

CAPACIDADES COMBINATÓRIAS DE LINHAGENS DE MILHO-
PIPOCA PARA RESISTÊNCIAS À FERRUGEM POLISSORA E À
HELMINTOSPORIOSE, ESTIMADAS VIA *TESTCROSSES*

DIVINO ROSA DOS SANTOS JUNIOR

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MARÇO – 2019

CAPACIDADES COMBINATÓRIAS DE LINHAGENS DE MILHO-
PIPOCA PARA RESISTÊNCIAS À FERRUGEM POLISSORA E À
HELMINTOSPORIOSE, ESTIMADAS VIA *TESTCROSSES*

DIVINO ROSA DOS SANTOS JUNIOR

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

Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Junior

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MARÇO – 2019

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S237

Santos Junior, Divino Rosa dos.

Capacidades combinatórias das resistências a ferrugem polissora e helmintosporiose em milho-pipoca estivadas via testcrosses / Divino Rosa dos Santos Junior. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

102 f. : il.

Bibliografia: 70 - 82.

Dissertação (Mestrado 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. Testcrosses. 2. Capacidade geral de combinação . 3. Capacidade específica de combinação . 4. Híbrido . 5. Cruzamento . I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

CAPACIDADES COMBINATÓRIAS DE LINHAGENS DE MILHO-
PIPOCA PARA RESISTÊNCIAS A FERRUGEM POLISSORA E
HELMINTOSPORIOSE ESTIMADAS VIA *TESTCROSSES*

DIVINO ROSA DOS SANTOS JUNIOR

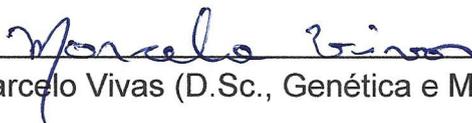
“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Aprovada em 12 de março de 2019.

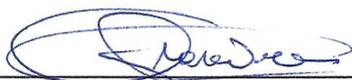
Comissão Examinadora:



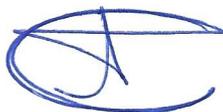
Dr. Roberto dos Santos Trindade (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
EMBRAPA



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



Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., Fitotecnia) - UENF



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

“Dedico todo o esforço que depositei neste trabalho às minhas avós, Iolanda Rosa e Maria Letice (in memorian), que foram exemplos de caráter, dedicação e dignidade”.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A elaboração deste trabalho não teria sido possível sem a colaboração, estímulo e empenho de diversas pessoas. Gostaria, por este fato, de expressar toda a minha gratidão e apreço a todos aqueles que, direta ou indiretamente, contribuíram para que esta tarefa se tornasse uma realidade. A todos, quero manifestar os meus sinceros agradecimentos.

Deus esteve ao meu lado e me deu força, ânimo e crença para não desistir e continuar lutando por este meu sonho e objetivo de vida. A Ele eu devo minha gratidão

Aos meus pais Divinos Rosa e Joryan Dar’c, pelo amor, incentivo e apoio incondicional, às minhas irmãs Landa Letice e Jane Dayse, que nos momentos de minha ausência dedicados ao estudo, sempre fizeram entender que o futuro é feito a partir da constância do presente.

Ao Professor Dr. Antônio Teixeira do Amaral Júnior, para quem não há agradecimentos que cheguem. As notas dominantes da sua orientação foram a utilidade das suas recomendações e a cordialidade com que sempre me recebeu. Conquanto também pela liberdade de ação que me permitiu, que foi decisiva para que este trabalho contribuísse para o meu desenvolvimento pessoal. Como professor foi o expoente máximo, abriu-me horizontes, ensinou-me principalmente a pensar. Foi e é fundamental na transmissão de experiências, na criação e solidificação de saberes e nos meus pequenos sucessos.

Aos Professores Conselheiros Dr. Marcelo Vivas e Dr. Alexandre Pio Viana, pelo tempo, motivação, conselhos e esforço dedicados a este trabalho, cujos conhecimentos transmitidos e total disponibilidade foram notáveis. As suas disponibilidades irrestritas, as suas formas exigentes, críticas e criativas de arguir, bem como as ideias apresentadas, facilitaram o alcance dos objetivos propostos nesta Dissertação.

A esta instituição tão imponente eu agradeço pelo ambiente propício à evolução e crescimento, bem como a todas as pessoas que a tornam assim tão especial para quem a conhece, maiormente aos professores, pelos momentos que partilhamos na conquista deste trabalho, sendo ela de forma direta ou indireta.

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

A todos os colegas do LMGV, sobretudo ao grupo de pesquisa em milho-pipoca, em especial ao Rafael, Júlio, Valter de Lima, Jhean Torres, Rosimeire Barboza e Talles, pelas valiosas contribuições e ajuda.

Aos amigos e agregados: Flavia, Ravena, Camila, Tiago, Joaquim, Thamara Oliveira, David, Samuel, Thamara, Debora, Pedro, Janeo, Fernando, Valdinei, Carol, Raquel, Ismael, Gabrielle, Juliana, Railan, Fabio, Gabriel e José, pela ajuda no experimento, pela amizade e pelos inúmeros momentos de descontração.

Ao Sr. Geraldo, José, Luzimara, Istenio e Durval, por toda a colaboração e incansável ajuda no experimento.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente, muito obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
2.1. Objetivo geral.....	3
2.2. Objetivos específicos	3
3. REVISÃO DA LITERATURA	4
3.1. Milho-pipoca: aspectos gerais	4
3.2. Melhoramento visando à resistência a doenças	6
3.3. <i>Testcross</i> no melhoramento de plantas.....	9
3.4. Doenças fúngicas foliares na cultura do milho.....	12
3.4.1. Ferrugem polissora.....	13
3.4.2. Helmintosporiose.....	14
4. MATERIAIS E MÉTODOS.....	17
4.1. Genótipos	17
4.2. Métodos	19
4.3. Obtenção dos híbridos <i>testcrosses</i>	20
4.4. Avaliação dos híbridos <i>testcrosses</i> e das progênies <i>S₇ per se</i>	21
4.4.1. Delineamento experimental.....	21
4.4.2. Preparo do solo, semeadura e tratos culturais	22
4.5. Características avaliadas agronômicas e patogênicas avaliadas	22

4.5.1	Características agronômicas	22
4.5.2	Avaliação de Puccinia polissora	23
4.5.3	Avaliação de Helmintosporiose	24
4.6	Análise estatística e genética das características.....	26
4.6.1	Análise de variância	26
4.6.2	Estimativas dos parâmetros genéticos	27
4.6.3	Análise em dialelo parcial	27
4.6.4	Capacidade de discriminação dos <i>testcrosses</i>	29
4.6.5	Análise GT <i>Biplot</i>	29
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	32
5.1	Análise de variância.....	32
5.2	Estimativas dos parâmetros genéticos	35
5.3	Análise em dialelo parcial	39
5.4	Capacidade de discriminação dos <i>testcrosses</i>	49
5.5	Análise GT <i>Biplot</i>	58
5.	CONCLUSÕES	69
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	70

RESUMO

Santos Junior, Divino Rosa dos; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março de 2019. Capacidades combinatórias de linhagens de milho-pipoca para resistências à ferrugem polissora e à helmintosporiose estimadas via *testcrosses*. Orientador: Prof. Antonio Teixeira do Amaral Júnior. Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Prof. Marcelo Vivas.

Fungos são um dos principais microrganismos patogênicos na cultura do milho, com destaque para as doenças foliares. Entre essas doenças, destacam-se a helmintosporiose – causada por *Bipolaris maydis* e *Exserohilum turcicum* – e a ferrugem polissora – causada por *Puccinia polysora* –, cujos prejuízos são decorrentes da redução da área fotossintetizante, ocasionando senescência precoce e necrose da folha, podendo ocorrer acentuada redução na produtividade de grãos. Esse impacto tende a ter crescimento, especialmente em razão do incremento das áreas irrigadas e daquelas sob cultivo de safrinha, levando a uma maior sobrevivência dos patógenos em campo. Apesar da disponibilidade de procedimentos que auxiliam no controle dessas doenças, como o plantio antecipado, rotação de culturas e aplicação de fungicidas, o método de controle mais eficiente é a utilização de cultivares resistentes. Neste contexto, delineou-se o presente trabalho, que objetivou avaliar o desempenho de linhagens endogâmicas (S₇) e seus respectivos híbridos de milho-pipoca quanto a doenças causadas pelos fungos *Puccinia polysora*, *Exserohilum turcicum* e *Bipolaris maydis*. Para tanto, 15 linhagens endogâmicas S₇ – das quais, 14 oriundas da variedade

UENF 14 e uma oriunda do híbrido IAC 125 – foram cruzadas com cinco testadores, sendo quatro de base genética restrita (linhagens L270, oriunda da variedade resistente PARA-172; L651, originária da população suscetível ARZM-13050; P1, originária do híbrido Zélia, com resistência intermediária para reação a *E. turcicum* e *P. polysora* e susceptibilidade a *B. maydis*; e L70, originária de BRS Angela, com susceptibilidade a *E. turcicum*, resistência a *B. maydis* e resistência intermediária a *P. polysora*) e uma de base genética ampla (variedade polinização aberta PARA-172 resistente a *E. turcicum*, *P. polysora* e *B. maydis*). Na avaliação dos genótipos, utilizou-se o arranjo dos tratamentos em blocos incompletos (látice 10 x 10) com três repetições, no período de segunda época de cultivo, em 2018. A reação dos genótipos às doenças foliares foi quantificada pela estimativa da incidência e severidade dos sintomas. Os componentes de variância foram estimados considerando fixos os efeitos de genótipos, utilizando o *software* SAS, e a CGC e CEC foram obtidas pelo programa GENES, bem como os parâmetros genéticos. A eficiência dos testadores foi avaliada pela estimativa do Índice de Diferenciação de Fasoulas (D%), e a análise dos híbridos foi feita via GT *Biplot*, utilizando o programa R. As linhagens que expressaram estimativas promissoras quanto à CGC para as incidência e severidade às doenças avaliadas foram L685, L691, L696 e L684. As maiores estimativas de H^2 revelaram que os híbridos oriundos do testador PARA-172 diferiram entre si quanto a rendimento de grãos (RG), capacidade de expansão (CE) e volume de pipoca expandida por hectare (VP); os híbridos oriundos da linhagem testadora L651 diferiram entre si para incidência (IEt) e severidade (SEt) a *E. turcicum*; e as combinações originadas da linhagem testadora L70 diferiram entre si em relação à incidência (IPp) e severidade (SPp) a *P. polysora*; e os pares oriundos da linhagem testadora P1 diferiram entre si em relação à severidade de *B. maydis* (SBm). O índice de variação (I_v) destacou proeminência dos híbridos oriundos do testador PARA-172 para as características agronômicas RG, CE e VP e da incidência (IBm) e severidade (SBm) a *B. maydis*, além das combinações provenientes de L651 para IEt e Sete daquelas oriundas de L70 para IPp e SPp. O Índice de Diferenciação de Fasoulas destacou o testador PARA-172 como o mais adequado para discriminar as melhores progênies S_7 em relação a IPp, SPp, IBm, SBm, IEt e SEt. A análise GT *Biplot* revelou como promissor o híbrido L681 x P1 para as características agronômicas.

ABSTRACT

Santos Junior, Divino Rosa dos; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; March, 2019. Combining ability of popcorn lines for disease resistance to Southern rust, northern leaf blight and southern leaf blight estimated from testcrosses. Advisor: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior. Co-advisor: Prof. Alexandre Pio Viana and Prof. Marcelo Vivas.

Fungi are the main pathogenic microorganisms in maize crop, with emphasis on foliar diseases. Among these, helminthosporiose – a group of *Bipolaris maydis* and *Exserohilum turcicum* – and rust – behind *Puccinia polysora* are highlighted –, their occurrence reduced the process of photosynthesis and consequent reduction in grain yield. In this context, the objective of this study was to evaluate the performance of inbred lines (S7) and their respective popcorn hybrids in relation to the damage caused by the fungi *P. polysora*, *E. turcicum* and *B. maydis*. In order, 15 inbred lines – 14 from the variety UENF 14 and one from the hybrid IAC 125 – were used, five of them were cross together, four of them with a narrow genetic base (L270, from the variety PARA-172, L651, originating from the ARZM-13050 population, P1, originating from the Zélia hybrid, with intermediate resistance to *E. turcicum* and *P. polysora*, and susceptibility to *B. maydis*, and L70, originating from BRS Angela, susceptible to *E. turcicum*, resistance to *B. maydis* and with intermediate resistance to *P. polysora*) and a broad genetic base (open-pollinated variety PARA-172 resistant to *E. turcicum*, *P. polysora* and *B. maydis*). The genotypes were evaluated in the incomplete blocks (10x10 lattice) with three replications, in the second cropping season of 2018. The response of the genotypes to foliar diseases was quantified by means of the estimation of the incidence and

severity of symptoms. The analysis of variance, general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA), as well as genetic factors were estimated. The efficiency of the testers was evaluated by the estimation of the Fasoulas Differentiation Index (D) and the analysis of the hybrids was performed via genotype by trait GT Biplot using program R. The lines that expressed promising values for GCA for the incidence and severity of the diseases evaluated, were: L685, L691, L696 and L684. Estimates of genotypic determination coefficient (H^2) revealed that hybrids from the tester PARA-172 differed in grain yield (GY), popping expansion (PE) and expanded popcorn volume per hectare (VP); as well as the hybrids from the L651 tester for incidence (IEt) and severity (SEt) to *E. turcicum*; and the combinations from the L70 tester in relation to the incidence (IPp) and severity (SPp) to *P. polyssora*; and the pairs from the tester P1 in relation to the severity of *B. maydis* (SBm). The variation index (Iv) highlighted the prominence of the hybrids from the tester PARA-172 for the agronomic characteristics GY, PE and VP and the incidence and severity to *B. maydis*, besides the combinations from L651 to IEt and SEt; and those from L70 to IPp and SPp. The Fasoulas Differentiation Index highlighted the tester PARA-172 for extraction of superior strains for resistance to *P. polissora*, *B. maydis* and *E. turcicum*. The GT Biplot analysis revealed the hybrid L681 x P1 a promising hybrid for the agronomic traits.

