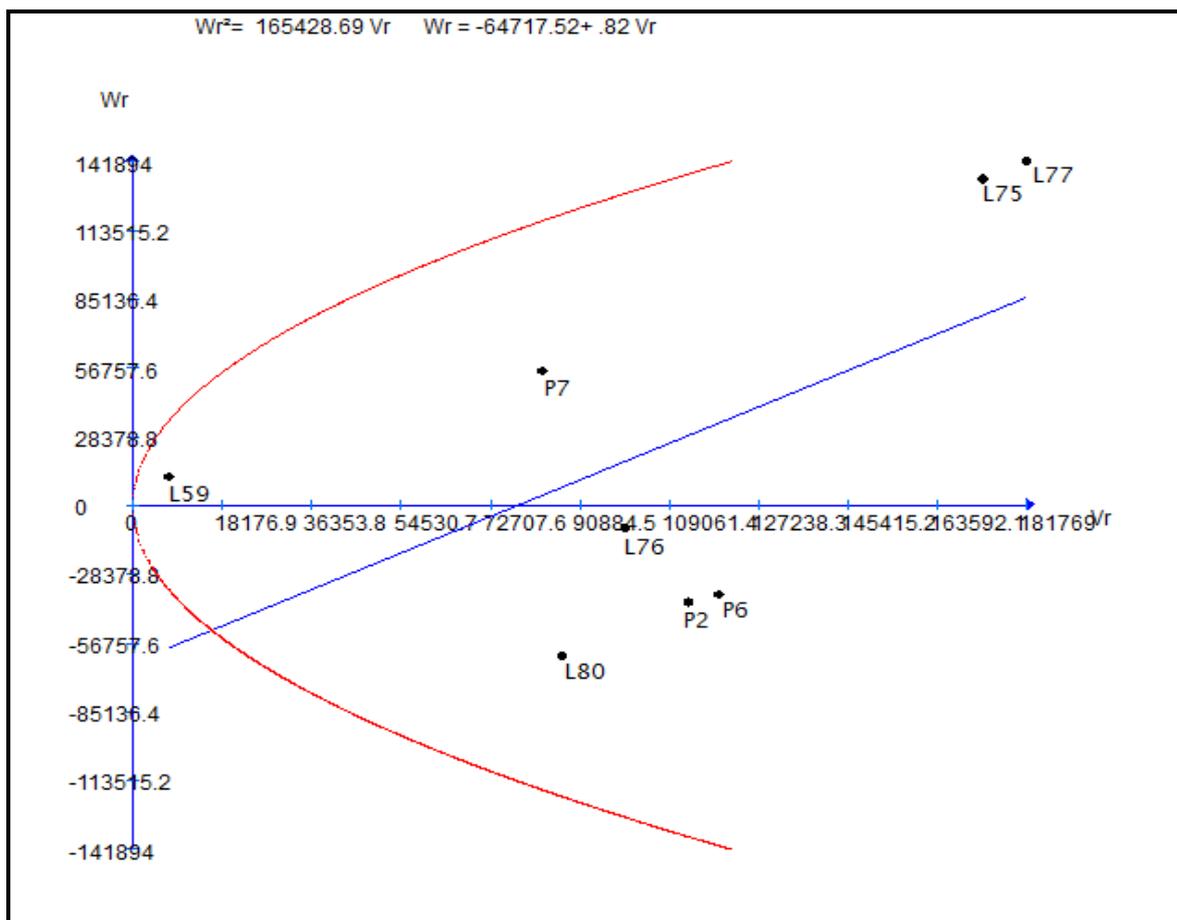


Figura 11. Regressão de \hat{W}_r em \hat{Y}_r para área abaixo da curva do progresso da doença da incidência de helmintosporiose-maidis (AACPD/IB) em relação aos genitores em ambiente com ideal disponibilidade de nitrogênio na localidade de Itaocara, região Noroeste do Estado do Rio de Janeiro.

A expressão fenotípica a helmintosporiose-maidis para as linhagens com as mais pronunciadas homozigoses recessiva e dominante para AACPD/IB no ambiente de baixa disponibilidade de nitrogênio na localidade de Campos dos Goytacazes (Figura 12) favorece a visualização das reações de infecção a helmintosporium-maidis.

De forma análoga, na Figura 13 há a visualização dos sintomas de helmintosporiose-maidis nas linhagens com as mais pronunciadas homozigoses recessiva e dominante para o ambiente com disponibilidade ideal de nitrogênio na localidade de Itaocara.

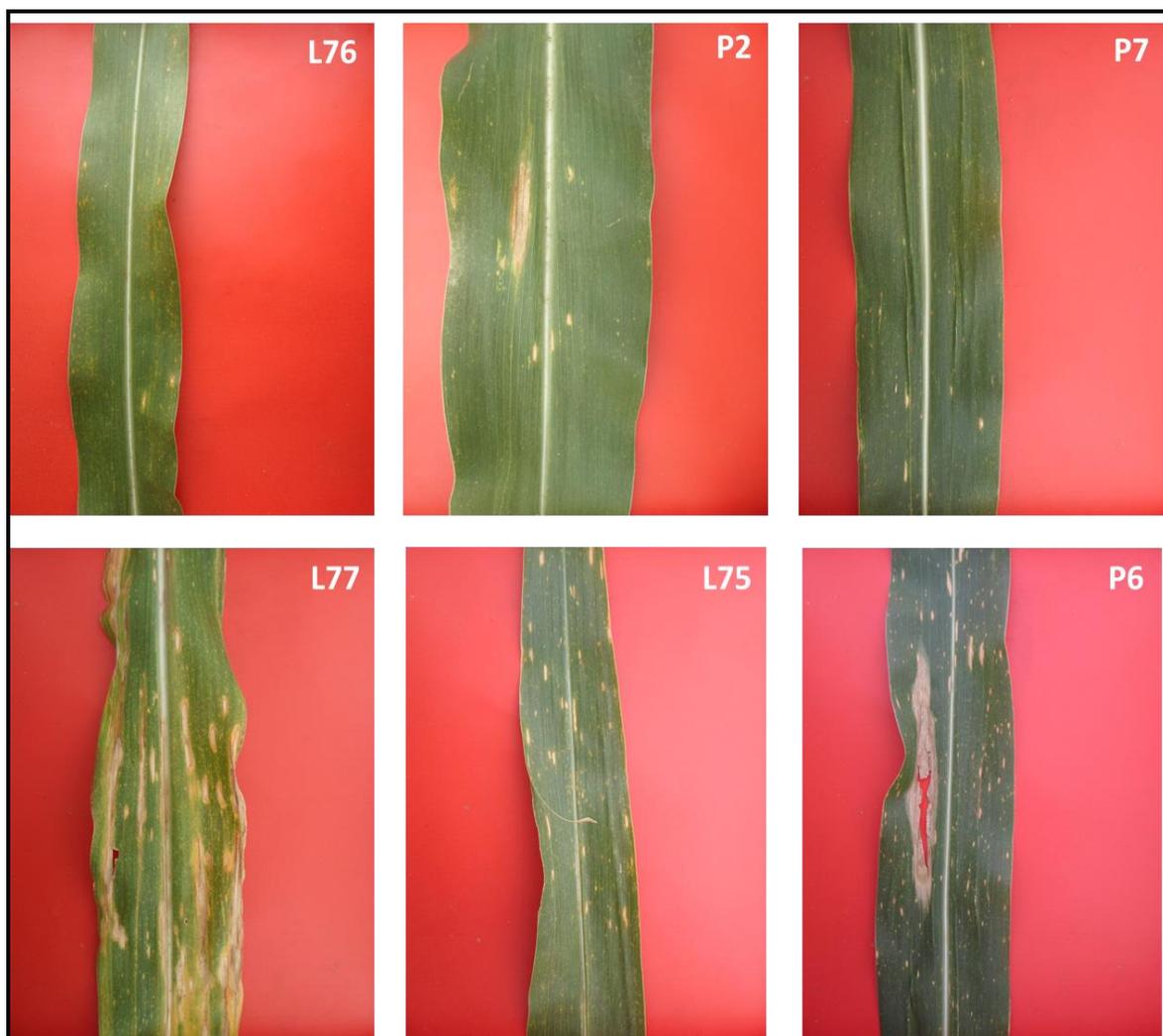


Figura 12. Reações dos genitores de máxima homozigose dominante (L76, P2 e P7) e máxima homozigose recessiva (L77, L75 e P6) à infecção de *B. maydis* em baixa disponibilidade de nitrogênio em Campos dos Goycatazes.