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* var. *Everta* L.) é uma espécie originária do Continente Americano e sua utilização é exclusiva para o consumo humano (Pinho et al., 2003) por ser um produto bastante apreciado e com elevado valor econômico quando comparado com o milho comum. Ademais, têm sido observados crescente consumo e produção deste alimento (Kimati et al., 2005; Freitas Júnior et al., 2006; Oz e Halil, 2011; Delate e Johnson, 2016).

Conforme o Anuário Brasileiro de Milho (2018), o Estado do Mato Grosso é considerado o principal produtor da cultura, com estimativa de 252 mil toneladas para o ano de 2018; porém, o país não é autossuficiente na produção da cultura para atender a demanda do mercado interno (Kirst et al., 2018). De acordo com o Serviço Nacional de Sanidade e Qualidade Alimentar da Argentina (Senasa, 2018), o Brasil importou 12 mil toneladas de milho-pipoca em 2011, 13 mil toneladas em 2012, 6 mil toneladas em 2013 e 2 mil toneladas em 2014, revelando gradual decréscimo na importação.

O desenvolvimento de genótipos com alto potencial agrônomo é fundamental para estimular a expansão do cultivo do milho-pipoca (Amaral Júnior et al., 2013). Atualmente, no Brasil, algumas instituições públicas desenvolvem programas de melhoramento ativos para a cultura do milho-pipoca, a saber: Universidade Estadual de Maringá (UEM), Universidade Estadual do Norte Fluminense "Darcy Ribeiro" (UENF), Universidade Federal de Viçosa (UFV), Universidade Federal de Lavras (UFLA) e Universidade Federal do Cariri (UFCA).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense “Darcy Ribeiro” (UENF) desenvolve, desde 2001, um Programa de Melhoramento Genético de Milho-Pipoca, que culminou com o lançamento da cultivar UENF 14 (Amaral Júnior et al., 2013). O Programa, que começou com o emprego da Seleção Recorrente Genotípica (Pereira e Amaral Junior, 2001), atualmente desenvolve diferentes linhas de pesquisas como seleção recorrente genômica (Almeida Filho et al., 2017) e melhoramento para estresses abióticos – eficiência no uso do P, do N e tolerância ao *deficit* hídrico (Gerhardt et al., 2017; Santos et al., 2017a; Kamphorst et al., 2018) e a estresses bióticos (Santos et al., 2017b; Schwantes et al., 2017; Kurosawa et al., 2017; Mafra et al., 2018).

No que se refere a estresses bióticos, a cultura do milho-pipoca apresenta maior susceptibilidade em relação ao milho comum (Zinsly e Machado, 1987). No Brasil, a partir de 1990, vem ocorrendo agravamento da incidência e da severidade de doenças, particularmente as foliares, cujas principais causas são provenientes do cultivo durante o ano todo sob irrigação, utilizando cultivares susceptíveis (Machado et al., 1993; Embrapa, 2010; Damasceno et al., 2015). Ainda, em nosso país, é marcante a suscetibilidade do milho à helmintosporiose e à ferrugem polissora (Casela et al., 2006) e, de forma mais acentuada, do milho-pipoca (Sawazaki, 2001; Casela et al., 2006), com reduções drásticas no rendimento e na qualidade da capacidade de expansão dos grãos, culminando com a depreciação do valor comercial da pipoca (Sawazaki, 2001; Santos et al., 2017; Mafra et al., 2018).

O emprego de cultivares com resistência genética consiste no método mais viável, ambientalmente correto e econômico de controle de doenças (Casela et al., 2006; Vieira et al., 2009a). Por conseguinte, o desenvolvimento de cultivares híbridas resistentes deve ter atenção especial por parte dos melhoristas de milho-pipoca. Para tanto, os *testcrosses* são opções exequíveis por possibilitarem a estimação da capacidade geral e específica das linhagens em combinações híbridas, eliminando, de forma fidedigna, aquelas que apresentam desempenho agrônomico inferior (Miranda Filho et al., 1987; Vencovsky e Barriga, 1992; Sawazaki et al., 2004; Bolson et al., 2016). Também permitem a obtenção de estimativas que proporcionam conhecer a herança da resistência, de fundamental importância para a implementação de programas de melhoramento mais eficientes.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Estimar as capacidades combinatórias e avaliar o desempenho de linhagens endogâmicas (S_7) e seus respectivos híbridos de milho-pipoca oriundos de cruzamento com testadores, quanto às características agronômicas rendimento de grãos e capacidade de expansão e às das doenças causadas pelos fungos *Puccinia polysora*, *Exserohilum turcicum* e *Bipolaris maydis*.

2.2. Objetivos específicos

- ✓ Caracterizar linhagens endogâmicas (S_7) de milho-pipoca como fonte de alelos para resistência às doenças causadas pelos agentes patológicos *P. polysora*, *E. turcicum* e *B. maydis*;
- ✓ Avaliar, selecionar e identificar híbridos oriundos dos *testcrosses*, promissores em relação às características agronômicas quanto à resistência genética às doenças foliares estudadas, com base em análise combinatória;
- ✓ Gerar informações sobre a cultura do milho-pipoca, na expectativa de contribuir para a futura recomendação de híbridos que reúnam potencial superior para resistência às doenças estudadas e bons caracteres agronômicos.

3. REVISÃO DA LITERATURA

3.1. Milho-pipoca: aspectos gerais

O milho-pipoca (*Zea mays* L. *Everta* Sturt.) é uma espécie botânica pertencente à família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae (Goodman e Smith, 1987). Segundo a Normativa Nº 61, de 22 de dezembro de 2011, Capítulo 1, Art. 3, determinada Pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), entendem-se por milho-pipoca os grãos provenientes da espécie *Zea mays Everta* S., subespécie *mays*, com capacidade de estourar, transformando-se em pipoca, quando submetido a uma temperatura superior a 180 °C.

Há controvérsias entre os pesquisadores em relação às hipóteses relacionadas à origem do milho. A comunidade científica destaca três conjecturas como sendo as mais relevantes para a explicação das prováveis origens. A mais aceita é a defendida por Beadle (1978) e Galinat (1974, 1977), sugerindo que o milho tenha se originado de forma direta e unicamente do teosinto, por intermédio de intensa seleção praticada pelo homem. Outra hipótese, aventada por Weatherwax (1954), sugere que o milho, o teosinto e o *Tripsacum* spp. se originaram de um ancestral comum. Por fim, a hipótese defendida por Mangelsdorf (1974) propala que o teosinto tenha se originado do milho; portanto, o milho seria o genoma ancestral.

O milho-pipoca é caracterizado por ser espécie monoica, apresentando crescimento herbáceo anual, sendo que as plantas exibem porte menor, grãos

duros e pequenos, colmos finos, menor número de folhas e uma maior susceptibilidade a pragas e doenças em relação a outros tipos de milho (Zinsly e Machado, 1987). Geralmente, as plantas de milho-pipoca são mais prolíficas, superprecoces na maturação e na secagem dos grãos, além de produzirem perfilhos com maior frequência (Fantin et al., 1991). As plantas dessa espécie têm, geralmente, um sistema radicular fasciculado e superficial, com pouca tolerância à seca (Goodman e Smith, 1987). Porém, a principal diferença do milho-pipoca em relação aos demais tipos de milho é a capacidade de expansão (CE) dos grãos, quando submetidos a uma temperatura em torno de 180 °C (Silva et al., 1993; Sawazaki, 2001).

De acordo com Freire (2015), o milho-pipoca apresenta condições e épocas de cultivo semelhantes às do milho comum. Os principais problemas da cultura observados no Brasil são: acamamento e quebramento do colmo, agravados pela necessidade de colheita dos grãos com umidade abaixo de 18 %; podridão de grãos, causada por agentes etiológicos; excesso de chuva no período pós-maturação dos grãos; alta severidade de doenças foliares e ataque de lagarta no cartucho e na espiga, demandando várias aplicações de defensivos agrícolas; danos mecânicos na colheita e secagem do grão; e armazenamento em condições inadequadas para conservação da umidade dos grãos.

Os grãos provenientes do milho-pipoca apresentam alta variação quanto ao tamanho, variando de 0,5 a 1,0 cm (Sawazaki, 2001). Quanto ao formato, os grãos podem ser do tipo arroz, longos e delgados, com pontas agudas nas extremidades, ou do tipo pérola, redondos e com uma extremidade suave (Sawazaki, 2001). Em relação à coloração, os grãos podem variar entre o matiz branco, amarelo, alaranjado, rosa, creme, vermelho, roxo, preto ou azul, sendo o branco e o amarelo os mais comuns (Zinsly e Machado, 1987). Os grãos de formato arredondado do tipo pérola, com endosperma amarelo-alaranjado, são os que têm maior aceitação comercial (Ziegler e Ashman, 1994).

Entre as principais características desejáveis em uma boa cultivar de milho-pipoca, predominam a capacidade de expansão – CE dos grãos, a qual é almejada pelo consumidor final, e a produtividade de grãos – RG, –, desejada pelos produtores (Galvão et al., 2000; Diego et al., 2016). A CE está ligada à resistência do pericarpo, associado à presença de óleo e água no grão, os quais, em consequência do aumento de temperatura e da pressão efetuada pela fina camada

do endosperma, provocam o aquecimento da umidade contida nos grânulos de amido, originando sua hidrólise, perda de umidade e extensão de toda a estrutura celular do endosperma, ocasionando, assim, a explosão dos grãos (Weatherwax, 1922; Silva et al., 1993; Dalbello et al., 1995).

O grão do milho-pipoca tem em sua composição predominantemente frações ricas em lipídios (óleo) e carboidratos (amido). Além de proteínas, fibras e vitaminas do complexo B, tem grande potencial calórico, sendo, portanto, rico em açúcares e gorduras (Sawazaki, 1996). Manarini (2012) recomendou o consumo diário da pipoca em razão dos teores de antioxidantes e de suas características nutricionais, sendo considerado um alimento que deve ser incluído em dietas balanceadas. O consumo da pipoca é crescente no país, mas sua principal comercialização é feita por grandes empresas empacotadoras, em sua maioria, detentoras das cultivares registradas.

O Brasil é o terceiro maior produtor e exportador de milho comum, mas as informações sobre a produção de milho-pipoca são consideradas apensadas neste contexto. Conforme disposto no Anuário Brasileiro de Milho (2018), o Estado do Mato Grosso é considerado o maior produtor de milho-pipoca, tendo gerado cerca de 252 mil toneladas no ano de 2018. No entanto, a produção nacional não é suficiente para atender o mercado interno, necessitando de importações, principalmente dos Estados Unidos da América e da Argentina.

3.2 Melhoramento visando à resistência a doenças

A resistência genética é definida como a capacidade de o hospedeiro impedir e/ou atrasar o desenvolvimento e o crescimento de um patógeno. Quando ocorre o impedimento da multiplicação do patógeno, ou seja, a formação de esporos, a resistência é denominada "completa"; por sua vez, quando há formação de esporos e a planta promove a capacidade de se recuperar, o evento é conhecido por "resistência parcial" (Parlevliet, 1979). De todo modo, o uso de genótipos resistentes ou tolerantes é um dos métodos mais eficientes na prevenção contra doenças, já que contribui de forma direta para evitar ou reduzir a utilização de produtos fitossanitários, que oneram o custo de produção (Vanderplank, 1968; Balmer e Pereira, 1997; Fritsche Neto e Borém, 2011; Amorim et al., 2016).

Em um programa de melhoramento visando à resistência genética a doenças, o conhecimento *a priori* dos efeitos gênicos que governam a resistência possibilita uma ação otimizadora das estratégias de melhoramento, favorecendo, assim, a obtenção de ganhos seletivos desejáveis e de segregantes superiores. Nesse aspecto, estimativas dos efeitos gênicos aditivos e de dominância, oriundas de estratégias de cruzamentos (dialelos, *testcrosses* etc.), possibilitam compreender a base genética das populações em estudo, favorecendo a implementação da melhor estratégia de seleção para culminar com a obtenção de uma nova cultivar (Silva et al., 2001). Ainda nesse contexto e de forma esclarecedora, Schuelter et al. (2003) acentuam que o desenvolvimento de cultivares resistentes é determinado por um trabalho intenso, envolvendo desde a identificação de genótipos que apresentam resistência, elucidação do controle genético até a elaboração e execução de estratégias eficientes na transferência dos alelos que conferem resistência para os genótipos-elite. Validando o que foi dito, na concepção de Sabato e Teixeira (2015), para obter sucesso em um programa de melhoramento que inclua ou não a obtenção de híbridos de milho com resistência genética a uma doença, é importante conhecer aspectos do controle genético dessa doença.

Vanderplank (1968) introduziu o conceito de resistência vertical, sendo aquela resistência monogênica ou oligogênica com expressão de genes maiores, caracteristicamente do tipo dominante-recessivo, apresentando resistência a raças específicas, normalmente, com pouca estabilidade. A resistência vertical é uma maneira mais rápida e eficaz de trabalhar um programa de melhoramento genético destinado à resistência a determinada doença. Devido ao fato de ser condicionada por poucos genes de maior expressão, a transferência do gene que condiciona a resistência de um genótipo para o outro é mais fácil, podendo ser feita por simples cruzamentos. O maior obstáculo para a utilização deste tipo de resistência é a facilidade com que o patógeno neutraliza estes genes, principalmente pelos mecanismos de geração de variabilidade (mutação e recombinação), tornando a resistência pouco permanente (Matiello et al., 1997). Dentro da expressão de resistência vertical, há hipótese “gene-a-gene”, descrita por Flor (1971), que propõe que para cada gene de resistência no hospedeiro há um gene específico e relacionado, determinando patogenicidade no fungo.

Na concepção de Vanderplank (1975), a resistência horizontal é uniforme, condicionada por vários genes (poligênica), geralmente duradoura, inespecífica contra todas as raças do patógeno, não havendo interação diferencial entre as raças do patógeno e das variedades do hospedeiro.