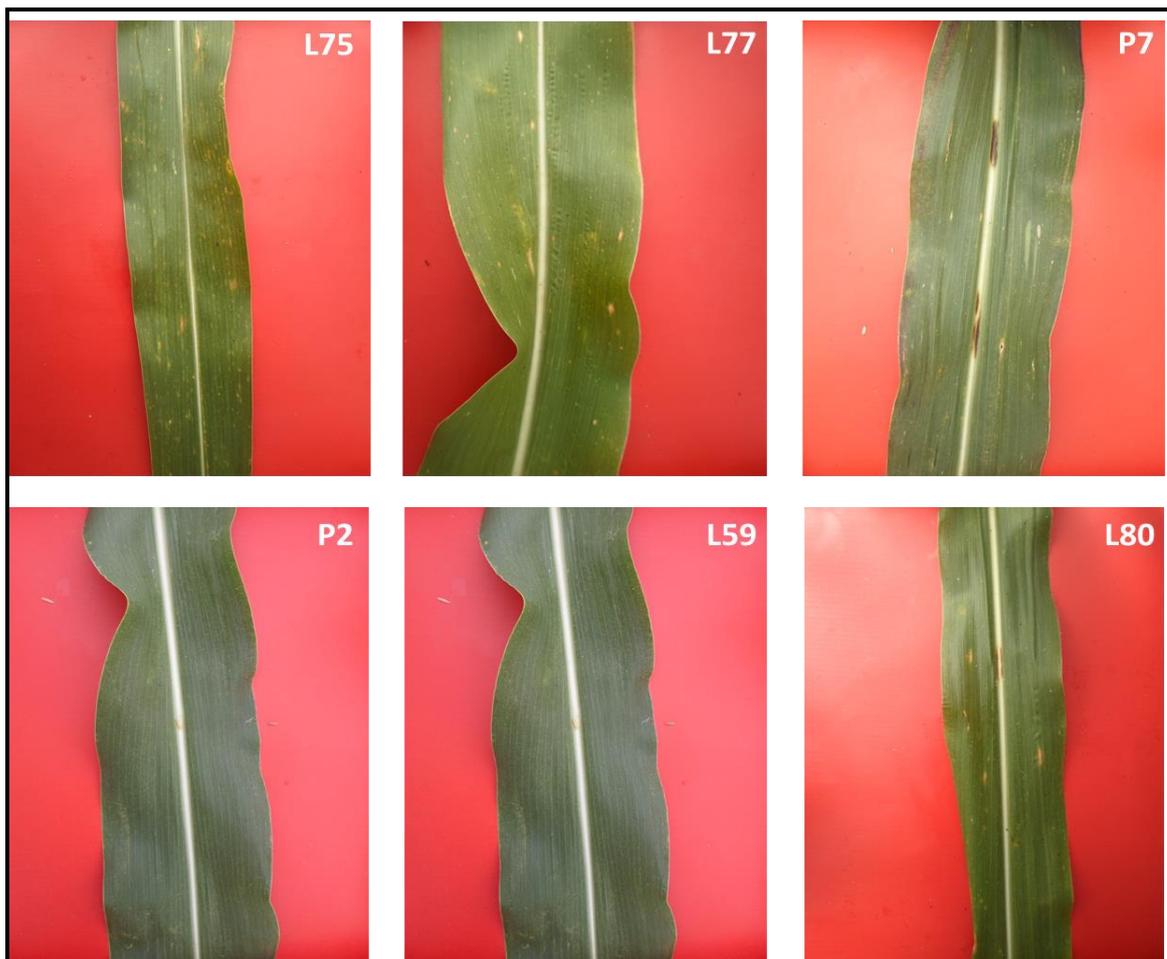


Figura 13. Reações dos genitores de máxima homozigose recessiva (L75, L77 e P7) e máxima homozigose dominante (P2, L59 e L80) à infecção de *B. maydis* em ideal disponibilidade de nitrogênio em Itaocara.

Os limites teóricos de seleção, importantes na perspectiva de identificação de genitores ainda mais superiores, denotam que para AACPD/IB, as coordenadas esperadas para o genitor completamente recessivo quanto aos genes segregantes do dialelo ($\hat{W}_R; \hat{V}_R$ e $\hat{W}_D; \hat{V}_D$) para a área experimental de baixa disponibilidade de nitrogênio em Campos dos Goytacazes, o genitor completamente será obtido pela intersecção da coordenada 1.037.543,74 com 1.677.850,68; ao passo que o genitor completamente dominante será identificado pela intersecção dos valores -72.582,25 e 8.211,10. Na Estação Experimental de Itaocara sob ideal disponibilidade de nitrogênio, a coordenada 359.573,67 com 608.190,87 corresponde ao genitor completamente recessivo ($\hat{W}_R; \hat{V}_R$), enquanto o genitor completamente dominante ($\hat{W}_D; \hat{V}_D$) é dado pela coordenada -51.562,45 com 12.506,37 (Tabela 19).

Em relação aos valores preditos assumidos pelos genitores teóricos de máxima homozigose recessiva e dominante, tem-se que, para Campos dos Goytacazes em baixa disponibilidade de nitrogênio, o valor predito para o genitor com máxima concentração de alelos recessivos (\hat{Y}_R) correspondeu a 4.622,62 e, para aquele genitor com máxima concentração de alelos dominantes (\hat{Y}_D), o valor predito foi de 902,73. Em relação à Estação Experimental de Itaocara na dose ideal de nitrogênio, o valor predito para o genitor com máxima concentração de alelos recessivos (\hat{Y}_R) foi de 2.603,49 e, para aquele com máxima concentração de alelos dominantes (\hat{Y}_D), o valor predito foi de 89,16 (Tabela 19). Assim, em ambos os ambientes estudados, as menores áreas abaixo da curva do progresso da doença para a incidência de *B. maydis* são esperadas com a introgressão de alelos dominantes, ratificando os resultados obtidos *a priori* (Tabelas 17 e 18)

Tabela 19. Valores esperados das coordenadas $\hat{W}_R; \hat{V}_R$ e $\hat{W}_D; \hat{V}_D$, bem como o valor predito para o genitor com máxima concentração de alelos dominantes (\hat{Y}_D) e recessivo (\hat{Y}_R) quanto à área abaixo da curva do progresso da doença da incidência (AACPD/IB) da helmintosporiose-maidis em genótipos de milho-pipoca submetidos às condições de baixa disponibilidade de N em Campos dos Goytacazes e disponibilidade ideal de N em Itaocara, regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, respectivamente.

Parâmetro	AACPD/IB	
	Campos dos Goytacazes (-N)	Itaocara (+N)
$\hat{W}_R; \hat{V}_R$	1037543,74; 1677850,68	359573,67 ; 608190,87
$\hat{W}_D; \hat{V}_D$	-72582,25; 8211,10	-51562,45 ; 12506,37
Limite \hat{Y}_R	4622,62	2603,49
Limite \hat{Y}_D	902,73	89,16

As estimativas de correlações entre os valores médios dos genitores e da soma da covariância entre as médias dos genitores e as médias da r-ésima linha, proporcionaram valores positivos de alta magnitude para os coeficientes de correlação, a saber: 0,81 e 0,86 para AACPD/IB em Campos dos Goytacazes e Itaocara, para baixa e ideal disponibilidade de N respectivamente (Tabela 20), ratificando pois, os resultados *a priori* expostos que expressaram que os alelos de

dominância atuam no sentido de conferir resistência a helmintosporiose-maidis (Tabelas 17, 18 e 19; Figuras 10 e 11).

Tendo em mente que o genitor de máxima homozigose dominante apresenta mínima covariância genitor-progênie e mínima variância entre progênies, os resultados das somas da covariância e variância ($\hat{W}_r + \hat{V}_r$) são úteis para também discriminar os genitores de máxima homozigose recessiva e dominante. Para a localidade de Campos dos Goytacazes, no ambiente com baixa disponibilidade de nitrogênio, esses estimadores indicam as linhagens P6, L77 e L75, como as de maiores concentrações de alelos recessivos, alcançadas pelas estimativas de 1.136.109,00; 1.088.844,00 e 1.083.685,00, respectivamente. Por outro lado, maiores concentrações de alelos dominantes foram verificadas a partir do genitor L76, com valor de $\hat{W}_r + \hat{V}_r$ de 69.902,99; seguido por P7, com estimativa de $\hat{W}_r + \hat{V}_r$ de 202.678,70. Em Itaocara, no ambiente com ideal disponibilidade de N, os valores estimados para os genitores de maior concentração de alelos recessivos foram observados em L75 e L77, com magnitudes de 418.917,00 e 349.641,06 respectivamente, sendo que as maiores concentrações de alelos dominantes recaíram para os genitores P2 e L59 com valores respectivos de 16.273,52 e 77.574,80 (Tabela 20).

Estimados os limites teóricos de seleção (Tabela 19), é conveniente estabelecer a relação dos resultados esperados com os resultados observados. Diante dos resultados esperados para o ambiente de baixa disponibilidade de nitrogênio em Campos dos Goytacazes, o genitor teórico de máxima homozigose recessiva possui $\hat{W}_r + \hat{V}_r$ igual a 2.715.394,42 e o de máxima homozigose dominante possui $\hat{W}_r + \hat{V}_r$ igual a -64.371,15 (Tabela 19). Sabendo que os valores observados (Tabela 20) dos genitores L76, P7 e P2 para máxima homozigose dominante foram superiores àquele esperado (-64.371,15), vislumbra-se a possibilidade de obtenção de genótipos ainda mais resistentes à AACPD/IB nas gerações segregantes do dialelo.

Para AACPD/IB no ambiente de disponibilidade ideal de nitrogênio em Itaocara, o resultado esperado para o genitor teórico de máxima homozigose dominante possui $\hat{W}_r + \hat{V}_r$ de -39.056,08. Novamente, sabendo que os valores observados na Tabela 20 para os genitores P2, L59 e L80 de máxima homozigose dominante foram superiores ao valor esperado, visualiza-se a

possibilidade de obtenção genótipos ainda mais resistentes nas gerações segregantes do dialelo.

Tabela 20. Valores da soma da covariância entre médias dos genitores e médias da r-ésima linha (\hat{W}_r) e da variância entre médias da r-ésima linha (\hat{V}_r) e médias quanto à área abaixo da curva do progresso da doença da incidência (AACPD/IB) de helmintosporiose-maidis. Estimativas das correlações entre os valores médios dos genitores (\hat{Y}_{rr}) e da soma da covariância entre as médias dos genitores e as médias da r-ésima linha (\hat{W}_r), variância entre médias da r-ésima linha (\hat{V}_r) em genótipos de milho-pipoca submetidos a condições de baixa disponibilidade de N em Campos dos Goytacazes e disponibilidade ideal de N em Itaocara, regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, respectivamente.

Genitor	AACPD/IB				
	Campos dos Goytacazes (-N)		Itaocara (+N)		
	$\hat{W}_r + \hat{V}_r$	Média	$\hat{W}_r + \hat{V}_r$	Média	
L59	1	433123,30	1780,00	77574,80	244,00
L75	2	1083685,00	2460,00	418917,00	1280,00
L76	3	69902,99	800,00	124276,93	480,00
L77	4	1088844,00	2520,00	349641,06	1120,00
L80	5	711171,40	1860,00	77685,54	309,00
P2	6	258063,80	1440,00	16273,52	168,00
P6	7	1136109,00	2760,00	146806,82	720,00
P7	8	202678,70	960,00	241356,27	800,00
$r(\bar{Y}_{rr}, \hat{W}_r + \hat{V}_r)$		0,807788		0,86255	

6. CONCLUSÕES

Diferentes níveis de adubação nitrogenada afetam a capacidade geral e específica de combinação em milho-pipoca. Entretanto, a disponibilidade de nitrogênio é capaz de afetar mais fortemente a seleção de híbridos mediante a capacidade específica de combinação.

Os efeitos gênicos não-aditivos predominam na resistência a helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis em milho-pipoca.

O maior potencial para adaptação a ambientes pobres em nitrogênio no solo recaiu sobre as linhagens L80, L77 e L75 e o híbrido L77 x P2 e L80 x P7 para helmintosporiose-comum, e as linhagens P2, L59 e L76, bem como o híbrido L77 x P7 para com a helmintosporiose-maidis.