As estratégias e os métodos de melhoramento podem auxiliar na obtenção ou transferência de genes que conferem resistência. Neste contexto, a utilização dos delineamentos genéticos, prioritariamente os dialelos, com a finalidade de identificar linhagens e gerar híbridos que apresentem resistência às doenças, tem mostrado resultados favoráveis. Os trabalhos com esse intento são raros em milho-pipoca, mas, em milho comum, Vieira et al. (2012) utilizaram o delineamento em dialelo completo com inclusão de cruzamentos recíprocos e identificaram híbridos resistentes aos agentes patogênicos *E. turcicum* e *Cercospora* spp. Hung et al. (2012), também trabalhando com milho comum, discriminaram linhagens que exibiram baixos níveis de incidência e severidade ao patógeno *Fusarium verticillioides* por meio das estimativas de CGC. Faria et al. (2015), por sua vez, inter cruzaram sete híbridos com a finalidade de quantificar e selecionar genótipos quanto à baixa severidade de *Puccinia sorghi* e *Cercospora zea-maydis* na cultura do milho comum. Schwantes et al. (2017), também utilizando de sistema de cruzamentos dialélicos, identificaram híbridos de milho-pipoca menos susceptíveis a *Fusarium* sp. e Bekeko et al. (2018) discriminaram genótipos de milho comum com potencial de resistência a *Cercospora*.

Conforme propalado por Camargo (1995), no cenário do melhoramento genético de milho, o retrocruzamento é a estratégia indicada para a transferência de poucos alelos de uma linhagem para outra na produção de híbrido resistente. Confirmando essa versão, Belcher et al. (2012) discriminaram e extraíram linhagens resistentes a *B. maydis* derivadas de retrocruzamentos de híbridos elite com genótipos que apresentavam resistência. Reid et al. (2017) retrocruzaram híbridos com genótipos crioulos que apresentavam baixa severidade a doenças e obtiveram linhagens resistentes. Teixeira et al. (2017), por sua vez, desenvolveram linhagens resistentes à ferrugem polissora e à mancha branca pelos retrocruzamentos entre linhagens elite e acessos resistentes.

A aplicação de técnicas biotecnológicas envolvendo marcadores moleculares, transformações genéticas e transferências gênicas combinadas ao melhoramento convencional de plantas, tem-se destacado nas últimas décadas,

além do emprego da técnica e da obtenção de duplos haploides (Beyene et al., 2011; Nui et al., 2014; Bohn et al., 2017; Mowers et al., 2018).

O desenvolvimento de mapas de QTLs, no intento de identificar marcas associadas a genes que conferem resistência, tem cada vez mais crescido em relevância para apoio ao melhoramento convencional do milho. Bhavani et al. (2013) identificaram locos que governam resistência a *P. polysora* na cultura do milho; Chen et al. (2016), fazendo uma associação fenotípica juntamente com a genotípica, avaliando 207 linhagens, encontraram duas marcas que apresentam efeito de resistência para *E. turcicum*; He et al. (2018), utilizando 233 famílias F_{2:3} (oriundas do cruzamento de linhagens susceptíveis e genótipos resistentes), encontraram cinco QTLs responsáveis por conferir resistência a Cercosporiose.

Referindo-se ainda à aplicação da biotecnologia para fins de melhoramento de plantas, a associação genômica ampla (GWAS) apresenta-se com abordagem útil para identificação de fatores genéticos com a finalidade de facilitar a identificação de genótipos resistentes, possibilitando uma seleção assistida por marcadores (Daetwyler et al., 2013; de los Campos et al., 2013; Valente et al., 2016). Neste contexto, Ding et al. (2015), em estudo aplicando GWAs na cultura do milho com a finalidade de investigar genes associados à resistência a *E. turcicum*, constataram que se trata de uma característica complexa, que está sob o controle de muitos genes, com efeitos relativamente baixos. Coan et al. (2018) desenvolveram SNPs que identificaram e se associaram a genes responsáveis por produzir proteínas relacionadas à defesa na cultura de milho comum e de milho-pipoca para a doença causada pelo patógeno *F. verticillioides*.

3.3 Testcross no melhoramento de plantas

O híbrido pode ser definido como a primeira geração proveniente do cruzamento entre variedades de polinização aberta, linhagens endogâmicas ou outras populações geneticamente divergentes (Souza Junior, 2001). O processo de obtenção de híbridos por endogamia e cruzamentos foi descrito no início do século XX por Shull (1909), estudando a cultura do milho, tendo preceituado que dentro de uma população de polinização livre há vários genótipos e que, pelo processo de endogamia, pode-se ter uma série de linhagens puras. Intercruzando as linhagens puras, observou-se restabelecimento do vigor híbrido, desta forma prescrevendo o

processo de hibridação para o meio científico e o meio produtivo. Mas, devido à redução do vigor das linhagens, a produção de sementes era extremamente baixa, inviabilizando a produção comercial do híbrido simples. Em 1918, este problema foi sanado por Jones, com a proposta de utilização do híbrido duplo, consistindo no cruzamento de dois híbridos simples, tornando-se economicamente viável a produção comercial de sementes híbridas (Troyer e Wellin, 2009).

Para o sucesso da obtenção de híbridos superiores, a utilização de linhagens que apresentam uma boa conduta em relação ao desempenho *per se* e boa heterose dentro dos cruzamentos se torna um fator crucial em um programa de melhoramento (Souza Sobrinho, 2001). Nos últimos anos, a atenção dos programas tem tido como foco a extração de populações derivadas de híbridos comerciais, o que é justificado pelo fato de estes híbridos serem intensamente avaliados em diferentes condições de cultivo antes de serem comercializados. Nessa condição, é esperado que eles tenham alta frequência de alelos favoráveis para os cultivos para os quais foram desenvolvidos (Araujo, 2014).

O *testcross* é uma estratégia de cruzamentos proposta por Davis (1927). Este procedimento tem como objetivo principal a avaliação da capacidade geral e específica das linhagens em combinações híbridas, eliminando aquelas que apresentam desempenho agrônômico inferior. O processo de cruzamento consiste na utilização de um ou mais genótipos testador (es) com uma série de linhagens ou progênes a serem avaliadas (Miranda Filho et al., 1987; Vencovsky e Barriga, 1992; Sawazaki et al., 2004).

No processo de melhoramento genético de milho, estão envolvidas várias etapas, requerendo tempo e recurso para executá-las (Silveira e Moro, 2009). Neste contexto, o processo de avaliação da capacidade combinatória é o mais demorado e com maior demanda de recursos. Sob esse aspecto, a seleção prévia das linhagens é uma prática evidente nos programas de melhoramento, por ser uma alternativa para descarte precoce de linhagens que não apresentem características agrônômicas desejáveis (Miranda Filho et al., 1987; Souza Junior, 2001). Para tanto, o *testcross* é opção viável por permitir inferir sobre o desempenho de um grande número de linhagens na constituição de híbridos (Hallauer et al., 2010).

Os conceitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) são úteis na caracterização dos genitores

utilizados em cruzamentos. A CGC se refere ao comportamento médio de um genitor numa série de combinações híbridas e está associada aos efeitos aditivos dos alelos e às ações epistáticas do tipo aditiva (Cruz e Vencovsky, 1989). Por sua vez, a CEC representa o desvio, positivo ou negativo, de uma determinada hibridação, tomando como base a média da CGC dos parentais, por meio dos efeitos de dominância e epistasia envolvendo dominância (Cardoso, 2006; Cruz et al., 2012).

Conforme descrito por Hallauer et al. (2010), a base genética do testador, ampla ou estreita, é o que diferencia a capacidade geral da capacidade específica de combinação. Essas diferenças são evidentemente atribuídas às frequências alélicas dos testadores. Adotando como exemplo um testador de base genética ampla, as frequências alélicas nos diferentes locos assumem valores entre 0 e 1. Já as frequências gênicas para os testadores de base estreita, os valores se limitam a 0 ou 1; porém, quando estes testadores são resultantes do cruzamento de duas linhagens homocigotas, como, por exemplo, na composição de híbridos simples, os valores passam a ser de 0, 0,5 ou 1. Em ambos os casos a seleção pode ocasionar mudança na média da população em função da predominância dos efeitos aditivos quando utilizados testadores de base ampla, ou a predominância dos efeitos de dominância quando utilizados testadores de base estreita.

A seleção do testador ideal irá depender dos objetivos de cada programa, podendo estar fundamentada na alta ou baixa frequência de alelos favoráveis, base genética ampla ou estreita, capacidade geral ou específica de combinação, rendimento *per se*, número de testadores utilizados e o grau de parentesco para com os genótipos avaliados (Castellanos et al., 1998; Santos et al., 2001; Hallauer et al., 2010). A escolha do testador é fundamental para o sucesso na realização da metodologia do *testcross*. Um bom testador deve apresentar maior eficiência na discriminação dos genótipos de acordo com os fins da seleção, ser de fácil manipulação, prover boa quantidade de pólen, além de fornecer informações que classifiquem o mérito relativo de linhagens que maximizem o ganho genético (Hallauer et al., 2010). Matzinger (1953) adverte que um testador desejável é aquele que combina praticidade no uso com o máximo de informação sobre o desempenho esperado das linhagens usadas em outras combinações e que é praticamente impossível encontrar em um só testador todos esses requisitos.

No intento de discriminar linhagens *per ser* e híbridos superiores com base nos cruzamentos, o emprego do *testcross* é opção eficiente, decorrente de sua capacidade de estimar CGC e CEC. Nesse aspecto, Tamirat et al. (2014), intercruzando 36 linhagens com dois testadores, discriminaram linhagens de híbridos de milho quanto ao rendimento de grãos; Beyene et al. (2017), por sua vez, selecionaram linhagens e híbridos que apresentaram estimativas favoráveis de capacidades combinatórias para resistência à necrose letal do milho.

Além da finalidade de selecionar genótipos superiores, o *testcross* auxilia na tomada de decisão quanto ao descarte de famílias parcialmente endogâmicas que se apresentarem inferiores. Isso posto, em pesquisas com milho-pipoca, Arnhold et al. (2009), trabalhando linhagens parcialmente endogâmicas S₃; Barreto et al. (2012), utilizando famílias S₂, e Lima et al. (2016), avaliando progênies parcialmente endogâmicas S₃, utilizaram esse sistema de cruzamentos para discriminar previamente linhagens inferiores.

3.4 Doenças fúngicas foliares na cultura do milho

Os fungos são um dos principais microrganismos patogênicos na cultura do milho, com destaque, sobretudo, para as doenças foliares, cujos prejuízos são decorrentes da redução da área fotossintetizante, ocasionando senescência precoce, sendo que, dependendo do número e do tamanho das lesões, pode ocorrer necrose em toda a folha, com redução de até 40 % na produtividade de grãos (Casa e Reis, 2003; Casa et al., 2004; Reis et al., 2004; Cunha et al., 2010; Ribeiro Junior et al., 2015). Esse impacto tende a ter crescimento anual, especialmente em razão do incremento das áreas irrigadas e daquelas sob cultivo de safrinha, levando a maior sobrevivência dos patógenos em campo (Tomazela et al., 2006; Fantin e Duarte, 2009; Manfroi et al., 2016; Neves e Bradley, 2019).

Entre as principais doenças e seus respectivos agentes etiológicos de natureza fúngica do milho, destacam-se a helmintosporiose (*Bipolaris maydis* (Nisik.) Shoemaker e *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs), a ferrugem (*Puccinia polysora* Underw) e a antracnose (*Colletotrichum graminicola* (Ces.) G. V. Wils), que causam danos significativos às plantas e conseqüente diminuição da produção (Fantin e Duarte, 2009; Lima et al., 2010).

Em termos fitossanitários, o milho-pipoca é atacado pelas mesmas pragas, vírus, nematoides, bactérias e fungos que incidem sobre o milho comum, de modo que o controle é feito com os mesmos produtos. Isso posto, a maciça forma de controle das doenças fúngicas tem sido a utilização de fungicidas do grupo triazóis e estobilurinas, muitas vezes necessitando de várias aplicações para o controle, o que eleva o custo de produção da cultura (Duarte et al., 2009; Costa et al., 2012; Manfroi et al., 2016).

3.4.1 Ferrugem polissora

A ferrugem polissora é uma das doenças mais destrutivas da cultura do milho, tendo sido observada pela primeira vez na África em 1949, causando epidemia (Pinho et al., 1999). No Brasil, já foram observados danos de 65 % na produção de milho, sendo que alguns fatores têm favorecido o aumento da ocorrência da doença em lavouras brasileiras, como o uso do monocultivo em sistema de plantio direto, a utilização de híbridos susceptíveis e, sobretudo quando feitos cultivos em clima favorável à propagação dos inóculos. A doença está distribuída por toda a região Centro-Oeste, Noroeste de Minas Gerais, São Paulo, parte do Paraná e Rio de Janeiro (Casela et al., 2006; Costa et al., 2012).

A doença é causada pelo agente etiológico *Puccinia polysora* Underw, cujas características são a presença de pústulas circulares a ovais de coloração marrom-canela clara a alaranjada, medindo 0,2 a 2,0 mm de comprimento, densamente distribuídas, principalmente na superfície superior das folhas. Os uredíniosporos, formados no interior das pústulas, têm coloração amarela a dourada e são tipicamente elipsoides ou ovoides. O fungo geralmente infecta folhas completamente expandidas da planta, havendo registros da ocorrência de pústulas na face superior do limbo e da bainha foliar, nas brácteas das espigas e, em condições de alta severidade, no pendão, tornando a doença mais severa à medida que a planta se desenvolve (Kimati et al., 2005; Dudienas et al., 2013). Segundo Casela et al. (2006), temperaturas baixas entre 16 a 23 °C e alta umidade relativa do ar favorecem o desenvolvimento da doença.

Patógenos causadores de ferrugens se reproduzem abundantemente e, quando em condições favoráveis, infectam e se dispersam rapidamente, mesmo em quantidades mínimas de inóculo, podendo dar origem a epidemias

devastadoras. O principal agente dispersor é o vento, podendo transportar inóculos a longas distâncias, embora esses inóculos possam também ser disseminados pela água, insetos e outros agentes (Godoy, 2000).

No intento de identificar genótipos resistentes e compreender a base genética da resistência a *P. polysora*, Zhou et al. (2018) caracterizaram genes relacionados à expressão da resistência à ferrugem polissora na cultura do milho, favorecendo uma maior compreensão da base genética desta doença. Para tanto, associaram marcas moleculares recorrentes entre os genótipos que apresentaram baixa severidade da doença, identificando aqueles genótipos altamente resistentes, que serviram de amparo para evidenciar a existência de genes de resistência.

Mafra et al. (2018), utilizando cruzamentos em dialelo parcial para estudo da resistência de *P. polysora* em milho-pipoca, avaliaram o comportamento de 40 híbridos simples e de 16 linhagens. Discriminaram genótipos que apresentaram baixa incidência e severidade da doença, prescrevendo-os como de interesse para serem utilizados em plantios experimentais ou com a finalidade de extração de linhagens superiores.