A resistência a helmintosporiose-comum e helmintosporiose-maidis em milho-pipoca pode ser alcançada mais viavelmente por intermédio de genes dominantes, sendo que alelos recessivos contribuem para o aumento da helmintosporiose-maidis

As linhagens L77 e L59 constituem fontes de resistência importantes para estudos nas gerações segregantes do dialelo que objetivem genótipos ainda mais resistentes a helmintosporiose-comum.

As linhagens L76, P2 e P7 podem contribuir com alelos de dominância para a obtenção de genótipos ainda mais resistentes nas gerações segregantes do dialelo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agrios, G. N. (2005) *Plant Pathology*. 5 ed. United States of America: Department of Plant Pathology. University of Florida 922p.
- Agroceres. (1996) *Guia agroceres de sanidade*. São Paulo: Sementes Agroceres, 72p.
- Ballini, E., Nguyen, T. T., Morel, J. B. (2013) Diversity and genetics of nitrogen-induced susceptibility to the blast fungus in rice and wheat. *Rice*. 6(32): 1-13.
- Barros, F. C., Sagata, E., Ferreira, L. D. C., Juliatti, F. C. (2010) Induction of resistance in plants against phytopathogens. *Bioscience Journal*. 26(2): 231-239.
- Basso, J.C. (2003) *Perdas de nitrogênio e fósforo com aplicação no solo de dejetos líquidos de suínos*. Tese (Doutorado em Agronomia)- Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, 144p.
- Bhandari, R.R., Aryal, L., Sharma, S., Acharya, M., Pokhrel, A., Apar, G.C., Chhetri, A. (2017) Screening of Maize Genotypes against Southern Leaf Blight (*Bipolaris maydis*) during Summer Season in Nepal. *World*. 5(1): 31-41.

- Borges, E.D.A., Fernandes, M. S., Loss, A., Silva, E.E., Souza, S.R.D. (2006) Acúmulo e remobilização de nitrogênio em variedades de milho. *Revista Caatinga*, 19(3): 278-286.
- Braun, E.J., Howard, R. J. (1994) Adhesion of *Cochliobolus heterostrophus* conidia and germlings to leaves and artificial surfaces. *Experimental Mycology*. 18(3), 211-220.
- Bredemeier, C.; Mundstock, C.M. (2000) Regulação da absorção e assimilação do nitrogênio nas plantas. *Ciência Rural*. 30 (2): 365-372.
- Brewster, V.A., Carson, M.L., Wicks, Z.W. (1992) Mapping components of partial resistance to northern leaf blight of maize using reciprocal translocations. *Phytopathology*. 82(2): 225-229.
- Brito, A.H. (2010) *Controle genético e químico de doenças foliares e grãos ardidos em milho*. Tese (Doutor em Agronomia) – Lavras – MG, Universidade Federal de Lavras, 89p.
- Burnette, D.C., White, D.G. (1985) Inheritance of resistance in *Bipolaris maydis* race O in crosses derived from nine resistant inbred lines of maize. *Phytopathology*. 75 (11):1195-1200.
- Camañes, G., Victoria, P., Cerezo, M., García-Agustín, P., Flors, V. (2012) A deletion in the nitrate high affinity transporter NRT2. 1 alters metabolomic and transcriptomic responses to *Pseudomonas syringae*. *Plant signaling & behavior*. 7(6): 619-622.
- Campbell, C. L., Madden, L. V. (1990) *Introduction to plant disease epidemiology*. New York: John Wiley, 552p.
- Carson, M.L. (1995) Main content area A new gene in maize conferring the "chlorotic halo" reaction to infection by *Exserohilum turcicum*. *Plant disease*. 79(7); 717-720.

- Casela, C.R., Ferreira, A.S., Pinto, N.F.J. (2006) *Doenças na cultura do milho*. Circular Técnica 83, Sete Lagoas - MG: EMBRAPA Milho e Sorgo, 14p.
- 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.(2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4.ed. Viçosa: UFV,. v.1, 514p.
- Debela, M., Dejene, M., Abera, W. (2017) Management of Turcicum leaf blight [Exserohilum turcicum (Pass.) Leonard Suggs] of maize (Zea mays L.) through integration of host resistance and fungicide at Bako, Western Ethiopia. *African Journal of Plant Science*. 11(1): 6-22.
- Dietrich, R., Ploss, K., Heil, M. (2004) Constitutive and induced resistance to pathogens in Arabidopsis thaliana depends on nitrogen supply. *Plant, Cell & Environment*. 27(7): 896-906.
- DoVale, J. C., Fritsche- Neto, R., Bermudez, F., Miranda, G. V. (2012) Efeitos gênicos de caracteres associados à eficiência no uso de nitrogênio em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 47(3): 385-392.
- DuPont Pioneer (2014) Northern Leaf Blight Race Shifts. Agronomy Sciences ResearchSummary:https://www.pioneer.com/CMRoot/Pioneer/Canada_en/agronomy/agronomy_research_summaries/pdfs/2014_Northern_Leaf_Blight_Race_Shifts.pdf
- Fagan, E. B., Medeiros, S. L., Manfron, P. A., Casaroli, D., Simon, J., Neto, D. D., Müller, L. (2007) Fisiologia da fixação biológica do nitrogênio em soja- Revisão. *Revista da FZVA*. 14(1): 89-106.