3.4.2 Helmintosporiose

A helmintosporiose é causada por um complexo de fungos, entre os quais se destacam o *Exserohilum turcicum* e o *Bipolares maydis*, os quais, de acordo com o grau de resistência, sistema de manejo e das condições de clima durante o cultivo, ocorrem em diferentes intensidades (Reis et al., 2004). A helmintosporiose causada por *B. maydis* apresenta menor importância no milho normal, comparado com o milho-pipoca, devido ao fato de este ser menos resistente (Oliveira et al., 2004).

Conforme descrito por Cota et al. (2013), a helmintosporiose interfere diretamente na fotossíntese pela redução da área fotossintética, levando, assim, à redução no desenvolvimento vegetativo, produtivo e qualitativo do produto final. No Brasil, no período de safrinha (janeiro a junho), as perdas podem atingir 50 % em ataques antes do período de floração, em condições favoráveis e uso de cultivares susceptíveis (Casela et al., 2006).

Os sintomas típicos causados pelo agente etiológico *E. turcicum* são lesões necróticas, elípticas, alongadas, medindo de 2,5 a 15 cm de comprimento,

tornando-se visível o seu desenvolvimento uma a duas semanas após a infecção, ocorrendo inicialmente nas folhas inferiores, sendo que a coloração do tecido necrosado varia de verde-cinza a marrom. Por sua vez, *B. maydis* ocasiona lesões alongadas, delimitadas pelas nervuras com forma e tamanho variáveis, podendo variar a coloração marrom com margens amareladas ou cloróticas. Com o aumento das lesões, a área foliar afetada pode ocupar a totalidade da folha (Butzen e Munkvold, 2004; Casela et al., 2006).

A sobrevivência dos patógenos ocorre em restos culturais infectados e grãos. A temperatura ideal para o desenvolvimento da doença está entre 22 e 30 °C. A doença é favorecida por alta umidade e dias de muito sol, sendo que longos períodos de seca são desfavoráveis. A disseminação ocorre por meio do vento e pela chuva, que provocam a dispersão dos esporos produzidos nas folhas (Casela et al., 2006; Guiomar, 2011).

O uso de cultivares com resistência genética é considerado um método prático e eficaz para reduzir as perdas das produtividades agrícolas, causadas pelos índices elevados de severidade das doenças (Ribeiro et al., 2016). A resistência ou a tolerância à infecção causada pelo patógeno é o método mais seguro de controlar a moléstia, tanto em relação à redução da aplicação de produtos para controle fitossanitário, quanto sob o aspecto de uma agricultura mais sustentável agroecologicamente. Desta forma, Kurosawa et al. (2017) avaliaram acessos crioulos, híbridos e linhagens pertencentes à Coleção do Banco Ativo de Germoplasma da UENF e os caracterizaram quanto às resistências a *B. maydis* e *E. turcicum*, indicando grupos de genótipos que se expressaram como notórias fontes de resistência a serem utilizados em cruzamentos visando a ganhos seletivos.

Santos et al. (2017), com a finalidade de investigar o controle genético e estimar as capacidades de combinações de milho-pipoca quanto à incidência e severidade do patógeno *E. turcicum*, avaliaram 56 híbridos e seus recíprocos, oito parentais e seis testemunhas, e concluíram que os componentes de dominância foram mais expressivos que os aditivos na expressão de rendimento de grãos e de resistência, sendo a hibridação a opção mais adequada para a obtenção de genótipos produtivos e resistentes.

Saito et al. (2018), no propósito de identificar genótipos de milho estáveis, adaptáveis e resistentes a *E. turcicum* e *Cercospora zea-maydis*, avaliaram 41

linhagens em diferentes épocas de semeadura. Constataram que todas as linhagens foram resistentes, porém apenas cinco se apresentaram com adaptabilidade e estabilidade, indicando-as como promissoras para serem utilizadas na produção de híbridos.

4 MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 Genótipos

Foram avaliadas quinze progênies endogâmicas: 14 oriundas da variedade de polinização aberta UENF 14 e uma oriunda do híbrido IAC 125. Como testadores, foram utilizados quatro genótipos de base genética estreita e um de base genética ampla, respectivamente, as linhagens endogâmicas L270, L651, P1 e L70 e a população de polinização aberta PARA-172 (Tabela 1).

Tabela 1. Identificação e descrição dos testadores quanto ao tipo, genealogia, instituição de origem, estrutura genética e adaptação climática.

Genótipo	Tipo	Origem	Obtentor	Base Genética	Adaptação Climática
PARA-172	População	Desconhecida	CIMMYT	Ampla	Temperado/ Tropical
L270	Linhagem	PARA-172	UENF	Restrita	Temperado/ Tropical
L651	Linhagem	ARZM-13050	UENF	Restrita	Temperado/ Tropical
P1	Linhagem	Híbrido Zélia	UEM	Restrita	Temperado/ Tropical
L70	Linhagem	BRS Angela	UEM	Restrita	Temperado/ Tropical

A variedade UENF 14 teve início com a população UNB-2U, sendo uma variedade de polinização aberta. Antes de chegar à UENF (Universidade Estadual

do Norte Fluminense Darcy Ribeiro), esta variedade se constituiu de um composto indígena doado à Universidade de Brasília (UNB) pela ESALQ/USP, que recebeu o nome de UNB-1. Posteriormente, a UNB-1 foi trazida para a UENF pelo Professor Joachim Friedrich Wilhelm Von Bülow no ano de 1993 e cruzada com a variedade de milho-pipoca SAM (*South American Mushroom*). Esta primeira geração filial foi, então, cruzada com uma variedade de milho-pipoca resistente a *Exserohilum turcicum* (helmintosporiose). Após dois ciclos de seleção massal, foram feitos três retrocruzamentos com a variedade SAM, originando, assim, a população UNB-2. Esta população, após dois ciclos de seleção massal, deu origem à população UNB-2U (Pereira e Amaral Júnior, 2001). Foram, então, feitos oito ciclos de seleção recorrente visando a obter ganhos para as principais características de importância econômica da cultura – capacidade de expansão e rendimento de grãos (Daros et al., 2002; Daros et al., 2004; Santos et al., 2007; Freitas Júnior et al., 2009; Rangel et al., 2011; Ribeiro et al., 2012; Freitas et al., 2014; Guimarães et al., 2018). As linhagens utilizadas no presente trabalho provieram da população de ciclo C-6 e foram obtidas no Colégio Estadual Agrícola Antonio Sarlo, localizado em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, a partir de autofecundações iniciadas no ano de 2011 e concluídas em 2017.

IAC 125 é um híbrido oriundo de *testcross* (híbrido simples *versus* variedade) desenvolvido pelo Instituto Agrônomo de Campinas, que tem como principais características boa capacidade de expansão, resistência a doenças e alta produtividade (Sawazaki, 2006). Entre os anos de 2013 e 2017, foram obtidas linhagens S₇ deste híbrido no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, localizado em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro.

A população PARA-172 é uma variedade de polinização aberta, oriunda do Paraguai. Além de atributos agrônômicos desejáveis, apresenta-se como fonte de resistência a *E. turcicum*, a *B. maydis* e a *P. polysora* (Kurosawa et al., 2017). A linhagem L270 foi extraída desta população por autofecundações sucessivas entre os anos de 2013 e 2017 no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, localizado em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro.

A linhagem L70 foi extraída da variedade BRS Angela e doada pela Universidade Estadual de Maringá (UEM). Tem cor de grãos branca, susceptibilidade a *E. turcicum*, resistência a *B. maydis* e resistência intermediária a *P. polysora* (Santos et al., 2017; Mafra et al., 2018, Kurosawa et al. (2017),).

A linhagem L651 foi extraída da população ARZM-13050, que tem como país de origem a Argentina e foi doada à UENF pelo CIMMYT. Para tanto, foram feitos sete ciclos de autofecundações controladas, compreendendo o período de 2013 a 2017.

A linhagem P1 foi desenvolvida pela Universidade Estadual de Maringá (UEM) a partir do híbrido triplo Zélia (Pacheco et al., 2001), tendo alelos favoráveis para a característica ferrugem polissora (Mafra et al., 2018).

Todos esses testadores não são relacionados com as linhagens que foram avaliadas, tendo sido selecionados com base nas respostas às resistências à helmintosporiose e à ferrugem polissora na cultura no milho-pipoca em trabalhos prévios desenvolvidos por Kurosawa et al. (2017), Santos et al. (2017) e Mafra et al. (2018) e estão descritos na Tabela 2.

Tabela 2. Descrição dos testadores quanto à resposta aos agentes patogênicos *E. turcicum*, *B. maydis* e *P. polysora*.

Genótipos	Reação a <i>E. turcicum</i>	Referências
PARA-172	Resistente	Kurosawa et al. (2017)
L270	Desconhecida	—
L651	Desconhecida	—
P1	Intermediária	Santos et al. (2017)
L70	Suscetível	Kurosawa et al. (2017)
Genótipos	Reação a <i>B. maydis</i>	Referências
PARA-172	Resistente	Kurosawa et al. (2017)
L270	Desconhecida	—
L651	Desconhecida	—
P1	Suscetível	Santos et al. (2017)
L70	Resistente	Kurosawa et al. (2017)
Genótipos	Reação a <i>P. polysora</i>	Referências
PARA-172	Resistente	Kurosawa et al. (2017)
L270	Desconhecida	—
L651	Desconhecida	—
P1	Intermediária	Mafra et al. (2018)
L70	Intermediária	Mafra et al. (2018)

4.2 Métodos

O trabalho foi desenvolvido em duas etapas. Na primeira, em 2017/2018, foram feitos os cruzamentos das quinze progêneses S₇ com os cinco testadores em esquema de dialelo parcial, em que cada progênie foi cruzada com cada testador. Na segunda, em 2018, foi implantado o experimento para avaliação dos híbridos

testcrosses, juntamente com os cinco testadores, 15 progênies S₇ (genitores) e cinco testemunhas – variedades de polinização aberta UFV M2-Barão de Viçosa e ARZM-13050, o híbrido simples UENFH2S02 e as linhagens S₇ L51 e L88. UFV M2-Barão de Viçosa foi utilizada pelo seu bom rendimento e capacidade de expansão, verificados em trabalhos anteriores (Mafra, 2016; Santos, 2016). ARZM-13050 foi escolhida por sua reconhecida resistência a *E. turcicum* e *P. polysora* (Kurosawa, 2015). A utilização do híbrido simples UENFH2S02 deveu-se às suas características agrônômicas e de moderada resistência à helmintosporiose. L51 e L88 foram utilizadas por apresentarem resistência a *E. turcicum* e moderada a *P. polysora* (Kurosawa et al., 2017). As linhagens S₇ utilizadas nessa pesquisa foram obtidas da população de milho-pipoca UENF14 (L681, L682, L683, L684, L685, L686, L688, L689, L691, L692, L693, L694, L695 e L696) e do híbrido *testcross* IAC 125 (L204), segundo metodologia descrita e proposta por Paterniani e Miranda Filho (1987). O trabalho de obtenção das linhagens foi desenvolvido no Colégio Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes – RJ, iniciando-se na safra de 2011/2012.

No processo de obtenção das linhagens oriundas da UENF 14, foi feita, na geração S₃, uma seleção prévia delas por ensaios com testadores (Lima et al., 2016; Pena et al., 2016). Nessa seleção, foram consideradas as características de maior importância para a cultura: rendimento de grãos, capacidade de expansão e volume de pipoca expandido por hectare.

4.3 Obtenção dos híbridos *testcrosses*

A obtenção dos híbridos *testcrosses* foi feita no ano agrícola 2017/2018, no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, localizado em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro. Os híbridos foram oriundos dos cruzamentos das 15 linhagens endogâmicas S₇ (L681, L682, L683, L684, L685, L686, L688, L689, L691, L692, L693, L694, L695, L696 e L204) com os cinco testadores (L270, P1, PARA-172, L70 e L651), em esquema de dialelo parcial, em que cada testador foi cruzado com as 15 linhagens, perfazendo um total de 75 híbridos *testcrosses*.

Para a obtenção dos *testcrosses*, as linhagens foram semeadas manualmente em linhas de 10 m de comprimento, espaçadas em 1,00 m entre

linhas e 0,40 m entre plantas, utilizando três sementes por cova, totalizando 25 plantas por parcela após o desbaste. Já os testadores foram semeados em três linhas de 40 m de comprimento, espaçadas em 1,00 m entre linhas e 0,40 m entre plantas. Cada linha dos testadores foi semeada de forma escalonada, adotando-se um intervalo de semeadura de dez dias entre linhas. Essa estratégia foi utilizada para garantir a produção de pólen durante todo o processo de obtenção dos híbridos *testcrosses*. As adubações de plantio e cobertura ocorreram de acordo com a recomendação para a cultura na região (Vittorazzi et al., 2013), adotando-se o controle de plantas daninhas, pragas e doenças, conforme a necessidade da cultura nesta fase.

Os cruzamentos foram feitos de forma manual, adotando-se o seguinte procedimento: as linhas femininas foram compostas pelas linhagens S₇ e as linhas masculinas, pelos testadores. Por ocasião do surgimento das espigas das linhagens, as primeiras espigas da inflorescência feminina superior foram previamente protegidas antes da emissão dos estigmas, utilizando sacos plásticos específicos para o processo. Por ocasião da antese, os pendões das linhas masculinas foram cobertos com sacola de papel 'Kraft'. Este procedimento foi feito sempre no dia que antecedia o cruzamento, adotando-se esse cuidado, uma vez que o pólen perde sua viabilidade após oito horas (Goodman e Smith, 1987). Assim, qualquer pólen viável encontrado no saco de papel no dia seguinte teria sido proveniente do pendão coberto.

A polinização das linhagens ocorreu com um *bulk* de pólen do mesmo testador, ou seja, a mistura do pólen de várias plantas do testador para a realização da polinização das linhagens aptas, ocorrendo a cobertura da espiga com sacola de papel 'Kraft' após polinizada, a qual ficou devidamente protegida até o ato de sua colheita. **Avaliação dos híbridos *testcrosses* e das progênies S₇ per se**

4.4.1 Delineamento experimental

Para a avaliação dos híbridos, o experimento foi delineado em blocos incompletos (látice 10 x 10), totalizando 100 tratamentos, com três repetições, no Colégio Agrícola Antônio Sarlo, Campos dos Goytacazes – RJ, no período de março a julho de 2018. No local, foi feita a avaliação dos híbridos *testcrosses*,

juntamente com os cinco testadores, as quinze progênies *per se* e as cinco testemunhas (UFV M2-Barão de Viçosa, ARZM-13050, UENFH2S02, L51 e L88).