- Fagard, M., Launay, A., Clément, G., Courtial, J., Dellagi, A., Farjad, M., Masclaux-Daubresse, C. (2014) Nitrogen metabolism meets phytopathology. *Journal of experimental botany*. 65(19): 5643-5656.
- Fahn, A., Shimony, C. (1996) Glandular trichomes of *Fagonia* L.(Zygophyllaceae) species: structure, development and secreted materials. *Annals of Botany*. 77(1): 25-34.
- Falconer, D. S. 1981. Introduction to Quantitative Genetics, 2.ed. New York, Longman Press.
- Fidelis, R.R, Vieira Miranda, G., dos Santos, I.C., Cardoso Galvão, J.C., Mucci Peluzio, J., Oliveira Lima, S. (2007) Fontes de germoplasma de milho para estresse de baixo nitrogênio. *Pesquisa Agropecuária Tropical*. 37(3): 147-153.
- Flood, J. (2010) The importance of plant health to food security. *Food Security*. 2(3): 215-231.
- Gevers, H.O. (1975) A new major gene for resistance to *Helminthosporium turcicum* leaf blight of maize [Breeding, fungus diseases]. *Plant disease reporter*. 59: 296-299.
- Grayer, R.J., Kokubun, T. (2001) Plant–fungal interactions: the search for phytoalexins and other antifungal compounds from higher plants. *Phytochemistry*. 56(3): 253-263.
- Griffing, B. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian journal of biological sciences*. 9(4):463-493.
- Guiomar, P.M.C.N. (2011) *Avaliação do comportamento de cultivares de milho na presença da helmintosporiose causada por Exserohilum turcicum (Pass.) Leonard & Suggs. Dissertação (Mestre em Engenharia Agrônômica) –*

Lisboa, Instituto Superior de Agronomia, Universidade Técnica de Lisboa, 92p.

Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.D. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding*. 3th ed. Berlim: Springer –Verlag, 500p.

Hayman, B.I. (1954) The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*. 39(6): 789-809.

Hayman, B.I. (1960) The theory and analysis of diallel crosses III. *Genetics*. 45(2): 155-172.

Heo, N.Y., Kim, D.U. (1983) Studies on inheritance of resistance to southern corn leaf blight caused by *Bipolaris maydis* (Nis. and Miy.) shoem in corn, *Zea mays* L. *Research Reports of the Office of Rural Development*. 25: 34-41.

Hooker, A.L. (1963) Inheritance of chlorotic-lesion resistance to *Helminthosporium turcicum* in seedling corn. *Phytopathology*. 53(6): 660-662.

Hooker, A.L. (1977) A Second Major Gene Locus in Corn for Chlorotic-Lesion Resistance to *Helminthosporium turcicum*. *Crop Science*. 17(1): 132-135.

Hooker, A.L. (1981) Resistance to *Helminthosporium turcicum* from *Tripsacum floridanum* incorporated into corn. *Maize Genet. Coop. Newsl.* 55: 87-88.

Huang, H., Thu, T.N.T., He, X., Gravot, A., Bernillon, S., Ballini, E., Morel, J.B. (2017) Increase of Fungal Pathogenicity and Role of Plant Glutamine in Nitrogen-Induced Susceptibility (NIS) To Rice Blast. *Frontiers in plant science*. 8:1-16.

Instituto Mato-Grossense de Economia Agropecuária (2018) Boletim semanal 488 do milho:http://www.imea.com.br/upload/publicacoes/arquivos/Milho_26-01-18_.pdf . Acessado em 8 de março de 2018.

- James, W.C. (1971) A manual of assessment keys for plant diseases. *The American Phytopathological Society*, 66p.
- Karimishahri, M.R., Sharma, R.C. (2017) Inheritance of resistance to maydis leaf blight in maize. *Agriculture & Forestry* 63(1): 261-275.
- Kurosawa, R.N.F., Vivas, M., Amaral, A.T., Ribeiro, R.M., Miranda, S B., Pena, G.F., Mora, F. (2017) Popcorn germplasm resistance to fungal diseases caused by *Exserohilum turcicum* and *Bipolaris maydis*. *Bragantia*. 77 (1): 36-47.
- Lazaroto, A., Santos, I., Konflanz, V.A., Malagi, G., Camochena, R.C. (2012) Escala diagramática para avaliação de severidade da helmintosporiose comum em milho. *Ciência Rural*. 42: 2131-2137.
- Machado, A.T., Magalhaes, J.R., Magnavaca, R., Silva, M. (1992) Determinação da atividade de enzimas envolvidas no metabolismo do nitrogênio em diferentes genótipos de milho. *R. Bras. Fisiol. Veg.* 4(1):45-47.
- Manoza, F.S., Mushongi, A.A., Harvey, J., Wainaina, J., Wanjuki, I., Ngeno, R., Darnell, R., Gnonlonfin, B.G.J., Massomo, D.S.M. (2017). Potential of using host plant resistance, nitrogen and phosphorus fertilizers for reduction of *Aspergillus flavus* colonization and aflatoxin accumulation in maize in Tanzania. *Crop protection*, 93, 98-105.
- Marschner, H.(2012) Mineral Nutrition of Higher Plants. 3ed. San Diego: Academic Press, 651p.
- Matiello, R.R., Barbieri, R.L., Carvalho, F.I.F.D. (1997) Resistência das plantas a moléstias fúngicas. *Ciencia Rural*. 27 (1): 161-168.
- Meira, F.A.(2006) *Fontes e modos de aplicação do nitrogênio na cultura do milho*- Tese (Doutorado em agronomia)- Universidade Estadual Paulista. Ilha Solteira, 52p.