Cada unidade experimental foi constituída por uma fileira de 5,00 m, com espaçamento de 0,20 m entre plantas e 0,80 m entre fileiras, com sementes colocadas à profundidade de 0,05 m, proporcionando um estande final da parcela de 25 plantas. Toda unidade experimental foi bordeada com a linhagem L80, suscetível para as doenças desse estudo, de modo que todas as unidades experimentais tivessem as mesmas condições de recepção de inóculo e para que houvesse fonte de infecção por toda a área avaliada, já que a ocorrência da doença aconteceria de forma natural, sem inoculação.

4.4.2 Preparo do solo, semeadura e tratos culturais

A área de plantio foi previamente gradeada e sulcada com o auxílio de um sulcador no espaçamento desejado entre fileiras. Foi feita uma adubação de fundação de acordo com os resultados da análise de solo e, em seguida, a semeadura, utilizando três sementes por cova. Aos 21 dias após a emergência, foi feito o desbaste, deixando apenas uma planta por cova. Também foram feitas adubações de cobertura nos estádios recomendadas para cultura do milho, bem como o controle de plantas daninhas e de pragas, conforme a necessidade da

4.5 Características avaliadas agronômicas e patogênicas avaliadas

4.5.1 Características agronômicas

Para fins de avaliação, foram consideradas as seguintes características: rendimento de grãos (RG), capacidade de expansão dos grãos (CE) e volume de pipoca expandida por hectare (VP). A avaliação do rendimento de grãos (RG) foi feita pela aferição da massa de grãos produzidos em cada parcela após a eliminação do sabugo, sendo expressa em kg.parcela^{-1} , posteriormente transformada para kg.ha^{-1} .

Para a avaliação da capacidade de expansão (CE), todas as amostras foram encaminhadas para uma câmara fria seca, para atingir a umidade de 12 %. A capacidade de expansão foi determinada em laboratório pela utilização de forno micro-ondas da marca Electrolux, modelo MEF41 - 31 litros, colocando 30 g de

sementes em sacola de papel 'kraft' especial para o pipocamento, na potência de 1.000 W, por dois minutos e vinte segundos e após, foi aferido o volume da pipoca expandida em proveta graduada de 2.000 mL, possibilitando a avaliação quantitativa da expansão do milho pela relação volume de pipoca/peso da amostra. Foram utilizadas duas repetições por tratamento.

O volume de pipoca expandida por hectare (VP) foi obtido pela multiplicação entre a produtividade média da parcela e a capacidade de expansão, gerando o volume médio de pipoca expandida por hectare de plantio, expresso em $m^3.ha^{-1}$.

4.5.2 Avaliação de Puccinia polissora

A reação dos genótipos às doenças foliares foi quantificada pela identificação e estimativa dos sintomas; para tanto, foram adotadas duas estratégias de obtenção das estimativas: aferição da porcentagem dos sintomas ao longo da planta e aferição da porcentagem dos sintomas ao longo da folha imediatamente abaixo a primeira espiga, compreendendo, respectivamente, incidência na planta e severidade na folha.

Foram avaliadas em cada parcela cinco plantas centrais, sendo eliminadas das avaliações as cinco plantas iniciais e finais da parcela, considerando as 15 plantas centrais como parcela útil. Ocorreram cinco avaliações, com intervalos de sete dias entre elas, sendo iniciadas durante a época de florescimento masculino.

Para a avaliação de incidência de ferrugem polissora – IPp – na planta inteira, foi utilizada a escala diagramática adotada pela Agrocere (1996), a qual apresenta intervalo de notas entre 1 a 9: a nota 1 se refere a 0 % de incidência; a nota 2, a 0,5 % de incidência; a nota 3, a 10 % de incidência; a nota 4, a 30 % de incidência; a nota 5, a 50 % de incidência; a nota 6, a 70 % de incidência; a nota 7, a 80 % de incidência; a nota 8, a 90 % de incidência; e a nota 9, a 100 % de incidência (Figura 1).

Para avaliação da severidade de ferrugem polissora – SPp – foi utilizada a folha abaixo da primeira espiga, adotando a escala de Cobb modificada (Chester, 1950), Figura 2, com gradação variando de 5 a 100 %.

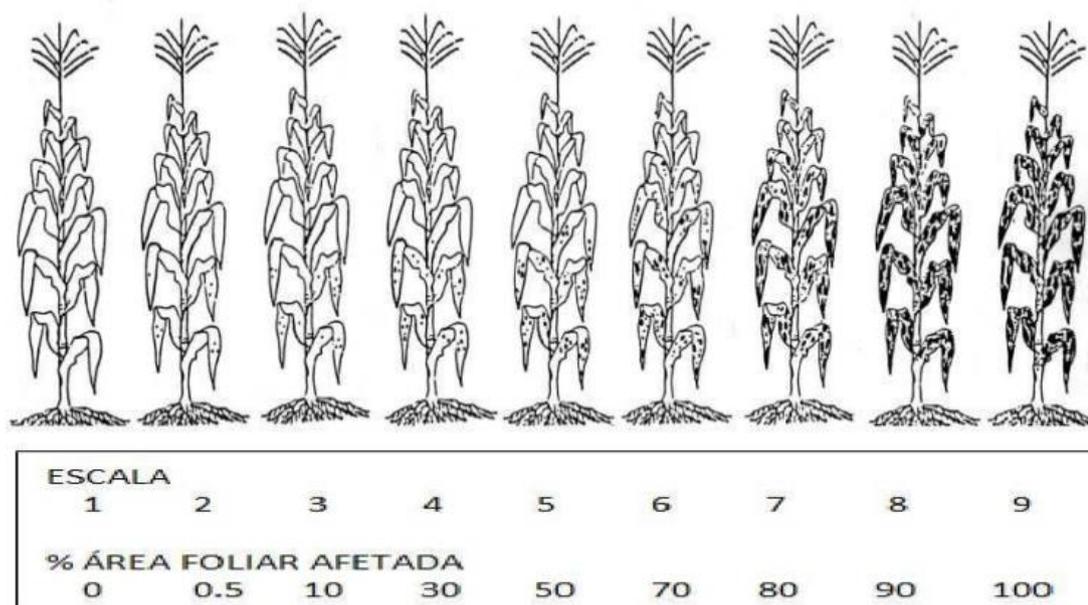


Figura 1. Escala diagramática para avaliação de incidência de moléstias com base na planta proposta por Agroceres (1996).

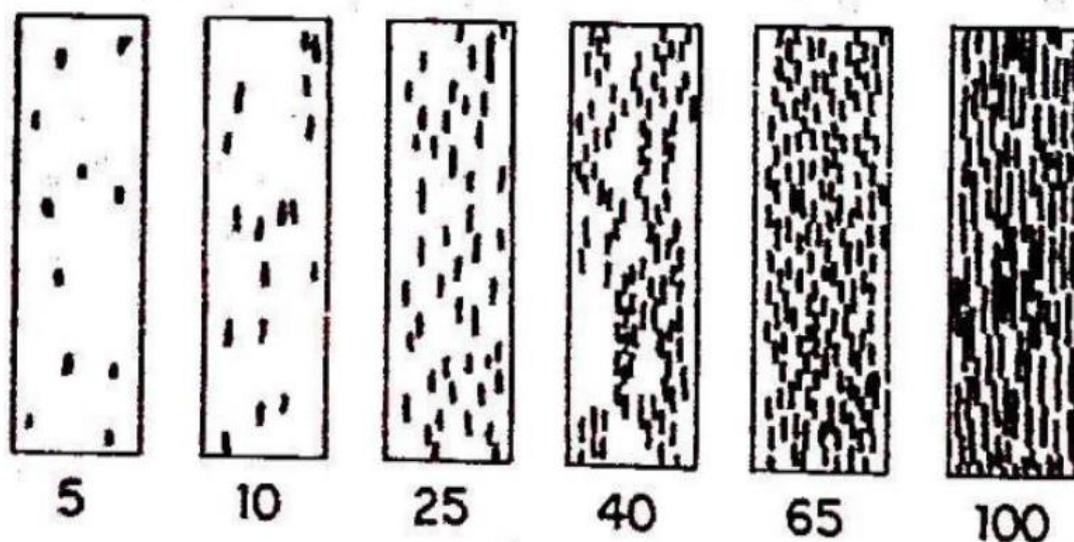


Figura 2. Escala diagramática para avaliação da severidade de ferrugem em folha (Chester, 1950).

4.5.3 Avaliação de Helmintosporiose

incidência na planta de *B. maydis* – IBm – e de *E. turcicum* – IEt – foi feita com o auxílio da escala diagramática de notas proposta pela Agroceres (1996) (Figura 1). A severidade de *B. maydis* – SBm – foi feita com o auxílio de uma escala

diagramática proposta por James (1971) (Figura 3). Para a classificação da severidade de *E. turcicum* – SEt –, utilizou-se a escala diagramática sugerida por Vieira et al. (2013) (Figura 4).



Figura 3. Representação diagramática para avaliação de severidade de helmintosporiose causada por *B. maydis* em folhas de milho, proposta por James (1971).

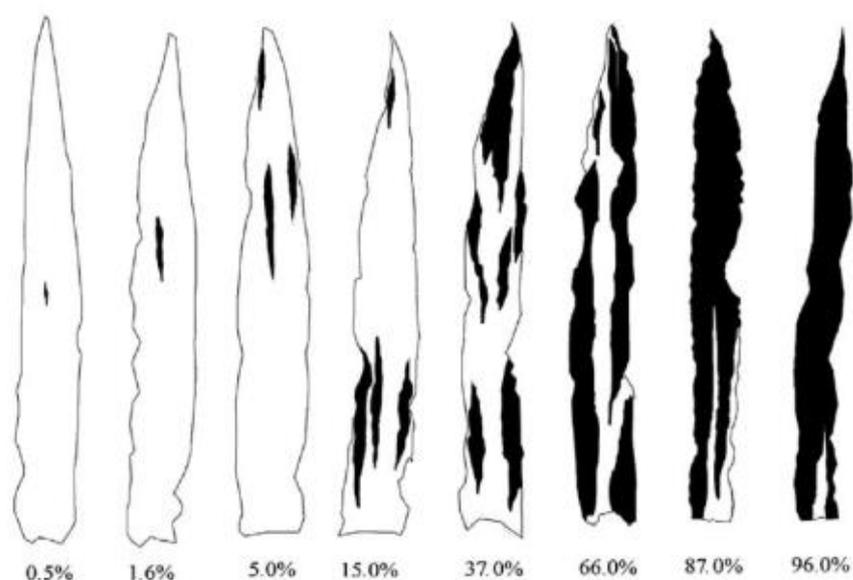


Figura 4. Escala diagramática para avaliação da severidade foliar de helmintosporiose, causada por *E. turcicum*, proposta por Vieira et al. (2013).

As avaliações de severidade ocorreram no período de florescimento, no estágio de grão pastoso. Foram feitas cinco avaliações intervaladas de sete dias. Das 25 plantas que constituíram a parcela, foram eliminadas das avaliações as

cinco plantas iniciais e finais, considerando, então, as 15 plantas centrais como a parcela útil. A primeira planta da parcela útil foi marcada e avaliada e as duas subsequentes foram omitidas. O procedimento foi, assim, repetido. Dessa maneira, foram avaliadas, em cada parcela, cinco plantas, considerando apenas a folha da primeira espiga superior da planta.

4.6 Análise estatística e genética das características

4.6.1 Análise de variância

O modelo de análise de variância em blocos incompletos (látice 10x10) foi fundamentado no seguinte modelo linear:

$$Y_{ijk} = m + G_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado do tratamento i no bloco k , $k=10$, dentro da repetição j ;

m : constante geral da característica;

G_i : efeito fixo do tratamento i , $i = 1, 2, \dots, 100$, sendo NID $(0, \Phi G)$;

r_j : efeito fixo da repetição j , $j = 1, 2, 3$;

$b_{k(j)}$: efeito aleatório do bloco incompleto k , $k = 1, 2, \dots, 10$, hierarquizado dentro da repetição j , sendo NID $(0, \sigma^2 B)$; e

e_{ijk} : erro experimental associado à observação Y_{ijk} , sendo NID $(0, \sigma^2)$.

componentes de variância foram estimados considerando aleatórios os efeitos de blocos e fixos os efeitos de genótipos e sua decomposição pelo *software* SAS (*Statistical Analyses System-SAS Institute*, 2003) (Tabela 3).

Tabela 3. Esquema de análise de variância para o delineamento em látice.

Fontes de variação	Graus de liberdade	QM	E(QM)
Repetição	$(r - 1)$	Q_1	
Bloco/Rep (Não ajustado)	$r(k - 1)$	Q_2	
Genótipo (ajustado)	$(k^2 - 1)$	Q_3	$\sigma^2_e + r\Phi K^2$
Testador	$(t - 1)$	$Q_{3.1}$	$\sigma^2_e + rs\Phi G$
Contraste entre testadores	1	$Q_{3.2}$	$\sigma^2_e + rs\Phi C$
Erro efetivo	$(k - 1)(rk - k - 1)$	Q_4	σ^2_e
Total	$rk^2 - 1$		

4.6.2 Estimativas dos parâmetros genéticos

As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas por meio dos quadrados médios da análise de variância dos látices contidas na Tabela 3.

O coeficiente de determinação genotípica, com base na média de progênes, foi estimado pela expressão:

$$H^2 = \frac{\phi_g}{\sigma_f^2} ,$$

Em que:

ϕ_g = Variabilidade genotípica; e

σ_f^2 = Variância fenotípica.

O Coeficiente de variação genético foi expresso por:

$$CV_g = (\sqrt{\phi_g/\bar{X}})100 ,$$

Em que:

ϕ_g = variabilidade genotípica; e

\bar{X} = média de cada testador para cada característica.

O Coeficiente de variação experimental foi obtido por:

$$CV_e = (S/\bar{X})100$$

Em que:

S = desvio padrão; e.

\bar{X} = média de cada testador para cada característica.

O Índice de variação foi obtido por:

$$I_V = (CV_g/CV_e) ,$$

Em que:

CV_g = coeficiente de variação genético; e

CV_e = coeficiente de variação ambiental.