- Miller, A.J.; Cramer, M.D.(2004) Root nitrogen acquisition and assimilation. *Plant and Soil*, 274:1-36.
- Munkvold, G.P., White, D.G. (2016). *Compendium of corn diseases*.4th ed. American Phytopathological Society: APS Press, 659p.
- Murtadha, M.A., Ariyo, O.J., Alghamdi, S.S. (2016) Analysis of combining ability over environments in diallel crosses of maize (*Zea mays*). *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences*. 17 (1): 69-78.
- Nihei, T.H., Ferreira, J.M. (2012) Análise dialélica de linhagens de milho com ênfase na resistência a doenças foliares. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47(3): 369-377.
- Oerke, E.C. (2006) Crop losses to pests. *The Journal of Agricultural Science*. 144(1): 31-43.
- Ogliari, J.B., Guimarães, M.A., Camargo, L.E.A. (2007) Chromosomal locations of the maize (*Zea mays* L.) *HtP* and *rt* genes that confer resistance to *Exserohilum turcicum*. *Genetics and Molecular Biology* 30(3): 630-634.
- Paiva, E.A.S., Isaias, R.M.D.S., Vale, F.H.A., Queiroz, C.G.D.S. (2003) The influence of light intensity on anatomical structure and pigment contents of *Tradescantia pallida* (Rose) Hunt. cv. purpurea Boom (Commelinaceae) leaves. *Brazilian Archives of Biology and Technology*. 46(4): 617-624.
- Paiva, R.F (2013) Nutrição e fitossanidade *In*: Silva, J.C., Silva, A.A.S., Assis, R.T., (ed.) *Sustentabilidade e inovação no campo*. Uberlândia: Composer, 234p.
- Paterniani, M.E.A.G.Z., Sawazaki, E., Dudienas, C., Duarte, A.P., Gallo, P. B. (2000). Diallel crosses among maize lines with emphasis on resistance to foliar diseases. *Genetics and Molecular Biology*. 23(2): 381-385.

- Paula, T.O.M.D., Gonçalves, L.S.A., Amaral Júnior, A.T.D., Oliveira, E.C.D., Silva, V.Q.R.D., Scapim, C.A., Lopes, A.D. (2010) Magnitude of the genetic base of commercial popcorn and in recommendation in Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 10(4): 289-297.
- Perkins, J.M., Pedersen, W.L., (1987) Disease development and yield losses associated with northern leaf blight on corn. *Plant Disease*, 71: 940-943.
- Pfann, A.Z, Ventura Faria, M., Andrade, A.A.D., Nascimento, I.R., Faria, C.M.D.R., Bringhentti, R.M. (2009) Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. *Ciência Rural*. 39(3): 635-641.
- Pinto, N. .F.J.A. (1980) Doenças do Milho. Informe Agropecuário, Belo Horizonte – MG, 06: 50 – 53.
- Pozza, A.A.A., Martinez, H.E.P., Caixeta, S.L., Cardoso, A.A., Zambolim, L., Pozza, E.A. (2001) Influência da nutrição mineral na intensidade da mancha-de-olho-pardo em mudas de cafeeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 36(1): 53-60.
- Rameeh, V. (2011) Combining ability analysis of rapeseed genotypes under restricted nitrogen application. *Journal of Oilseed Brassica*. 2(1): 7-12.
- Raymundo, A.D., Hooker, A.L., Perkins, J.M. (1981). Effect of gene *HtN* on the development of northern corn leaf blight epidemics. *Plant disease*. 65: 327-330.
- Ribeiro, R.M., Amaral Júnior, A.T., Pena, G.F., Vivas, M., Kurosawa, R.N., Gonçalves, L.S.A. (2016) Effect of recurrent selection on the variability of the UENF-14 popcorn population. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 16(2): 123-131.