4.6.3 Análise em dialelo parcial

A análise do dialelo parcial foi feita considerando das médias dos tratamentos ajustados, utilizando o modelo proposto por Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988), por meio do Programa Genes (Cruz, 2013).

Foram avaliadas as pq combinações híbridas, sendo p progênes S₇ (Grupo 1) e q testadores (Grupo 2), conforme Tabela 4.

Tabela 4. Tabela dialélica parcial dos cruzamentos entre p progênes S₇ (Grupo 1) e q testadores (Grupo 2).

Grupo ₁	Grupo ₂	
	T ₁	T ₂
1	Y ₁₁	Y ₁₂
2	Y ₂₁	Y ₂₂
...
15 _(p)	Y _{p1}	Y _{p2}

O modelo estatístico adotado foi o seguinte:

$$Y_{IJ} = \mu + g_i + g_j + S_{Ij} + \varepsilon_{ij} ,$$

em que:

Y_{IJ} : valor médio da combinação híbrida entre o i -ésimo testador do grupo 1 e a j -ésima linhagem S₃ do grupo 2;

μ : constante geral da característica;

g_i : efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo genitor do grupo 1;

g_j : efeito da capacidade geral de combinação do j -ésimo genitor do grupo 2;

S_{Ij} : efeito da capacidade específica de combinação dos híbridos formados, dos grupos 1 e 2, respectivamente; e

ε_{ij} : erro experimental médio.

O estudo da capacidade geral e específica de combinação, baseado apenas nos cruzamentos *testcrosses*, foi feito de acordo com o esquema da análise de variância em dialélico parcial em nível de médias, envolvendo progênes S₇ e testadores. O modelo em questão considerou o efeito das progênes e dos testadores como fixo. Na Tabela 5 encontra-se indicado o quadrado médio do resíduo (QMR), já dividido pelo número de observações que deram origem às médias da tabela dialélica, em que **M** representa o número de graus de liberdade associados ao QMR.

Tabela 5. Esquema da Análise de Variância em nível de médias para o dialelo parcial, segundo o método de Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988).

FV	GL	QM	F
Genótipos (cruzamentos)	pq+p+q-1		
Grupos	1	QMG	
CGC _(G1)	p-1	QMG ₁	QMG ₁ /QMR
CGC _(G2)	q-1	QMG ₂	QMG ₂ /QMR
CEC	Pq	QMS	QMS/QMR
Resíduo	M	QMR	

4.6.4 Capacidade de discriminação dos *testcrosses*

A eficiência dos testadores foi avaliada pela estimativa do índice de Diferenciação (D %), proposto por Fasoulas (1983). O índice D % fornece o percentual em que as combinações híbridas de um testador em particular superam os demais, estatisticamente, com base na diferença mínima significativa (DMS), determinada pelo teste de médias (Duncan).

O índice é fornecido pela seguinte expressão:

$$D = 200 \frac{\sum mi}{n(n-1)},$$

Em que:

D = índice de diferenciação;

mi = número de médias superadas estatisticamente; e

n = número de cultivares.

4.6.5 Análise GT *Biplot*

O GT *Biplot* foi construído tendo como referência as médias fenotípicas de cada híbrido para as características agrônômicas – RG, CE e VP – e para as características incidência e severidade de *P. polissora*, *B. maydis* e *E. turcium*. A Tabela 6 contém a identificação dos genitores utilizados na formação do gráfico.

Tabela 6. Tabela de identificação dos híbridos quanto aos parentais.

1	L681 X PARA-172	26	L693 X L270	51	L686 X P1
2	L682 X PARA-172	27	L694 X L270	52	L688 X P1
3	L683 X PARA-172	28	L695 X L270	53	L689 X P1
4	L684 X PARA-172	29	L696 X L270	54	L691 X P1
5	L685 X PARA-172	30	L204 X L270	55	L692 X P1
6	L686 X PARA-172	31	L681 X L651	56	L693 X P1
7	L688 X PARA-172	32	L682 X L651	57	L694 X P1
8	L689 X PARA-172	33	L683 X L651	58	L695 X P1
9	L691 X PARA-172	34	L684 X L651	59	L696 X P1
10	L692 X PARA-172	35	L685 X L651	60	L204 X P1
11	L693 X PARA-172	36	L686 X L651	61	L681 X L70
12	L694 X PARA-172	37	L688 X L651	62	L682 X L70
13	L695 X PARA-172	38	L689 X L651	63	L683 X L70
14	L696 X PARA-172	39	L691 X L651	64	L684 X L70
15	L204 X PARA-172	40	L692 X L651	65	L685 X L70
16	L681 X L270	41	L693 X L651	66	L686 X L70
17	L682 X L270	42	L694 X L651	67	L688 X L70
18	L683 X L270	43	L695 X L651	68	L689 X L70
19	L684 X L270	44	L696 X L651	69	L691 X L70
20	L685 X L270	45	L204 X L651	70	L692 X L70
21	L686 X L270	46	L681 X P1	71	L693 X L70
22	L688 X L270	47	L682 X P1	72	L694 X L70
23	L689 X L270	48	L683 X P1	73	L695 X L70
24	L691 X L270	49	L684 X P1	74	L696 X L70
25	L692 X L270	50	L685 X P1	75	L204 X L70

O modelo empregado para a análise multivariada GT *Biplot*, descrito segundo Yan e Rajcan (2002), foi:

$$\frac{T_{ij} - \bar{T}_{Ij}}{S_j} = \lambda_1 \zeta_{i1} \tau_{j1} + \lambda_2 \zeta_{i2} \tau_{j2} + \varepsilon_i,$$

Em que:

T_{ij} : é valor observado no i -ésimo genótipo e j -ésima característica;

\bar{T}_{Ij} : representa a média de todos os genótipos na característica j ;

λ_1 e λ_2 : são os autovalores singulares para PC1 e PC2, respectivamente;

ζ_{i1} e ζ_{i2} : são os escores de PC1 e PC2 para o genótipo i ;

τ_{j1} e τ_{j2} : são os escores de PC1 e PC2 para a característica j ;

ε_i : é o resíduo do modelo associado com genótipo e característica; e

S_j : é a estimativa do desvio-padrão.

As análises estatísticas foram feitas com o auxílio do *software* R (R Foundation, 2017), utilizando o pacote GGEbiplotGUI do *software* R (Wickham, 2010). Para gerar o gráfico GT *Biplot*, foi feita a inversão das notas atribuídas às características patogênicas (incidência e severidade), visto que aos genótipos com menores observações do ataque do patógeno foram atribuídas as menores notas para as características, conforme as tabelas diagramáticas.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Análise de variância

Houve diferença significativa a 1% de probabilidade dos quadrados médios dos tratamentos pelo teste F para as características avaliadas, exceto para SBm (Tabelas 7 e 8), indicando a existência de variabilidade genética entre os híbridos, provavelmente oriunda da diferenciação entre os testadores. Neste aspecto, há que se perceber que o testador PARA-172 é uma variedade de polinização aberta, com elevada variabilidade, que se acredita ter sido transposta aos híbridos desse testador. Ainda nesse sentido, as linhagens L270, L651, L70 e P1, apesar de estarem em homozigose (S_7), são oriundas de distintas genealogias – PARA-172, ARZM-13050, BRS Angela e Zélia, respectivamente –, o que favoreceu, por conseguinte, a variabilidade nos híbridos delas oriundos.

Considerando as características – RG, CE e VP –, apenas o testador PARA-172 expressou significância, sendo significativo ($P < 0,01$) para RG e CE (Tabela 7). Quanto aos contrastes dos testadores em relação às características agrônômicas, constatou-se que PARA-172 vs L270 e L270 vs L70 expressaram significância para RG, CE e VP, permitindo inferir que houve distinção dos híbridos produzidos entre eles. Os contrastes entre PARA-172 vs L651, L270 vs L651 e L270 vs P1 expressaram valores significativos para as características RG e CE, mas com ausência de significância para VP. Os demais contrastes não expressaram valores significativos de relevância para as características

agronômicas (Tabela 7); de fato, a ausência de significância dos contrastes entre testadores indica que não houve amplitude das médias obtidas pelas combinações híbridas, que possibilitasse distinção entre os testadores para os caracteres citados.

Tabela 7. Análise de variância de características agrônômicas, com base em estimativas de híbridos *testcrosses*.

FV	GL	QM		
		RG	CE	VP
Repetição	2	135981,6	41,14	868,67
Bloco (Repetição)	27	461897,6	16,07	311,99
Tratamento	99	3334057,7**	123,61**	2701,90**
PARA-172	14	2664871,65**	740,23**	1921,20*
L270	14	1207087,45 ^{ns}	335,30 ^{ns}	1140,07 ^{ns}
L651	14	74175,53 ^{ns}	195,57 ^{ns}	1383,55 ^{ns}
P1	14	2000701,3 ^{ns}	555,80 ^{ns}	2083,21 ^{ns}
L70	14	2370939,77 ^{ns}	658,49 ^{ns}	1435,01 ^{ns}
PARA-172 vs L270	1	40641722,64**	11289,21**	7828,40*
PARA-172 vs L651	1	5426546,83*	1507,53*	3628,36 ^{ns}
PARA-172 vs P1	1	13536191,34**	3760,46**	2511,62 ^{ns}
PARA-172 vs L70	1	2135303,08 ^{ns}	593,19 ^{ns}	113,08 ^{ns}
L270 vs L651	1	15147284,69**	4207,21**	688,51 ^{ns}
L270 vs P1	1	6468283,15*	1796,40*	1313,92 ^{ns}
L270 vs L70	1	22657256,63**	6293,40**	5728,44*
L651 vs P1	1	1950197,33 ^{ns}	541,78 ^{ns}	102,03 ^{ns}
L651 vs L70	1	750859,08 ^{ns}	208,60 ^{ns}	2459,11 ^{ns}
P1 vs L70	1	4941601,82 ^{ns}	1372,84 ^{ns}	1561,75 ^{ns}
Erro	171	288183,40	6,58	190,53

FV: Fonte de variação. GL: Graus de liberdade; QM: Quadrado Médio; RG: rendimento de grãos; CE: capacidade de expansão; e VP: volume de pipoca expandida por hectare; **, * e ^{ns} significativo em nível de 1 %, 5 %, e não significativo pelo Teste F, respectivamente.

Em relação às análises de variância das doenças de estudo para incidência e severidade, Tabela 8, o testador PARA-172 expressou diferença significativa apenas para IBm. O testador L651 exibiu valores significativos para IET e SBm. Quanto ao testador P1, foram expressas estimativas significativas para as características IPp e SBm. Aquilatando os testadores L70 e L270, percebe-se que ambos não apresentaram diferenças significativas para as características de severidade e incidência. Esses valores expressos, assim, de forma não significativa, implicam que, dentro de cada testador e característica analisada, não houve diferenças entre os híbridos.

Tabela 8. Análise de variância de caracteres de incidência e severidade das moléstias *Puccinia polysora*, *Bipolaris maydis* e *Exserohilum turcicum*, com base em estimativas de híbridos *testcrosses*.

FV	GL	QM					
		IPp	SPp	IBm	SBm	IEt	SEt
Repetição	2	4381,00	24,84	327,98	15,33	20,80	14,03
Bloco (Repetição)	27	349,67	16,83	197,07	207,69	45,50	14,28
Tratamento	99	513,16**	44,09**	629,36**	45,95 ^{ns}	50,17**	16,70**
PARA-172	14	158,28 ^{ns}	22,98 ^{ns}	988,27**	8,99 ^{ns}	90,04 ^{ns}	26,36 ^{ns}
L270	14	139,91 ^{ns}	6,45 ^{ns}	242,29 ^{ns}	7,85 ^{ns}	26,48 ^{ns}	2,87 ^{ns}
L651	14	325,08 ^{ns}	11,62 ^{ns}	116,74 ^{ns}	27,73*	159,36*	57,25 ^{ns}
P1	14	479,49*	16,30 ^{ns}	183,55 ^{ns}	43,78**	43,69 ^{ns}	11,13 ^{ns}
L70	14	188,49 ^{ns}	46,26 ^{ns}	480,096 ^{ns}	9,23 ^{ns}	19,01 ^{ns}	1,30 ^{ns}
PARA-172 vs L270	1	462,07 ^{ns}	5,23 ^{ns}	3476,04*	0,06 ^{ns}	204,25*	68,01*
PARA-172 vs L651	1	1094,48*	0,33 ^{ns}	598,01 ^{ns}	342,01**	62,98 ^{ns}	2,70 ^{ns}
PARA-172 vs P1	1	1663,20*	0,34 ^{ns}	66,06 ^{ns}	294,03**	289,87**	34,20 ^{ns}
PARA-172 vs L70	1	891,49 ^{ns}	0,081 ^{ns}	550,91 ^{ns}	0,06 ^{ns}	89,04 ^{ns}	51,14*
L270 vs L651	1	143,71 ^{ns}	2,74 ^{ns}	1095,36 ^{ns}	329,96**	36,28 ^{ns}	40,92 ^{ns}
L270 vs P1	1	397,35 ^{ns}	7,98 ^{ns}	2454,16**	288,42**	9,71 ^{ns}	4,82 ^{ns}
L270 vs L70	1	77,84 ^{ns}	6,33 ^{ns}	1161,90*	0,00 ^{ns}	20,47 ^{ns}	0,83 ^{ns}
L651 vs P1	1	64,98 ^{ns}	1,41 ^{ns}	276,97 ^{ns}	1,67 ^{ns}	87,77 ^{ns}	18,69 ^{ns}
L651 vs L70	1	10,18 ^{ns}	0,74 ^{ns}	0,91 ^{ns}	332,85*	2,28 ^{ns}	30,41 ^{ns}
P1 vs L70	1	121,63 ^{ns}	0,09 ^{ns}	232,94 ^{ns}	285,58*	58,10 ^{ns}	1,63 ^{ns}
Erro	171	173,61867	13,00	120,1249	7566,97	30,21303	10,21

FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; QM: Quadrado Médio; IPp: incidência de *Puccinia polysora*; IBm: incidência de *Bipolaris maydis*; IEt: incidência de *Exserohilum turcicum*; SPp: severidade de *Puccinia polysora*; SBm: severidade de *Bipolaris maydis*; SEt: severidade de *Exserohilum turcicum*; **, * e ^{ns}: significativo em nível de 1 %, 5 %, e não significativo em 5 % pelo Teste F, respectivamente.

Observando os contrastes para as características de incidência e de severidade das doenças, Tabela 8, verificou-se que L270 vs L651 e PARA-172 vs P1 revelaram significância para incidência a IPp e SBm. O contraste L270 vs P1 expressou diferença significativa em $P < 0,01$ para incidência e severidade a *B. maydis*. Por sua vez, o contraste entre o testador PARA-172 vs L270 foi coincidente ao exibir diferenças tanto para incidência quanto para severidade a *E. turcicum*, bem como para incidência a *B. maydis*. Os contrastes entre os testadores que revelaram níveis de significância apenas para uma característica foram: PARA-172 vs L70 para SEt; L651 vs L70 e P1 vs L70 para SBm; e L270 vs L70 para IBm. Em relação ao contraste L651 vs P1, não foi observado qualquer valor significativo para as doenças, evidenciando que não houve diferenciação das médias dos híbridos resultante do cruzamento destes testadores com as linhagens.

Entre as características de interesse agrônomo para o desenvolvimento de uma cultivar de milho-pipoca, destacam-se, sobretudo, rendimento de grãos, por ser a de maior importância aos produtores, e capacidade de expansão, por ser a principal característica de qualidade dos grãos (Vieira et al., 2009; Amaral Júnior et al., 2013). Porém, para uma agricultura moderna, isso não basta, há que se somar a isso a eficiência aos estresses e, no caso deste trabalho, às doenças. Neste contexto, a seleção de material que expresse resistência a doenças, juntamente com características agrônomicas desejáveis, se torna de suma importância para a melhoria da produção de milho-pipoca (Ribeiro et al., 2016; Mafra et al., 2018).

5.2 Estimativas dos parâmetros genéticos

A existência de variabilidade genotípica é fundamental para o sucesso do melhoramento de plantas. Nesse mesmo sentido, as estimativas de herdabilidade são importantes para a escolha de uma estratégia eficaz de seleção. O estimador da herdabilidade para genótipos considerados de efeito fixo – coeficiente de determinação genotípica ou H^2 – é componente essencial dos ganhos seletivos e, por conseguinte, constitui-se em uma das informações de maior importância para a Genética Quantitativa (Hallauer et al., 2010; Cruz et al., 2012).

Para o presente trabalho, os genótipos que apresentaram as maiores estimativas de H^2 (Tabela 9) foram: PARA-172 para as características de RG, CE,

VP e IBm; L651 para IEt e SEt; L70 para IPp e SPp; e P1 para a SBm. Excluindo os valores nulos – que se acredita serem advindos de estimativas enviesadas – as demais estimativas foram elevadas, moderadas ou baixas para as características agronômicas, sendo que o menor *quantum* expresso para o estimador H^2 , considerando as características agronômicas, foi de 2,87 % para L70 em relação a VP (Tabela 9). Valores elevados de H^2 para estudos de características agronômicas com milho-pipoca são mais comuns de serem encontrados, como no trabalho de Vilarinho et al. (2002), que obtiveram valores superiores a 60 % para avaliação de famílias S_2 , bem como no de Santos et al. (2004), que identificaram 72 % como o menor valor para avaliações de características agronômicas em progênies S_4 , de forma análoga a Viana et al. (2007), que identificaram magnitude de 64,8 % como o menor valor em avaliação de progênies famílias S_3 , além de Arnhold (2009), que obteve valores superiores a 80 % na avaliação das principais características agronômicas na geração S_3 . Por sua vez, Barreto et al. (2012), avaliando rendimento de grãos e capacidade de expansão em famílias S_2 de milho-pipoca, obtiveram a estimativa de 46,00 % como o menor valor, que ocorreu para capacidade de expansão, ao passo que o menor valor obtido para rendimento de grãos foi de 67,00 %. Ainda em relação a Barreto et al. (2012), os maiores valores obtidos para H^2 foram de 74,00 % tanto para rendimento de grãos quanto para capacidade de expansão. Afora o valor mediano de 46,00 % obtido por Barreto et al. (2012) para capacidade de expansão, vê-se que os demais valores podem ser considerados medianos com tendência a elevados.

Para o rol de características relacionadas às doenças, a maior expressão da estimativa de H^2 ocorreu para com IPp em relação ao testador L70, com valor de 88,16 %. No extremo, a menor estimativa foi expressa pelo valor de 5,32 % para IEt para com o mesmo testador L70. Isso denota variabilidade, de fundamental importância para exercer a seleção de genótipos superiores.

Tabela 9. Estimativas de parâmetros genéticos dos híbridos *testcrosses*, testadores e progênies S₇ *per se*.

Testador	PARA-172	L270	L651	P1	L70
	RG				
H ²	0,81	0,56	-	0,20	0,33
CV _g	16,84	11,51	-	9,97	13,41
Cv _e	8,27	10,14	-	19,93	19,12
lv	2,04	1,14	-	0,50	0,70
CE					
H ²	0,81	0,56	-	0,20	0,33
CV _g	95,73	46,98	-	19,03	33,07
Cv _e	47,03	41,37	-	38,04	47,16
lv	2,04	1,14	-	0,50	0,70
VP					
H ²	0.68	0.03	-	0.60	-
CV _g	29.39	4.64	-	19.70	-
Cv _e	20.13	26.99	-	16.01	-
lv	1.46	0.17	-	1.23	-
IPp					
H ²	-	0,53	-	0,85	0,88
CV _g	-	58.47	-	70.07	63.04
Cv _e	-	55,10	-	29,05	23,10
lv	-	1,06	-	2,41	2,73
IBm					
H ²	0,84	0,26	-	-	0,13
CV _g	83,04	23,09	-	-	10,70
Cv _e	36,61	38,55	-	-	27,73
lv	2,27	0,60	-	-	0,39
IEt					
H ²	0,35	-	0,67	0,55	0,05
CV _g	162,56	-	297,90	81,08	83,33
Cv _e	220,47	-	209,90	72,90	351,70
lv	0,74	-	1,42	1,11	0,24
SPp					
H ²	-	-	-	0,39	0,52
CV _g	-	-	-	19,38	36,31
Cv _e	-	-	-	24,29	35,08
lv	-	-	-	0,80	1,04

Tabela 9, Cont,

Testador	PARA-172	L270	L651	P1	L70
	SBm				
H ²	0,64	0,23	0,71	0,82	0,67
CV _g	18,96	10,65	35,10	47,35	19,66
CV _e	14,27	19,45	22,45	22,34	13,84
I _v	1,33	0,55	1,56	2,12	1,42
SEt					
H ²	-	-	0,51	0,08	0,49
CV _g	-	-	64,69	7,65	5,94
CV _e	-	-	63,12	25,34	6,03
I _v	-	-	1,02	0,30	0,98

RG: rendimento de grãos; CE: capacidade de expansão; VP: volume de pipoca expandida por hectare; H²: Coeficiente de determinação genotípica; CV_g: Coeficiente de variação genotípica; CV_e: Coeficiente de variação experimental; e I_v: Índice de variação.

Em relação às características agrônômicas, para o estimador CV_e, a menor magnitude expressa foi de 8,27 % para RG em relação a PARA-172. Por sua vez, o maior valor percentual foi de 47,16 % para CE em relação a L70. Assim, pode-se perceber que houve boa precisão experimental, com base nas premissas de Scapim et al. (1995) e Gomes (2009). Por sua vez, notou-se variação contundente do estimador CV_e para as características relacionadas às doenças avaliadas. Nesse sentido, detectou-se que a variação de CV_e oscilou de 13,84 % para L70 em relação a SBm a 351,70 % para L70 em relação a IEt (Tabela 9). De todo modo, é compreensível a ocorrência de valores sobremaneira elevados quando se trabalha com características de resistência a doenças, vez que a escala de notas utilizada, embora seja uniforme a todas as avaliações, o patógeno atua de intensidade diferenciada na área experimental, favorecendo diferenciação marcante dentro de tratamentos.

De acordo com Cruz et al. (2014), é importante avaliar a relação entre CV_g e CV_e, conhecida como índice de variação (I_v), vez que representa a efetividade da influência de Φ_g sobre a variância residual, auxiliando, assim, o melhorista na correta seleção dos genótipos (Vencovsky, 1987). Na concepção de Cruz et al. (2014), estimativas de I_v superiores à unidade são favoráveis ao processo seletivo por expressarem situações em que o componente genético excede o efeito residual.

Para o grupo de características agrônômicas avaliadas no presente trabalho, houve estimativas de I_v que superaram a unidade e estimativas que foram

inferiores a 1. Em relação às estimativas mais elevadas de I_v , destacaram-se os valores expressos pôr PARA-172 para RG e CE, com magnitude de 2,4 para ambas. Por outro lado, entre os valores mais diminutos, destacaram-se como os menos acentuados: 0,50 para P1 em relação a RG e CE; e 0,20, que foi expresso por L270 para VP. Numa análise mais acurada, pode-se presumir que os valores baixos não foram assim tão contundentemente diminutos, posto que a penúltima menor estimativa de I_v foi de 0,50 e, assim, pode-se, pois, aceitar que há possibilidade de uma eficiente seleção para o rol de características e de genótipos estudados nesta pesquisa.

Em relação às características relacionadas às doenças estudadas, a variação de I_v foi de 0,24 para IEt e de 2,73 para IPp em relação a L70. Os valores imediatamente superiores a 0,24 foram de 0,30 – para SEt em relação a P1 –, de 0,39 para IBm em relação a L70 e de 0,55 para SBm, havendo uma situação em que se pode considerá-la amplamente favorável ao processo seletivo, pois apenas dois valores foram inferiores a 0,50. Portanto, de forma análoga ao que ocorreu com as características agronômicas, também para as características relacionadas às doenças, espera-se efetivo sucesso com o processo seletivo.

5.3 Análise em dialelo parcial

Para o presente trabalho, as estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) advieram de estrutura de dialelo parcial. De acordo com o modelo proposto por Griffing (1956), adaptado por Hallauer e Miranda Filho (1981), a análise foi feita com base nos tratamentos ajustados, conforme o modelo estatístico para blocos incompletos, considerando $pq = 75$ combinações híbridas, sendo $p = 15$ progênies S_7 (Grupo 1) e $q = 5$ testadores (Grupo 2). Conforme os resultados obtidos, houve diferenças altamente significativas ($p < 0,01$) para todas as fontes de variação estudadas em relação às características agronômicas analisadas (Tabela 10). Houve, pois, variação considerável para híbridos, linhagens, testadores e testemunhas, denotada pela significância para tratamentos.

Tabela 10. Estimativas dos quadrados médios (genitores e F1's) da capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) e do resíduo experimental para caracteres agrônômicos avaliados em *testcrosses*.

FV	GL	QM		
		RG	CE	VP
Tratamentos	94	4544342,76**	155,49**	3233,35**
Grupos	1	129010910,71**	60,61**	49899,73**
CGC Grupo I	14	2374624,59**	136,23**	2053,72**
CGC Grupo II	4	6863585,00**	2310,54**	22194,42**
CEC I x II	75	3166109,61**	45,40**	1820,07**
Resíduo	188	311266,24	7,71	215,52

FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; QM: Quadrado Médio; RG: rendimento de grãos; CE: capacidade de expansão; VP: volume de pipoca expandida por hectare; **, * e ns significativo em nível de 1%, 5 %, e não significativo pelo Teste F respectivamente.

Analisando as magnitudes significativas dos quadrados médios da CGC do Grupo I e do Grupo II, vê-se que houve superação considerável das estimativas do Grupo II, denotando ser possível presença de maior *quantum* de alelos aditivos no grupo dos testadores. Resultados análogos foram encontrados por Lima et al. (2016), trabalhando com *testcrosses* de progênies S₃ parcialmente endogâmicas em milho-pipoca.

O efeito da CEC está relacionado ao desempenho dos híbridos, sendo que para o presente trabalho, as estimativas dos efeitos da CEC para as características agrônômicas foram altamente significativas, Tabela 10, inferindo que a ação dominante atua de forma evidente na expressão de RG, CE e VP.

Em relação aos quadrados médios relacionados às doenças estudadas, os resultados obtidos foram significativos para tratamentos, exceto para SBm (Tabela 11).

Em consideração aos efeitos da CGC do Grupo I, as estimativas foram altamente significativas ($p < 0,01$) para IPp, IBm, IEt e SPp e significativa ($p < 0,05$) para SEt. Quando se analisam as estimativas do efeito de CGC para o Grupo II, tem-se que houve resultados altamente significativos para IBm, IEt, SPp e Set e significativo para IPp. Considerando que do total de características relacionadas às doenças avaliadas, 66,67 % revelaram significância, é válido afirmar que há existência de variabilidade aditiva nos grupos, o que é essencial admitir para sucesso na seleção, pela expectativa de transmissão de bons alelos às futuras gerações.

Tabela 11. Estimativas dos quadrados médios (genitores e F_{1s}) da capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) e do resíduo experimental de caracteres de incidência e severidade das moléstias *P. polysora*, *B. maydis*, *E. turcicum*, com base em estimativas de híbridos *testcrosses*.

FV	GL	QM					
		IPp	IBm	IEt	SPp	SBm	SEt
Tratamentos	94	425,02**	809,35**	66,16**	27,45**	60,72 ^{ns}	19,31**
Grupos	1	4500,17**	10505,13**	0,84 ^{ns}	1,57 ^{ns}	131,74 ^{ns}	67,64*
CGC Grupo I	14	871,43**	1725,05**	149,31**	63,43**	52,09 ^{ns}	20,80*
CGC Grupo II	4	529,47*	3666,27**	272,75**	97,07**	17,77 ^{ns}	82,36**
CEC I x II	75	281,78*	356,78**	40,49 ^{ns}	17,37**	63,68 ^{ns}	15,03*
Resíduo	188	184,68	133,60	31,81	8,54	63,94	10,37

FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; QM: Quadrado Médio; IPp: incidência de *Puccinia polysora*; IBm: incidência de *Bipolaris maydis*; IEt: incidência de *Exserohilum turcicum*; SPp: severidade de *Puccinia polysora*; SBm: severidade de *Bipolaris maydis*; SEt: severidade de *Exserohilum turcicum* **, * e ^{ns}: significativo em nível de 1%, 5 %, e não significativo pelo Teste F, respectivamente.