- Robbins Junior, W.A., Warren, H.L. (1993) Inheritance of resistance to *Exserohilum turcicum* in PI 209135, 'Mayorbela' variety of maize. *Maydica*. 38(3): 209-213.
- Santos, A.D., Amaral Júnior, A.T.D., Kurosawa, R.D.N.F., Gerhardt, I.F.S., Fritsche Neto, R. (2017) GGE Biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. *Ciência e Agrotecnologia*. 41(1): 22-31.
- Schwantes, I.A., Amaral Júnior, AT., Vivas, M., de Almeida Filho, J. E., Kamphorst, S. H., Guimarães, A. G., Khan, S. (2018). Inheritance of resistance to Fusarium ear rot in popcorn. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18(1).
- Seabra Junior, S., Lalla, J.G., Goto, R., Maringoni, A.C., Villas Boas, R.L., Rouws, J. R., Oriani, E.E. (2013). Suscetibilidade à podridão negra e produtividade de brócolis em função de doses de nitrogênio e potássio. *Horticultura Brasileira*, 31 (3): 426-431.
- Shaner, G., Finney, R.E. (1977) The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. *Phytopathology*. 67(8): 1051-1056.
- Shanmugam, V., Ronen, M., Shalaby, S., Larkov, O., Rachamim, Y., Hadar, R., Rose, M.S., Carmeli, S., Horwitz, B.A., Lev, S. (2010). The fungal pathogen *Cochliobolus heterostrophus* responds to maize phenolics: novel small molecule signals in a plant-fungal interaction. *Cellular microbiology*. 12(10): 1421-1434.
- Shieh, G.J., Lu, H.S. (1993) Diallel analysis of mature plant resistance to *Helminthosporium maydis* in maize. *Journal of Agricultural Research of China*. 42(1): 12-18.

- Silva, H.P., Barbosa, M.P.M., Nass, L.L., Camargo, L.E.A. (2001) Capacidade de combinação e heterose para resistência a *Puccinia polysora* Underw. em milho. *Scientia Agricola*. 58(4): 777-783.
- Simmons, C.R., Grant, S., Altier, D.J., Dowd, P.F., Crasta, O., Folkerts, O., Yalpani, N. (2001) Maize *rhm1* resistance to *Bipolaris maydis* is associated with few differences in pathogenesis-related proteins and global *mRNA* profiles. *Molecular plant-microbe interactions* 14(8): 947-954.
- Singh, R., Srivastava, R.P. (2016) Southern Corn Leaf Blight-An Important Disease of Maize: An Extension Fact Sheet. *Indian Research Journal of Extension Education*. 12(2): 324-327.
- Smith, D.R., Kinsey, J.G. (1993) Latent period-- A possible selection tool for *Exserohilum turcicum* resistance in corn (*Zea mays* L.). *Maydica*. 38(3): 205-208.
- Souza, L.V. (2007) *Melhoramento de milho para eficiência no uso de nitrogênio*. Tese (Doctor Scientiae) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 66p.
- Sucher, J., Boni, R., Yang, P., Rogowsky, P., Büchner, H., Kastner, C., Keller, B. (2016) The durable wheat disease resistance gene *Lr34* confers common rust and northern corn leaf blight resistance in maize. *Plant Biotechnology Journal*. 15 (4): 489–496.
- Taiz, L., Zeiger, E. (2004) *Fisiologia vegetal*, 3 ed. Porto Alegre: Artmed, 719p.
- Thalineau, E., Truong, H.N., Berger, A., Fournier, C., Boscari, A., Wendehenne, D., Jeandroz, S. (2016) Cross-regulation between N metabolism and nitric oxide (NO) signaling during plant immunity. *Frontiers in plant science*, 7 (472): 1-14.
- Ullstrup, A.J. (1970) A comparison of monogenic and polygenic resistance to *Helminthosporium turcicum* in corn. *Phytopathology*. 60: 1597-99.

- Vaughan, M.M., Christensen, S., Schmelz, E.A., Huffaker, A., McAuslane, H.J., Alborn, H.T., Romero, M., Allen, L.H., Teal, P.E. (2015). Accumulation of terpenoid phytoalexins in maize roots is associated with drought tolerance. *Plant, cell & environment*. 38(11): 2195-2207.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Amaral, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2013) Herança da resistência do mamoeiro a doenças fúngicas com base em análise dialélica de Hayman. *Bragantia*. 72(4): 332-33.
- Wang, H., Xiao, Z.X., Wang, F.G., Xiao, Y.N., Zhao, J.R., Zheng, Y.L., Qiu, F.Z. (2012) Mapping of *HtNB*, a gene conferring non-lesion resistance before heading to *Exserohilum turcicum* (Pass.), in a maize inbred line derived from the Indonesian variety Bramadi. *Genetics and Molecular Research*. 11(3): 2523-2533.
- Welz, H.G., Geiger, H.H. (2000) Genes for resistance to northern corn leaf blight in diverse maize populations. *Plant breeding*. 119(1): 1-14.
- Wendehenne, D., Gao, Q.M., Kachroo, A., Kachroo, P. (2014) Free radical-mediated systemic immunity in plants. *Current opinion in plant biology*. 20: 127-134.
- Wittstock, U., Gershenzon, J. (2002) Constitutive plant toxins and their role in defense against herbivores and pathogens. *Current opinion in plant biology*. 5(4): 300-307.
- Yamada, T. (2004). *A resistência de plantas às pragas e doenças pode ser afetada pelo manejo da cultura?*. Piracicaba: Informações Agronômicas Potafós 108, 7p.
- Zaitlin, D., DeMars, S., Ma, Y. (1993) Linkage of *rhm*, a recessive gene for resistance to southern corn leaf blight, to RFLP marker loci in maize (*Zea mays*) seedlings. *Genome*. 36(3): 555-564.

Zhao, Y., Lu, X., Liu, C., Guan, H., Zhang, M., Li, Z., Cai, H., Lai, J. (2012) Identification and fine mapping of *rhm1* locus for resistance to southern corn leaf blight in maize. *Journal of integrative plant biology*. 54(5): 321-329.