Observando interação entre os grupos I e II em alusão à CEC I x II, tendo sido os valores dos quadrados médios auferidos para as características relacionadas às doenças avaliadas altamente significativos para IBm e SPp e significativos para IPp e SEt (Tabela 11). Novamente, tem-se que 66,67 % dessas características exibiram efetiva variação, condição essencial para uma fidedigna seleção.

As estimativas dos efeitos da CGC (\hat{g}_i) para as características estudadas expressaram valores cujo sinal variou entre negativo e positivo em função do genitor em uso (Tabela 12). Nesse sentido, estimativas de \hat{g}_i positivas são interessantes para as características agrônômicas, ao passo que estimativas negativas de \hat{g}_i são as que importam para as características relacionadas à resistência às doenças. Essa direcionalidade no sinal é enfatizada por Mir et al. (2018).

As estimativas da CGC das progênies S_7 (testadas) *per se* revelaram que entre as 15 linhagens testadas, seis expressaram valores positivos para RG, quais sejam, L682, L681, L688, L689, L684 e L686 (Tabela 12). Com relação aos testadores quanto à característica RG, dos cinco utilizados, dois apresentaram valores positivos, o que ocorreu para PARA-172 e L270. Isso leva a inferir que se houver boa acumulação gênica, os híbridos oriundos destas linhagens tenderão a ser superiores.

Tabela 12. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) associadas às progênies S₇ (Grupo I) e aos testadores (Grupo II) para características agrônômicas e associadas às doenças *P. polysora*, *B. maydis* e *E. turcicum*.

Efeito da CGC Associado ao Grupo I – Progênies S₇									
S₇	RG	CE	VP	IPp	IBm	IEt	SPp	SBm	SEt
L681	461,13	-0,71	10,81	-5,15	8,26	0,11	-0,29	-1,15	-0,11
L682	773,81	-2,93	5,22	-7,10	7,14	1,40	-1,67	2,70	0,70
L683	-384,08	2,38	-2,61	1,67	-9,67	-1,36	0,37	-1,59	-0,35
L684	23,53	-1,39	-2,75	-3,13	-7,49	-2,89	-0,84	-0,77	-0,65
L685	-13,97	2,26	4,94	-6,26	-9,15	-1,80	-2,02	-2,56	-0,75
L686	5,48	-2,68	-9,45	-2,78	6,77	-0,62	1,04	0,68	1,07
L688	223,25	0,62	9,74	-2,62	3,44	-0,93	-1,26	0,02	-0,53
L689	41,87	2,65	9,44	5,83	5,66	-0,39	1,29	1,24	-0,56
L691	-156,65	2,27	2,16	-0,71	-8,41	-1,63	-0,78	-0,09	-0,73
L692	-260,82	-2,02	-14,26	-2,02	5,29	5,83	0,57	-0,98	1,59
L693	-178,60	-3,33	-10,48	6,64	9,00	1,40	0,33	-0,68	0,83
L694	-107,39	2,84	8,72	8,63	7,29	4,18	1,75	1,13	1,52
L695	-196,84	-1,66	-10,38	10,70	1,59	-1,84	1,35	1,23	-0,61
L696	-211,84	-0,08	-7,84	-5,73	-13,19	-0,56	-2,64	-0,64	-0,68
L204	-18,88	1,76	6,75	2,03	-6,54	-0,89	2,81	1,45	-0,74
Efeito da CGC Associado ao Grupo II – Testadores									
Testadores	RG	CE	VP	IPp	IBm	IEt	SPp	SBm	SEt
PARA172	554,74	-6,01	-14,25	-0,14	7,40	-1,28	-0,89	-0,50	-1,03
L270	80,70	-3,11	-9,49	-5,10	-5,32	3,50	-1,83	0,90	2,00
L651	-128,59	-4,42	-18,78	2,48	11,94	-2,29	0,75	-0,41	-0,76
P1	-359,31	8,39	23,27	0,61	4,34	-0,03	1,25	-0,09	-0,33
L70	-147,54	5,15	19,24	2,14	-3,57	0,09	0,72	0,10	0,12

L681 a L696: linhagens descendentes de UENF-14; L204: linhagem descendente de IAC 125; CGC: capacidade geral de combinação; RG: rendimento de grãos; CE: capacidade de expansão; VP: volume de pipoca expandida por hectare; IPp: incidência de *Puccinia polysora*; IBm: incidência de *Bipolaris maydis*; IEt: incidência de *Exserohilum turcicum*; SPp: severidade de *Puccinia polysora*; SBm: severidade de *Bipolaris maydis*; e SEt: severidade de *Exserohilum turcicum*.

Considerando a CGC para características de CE, sete linhagens testadas apresentaram valores positivos, a saber: L694, L689, L683, L691, L685, L204 e L688. Já quanto aos testadores, apenas dois exibiram valores positivos, P1 e L70.

Analisando simultaneamente os caracteres RG e CE, os resultados revelam que as linhagens L688 e L689 se sobressaíram por seus valores positivos para estas principais características econômicas do milho-pipoca, sendo, pois, promissoras. Quanto aos testadores, não houve sequer um que tenha exibido valor positivo concomitantemente para RG e CE, o que atesta que se trata de um grupo de genótipos sobremaneira distintos. Santos et al. (2017), utilizando o mesmo testador L70, detectaram valor negativo para RG e positivo para CE; e de forma

consentânea, Mafra et al. (2018), trabalhando com a linhagem testadora P1, também detectaram expressão de estimativa negativa para RG e positiva para CE.

Em razão da correlação genética negativa entre RG e CE, o Programa de Melhoramento de Milho-pipoca da UENF tem proposto o uso da característica volume de pipoca expandida por hectare (VP) (Amaral Júnior et al., 2016). VP é um super-caráter simulando um índice de seleção, o que possibilita ganhos simultâneos para essas principais características de importância econômica na cultura do milho-pipoca (Lima et al., 2016; Kamphorst et al., 2018).

As estimativas da CGC para VP discriminaram oito linhagens testadas (Grupo I) com valores positivos – L681, L688, L689, L694, L204, L682, L685 e L691 – devendo ser ressaltadas que entre elas, L681 e L682, que apresentaram valores positivos para RG, mas negativos para CE. Por sua vez, as linhagens L694, L204, L685 e L691 exibiram valores negativos para RG e positivos para CE. Apenas L688, L694 e L689 expressaram valores positivos para ambas as características. Entre os testadores, VP distinguiu dois genótipos com valores positivos, – P1 e L70 – sendo que ambos apresentaram valores negativos para RG e positivos para CE. Conforme Lima et al. (2016), as estimativas positivas e elevadas de VP são explicadas pela maior contundência da expressão de RG; todavia, faz-se necessária uma comparação de VP com os valores individuais de RG e CE de cada genótipo, principalmente quanto à média geral de CE, para que não se tenha uma seleção enviesada na discriminação de genótipos com elevada RG, mas com valores de CE abaixo de 30 g.mL⁻¹, que é o mínimo valor comercial exigido para capacidade de expansão.

Considerando a incidência de *Puccinia polysora* (IPp), nove genótipos das linhagens testadas (Grupo I) apresentaram valores negativos quanto a CGC – L682, L685, L696, L681, L684, L686, L688, L692 e L691 – e sete foram negativos para severidade (SPp) – L696, L685, L682, L688, L684, L91 e L681. Destes genótipos, cinco foram similares na direção do sinal, quais sejam: L696, L685, L682, L684 e L681. São estes genótipos, portanto, aqueles que concomitantemente se revelaram com tendência a baixa incidência e severidade de *P. polysora*. No caso dos testadores para essas mesmas características, ocorreu que PARA-172 e L270 foram os que apresentaram valores negativos tanto para IPp quanto para SPp.

Em referência à helmintosporiose, tendo como agente causador *Bipolares maydis* e levando em consideração as estimativas de CGC do Grupo I de incidência (IBm) do patógeno, Tabela 12, constatou-se que seis genótipos expressaram valores negativos – L696, L683, L685, L691, L684 e L204 – sendo estes os que tendem a reduzir a reação da doença nos descendentes. Quanto à severidade de *B. maydis* (SBm), foram identificados oito genótipos com estimativas negativas de CGC, sendo eles – L685, L683, L681, L692, L684, L693, L696 e L691. Considerando de forma unificadora IBm e SBm, tem-se que cinco linhagens – L685, L683, L681, L684 e L691 – expressaram efeitos almejados para incidência e severidade. No que se refere aos testadores, considerando IBm, apenas dois apresentaram valores negativos, L270 e L70. Quanto a SBm, três testadores expressaram estimativas negativas, PARA-172, L651 e P1.

As linhagens (Grupo I) que apresentaram valores negativos concomitantemente para IBm e SBm podem ser indicadas para cruzamentos em programas em que se deseja obter redução do níveis de helmintosporiose causada por *B. maydis*, de forma consonante com o já expresso por Gralak et al. (2015), Santos et al. (2017), Kurosawa et al. (2017) e Mafra et al. (2018).

No grupo dos testadores, considerando as estimativas de CGC, ocorreu o inverso: os genótipos que apresentaram valores negativos para IBm expressaram valores positivos para SBm.

A contrariedade de sinal para IBm e SBm, em seu sentido lato, se justifica pelo próprio conceito de tolerância, definido como a capacidade de suportar o ataque do patógeno ou a regeneração dos tecidos, ramos ou perfilhos, ou por outro meio qualquer, de modo que o ataque do patógeno não chegue a causar perda significativa na quantidade e qualidade do produto final (Lima e Borém, 2018). Ou seja, no caso em que ocorreram estimativas de g_i positivas para IBm, isso atesta que houve presença do patógeno, mas que não houve evolução da severidade, posto que esses mesmos genótipos expressaram g_{is} negativos para SBm. Isso ficou evidente para os genótipos PARA-172, L651 e P1.

Nos resultados obtidos para as linhagens testadas (grupo I), considerando a incidência de *E. turcicum* (IEt), dez genótipos apresentaram os valores mais negativos para CGC – L684, L695, L685, L691, L683, L688, L204, L686, L696 e L689 – nesta ordem. Excetuando L686, os demais aqui elencados também expressaram sinal negativo de CGC para SEt, sendo, pois, um conjunto de

linhagens que merece atenção para obter segregantes com resistência. Entre os testadores, L651, PARA-172 e P1 apresentaram valores negativos concomitantemente para IET e SET.

PARA-172 é acesso oriundo do Paraguai e em potencial para resistência a doenças foliares (Kurosawa et al., 2017), sendo, não por acaso, uma boa opção para extração de linhagens.

Considerando o conjunto de características avaliadas para CGC, as linhagens que apresentaram valores positivos para a quase totalidade das características agronômicas foram L691 e L685, que exibiram sinais negativos de CGC para as características de resistência a doenças. Por sua vez, L696 e L684 expressaram sinais negativos de g_i para todas as características relacionadas às doenças estudadas, mas, também, com estimativas negativas de CGC para as características agronômicas. Conclui-se, pois, que as linhagens com primazia tanto para características agronômicas quanto relacionadas às doenças são L691 e L685, sendo, por conseguinte, linhagens com potencial para gerar segregantes superiores.

Os efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) para rendimento de grãos, Tabela 13, revelaram 52 híbridos com valores positivos, variando de 9,32 a 1.722,87. As seis combinações híbridas que exibiram as maiores estimativas para esta característica foram L695 x PARA-172, L696 x L651, L694 x L70, L685 x PARA-172, L696 x L270 e L685 x L270.

Considerando a CE, os testadores que se diferenciaram com maiores porcentagens foram P1 e L70, nesta ordem, com estimativas 29,01 % e 23,28 %, respectivamente. Isso posto, trata-se de testadores de interesse para serem utilizados em programas de melhoramento para aumentos em CE.

Tabela 13. Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) entre os híbridos oriundos de quinze progênies S₇ (Grupo I) e cinco testadores (Grupo II) para os caracteres RG, CE, VP, IPp, IBm, IEt, SPp, SBm e SEt, avaliados em *testcrosses* com milho-pipoca sob esquema de dialelo parcial.

Estimativas de CEC									
Cruzamentos	RG	CE	VP	IPp	IBm	IEt	SPp	SBm	SEt
681 X PARA-172	-530,09	2,91	-0,79	-5,81	3,17	-1,58	-0,53	1,65	0,07
L682 X PARA-172	76,39	-0,90	-11,29	-3,20	4,28	-2,88	0,01	4,19	-0,45
L683 X PARA-172	-468,22	2,52	8,76	-4,47	-2,24	-0,12	-0,64	0,37	0,59
L684 X PARA-172	-209,17	0,31	-2,17	3,84	-1,09	-0,25	2,52	1,00	0,45
L685 X PARA-172	1304,17	-0,89	23,75	-3,20	3,91	0,32	-0,75	1,28	0,72
L686 X PARA-172	216,39	-1,84	-6,84	8,32	-8,69	-0,86	0,09	4,87	-1,38
L688 X PARA-172	419,44	4,16	25,20	14,82	-5,35	-0,55	1,94	-4,29	0,33
L689 X PARA -172	713,33	-2,61	3,50	6,38	2,43	0,42	-0,72	-7,13	0,36
L691 X PARA-172	882,68	-0,24	20,45	-0,42	-1,83	-1,34	-0,59	-5,07	0,42
L692 X PARA-172	382,68	0,22	9,30	-4,10	-10,54	0,86	1,94	2,59	-0,85
L693 X PARA-172	903,80	-0,58	2,44	-1,10	-0,91	3,45	0,80	6,90	0,20
L694 X PARA-172	618,43	-1,31	6,86	0,25	4,13	-3,99	-2,29	-4,24	-1,61
L695 X PARA-172	1722,87	-0,97	18,67	8,17	-6,83	0,36	2,83	-1,62	0,30
L696 X PARA-172	-776,30	-1,72	-9,97	1,27	-3,39	-0,92	0,15	-2,14	0,37
L204 X PARA-172	749,07	-0,66	10,91	-7,99	-5,20	-2,08	-4,35	5,05	0,43
L681 X L270	-637,72	0,29	-14,54	0,82	1,09	1,80	1,52	-4,47	0,65
L682 X L270	41,26	0,98	1,57	-5,23	15,53	2,01	0,51	1,62	1,24
L683 X L270	759,15	-4,30	2,19	10,50	-2,65	-1,73	-1,64	-1,81	-2,89
L684 X L270	-158,47	0,69	-1,89	-4,69	0,16	-4,87	4,30	-3,35	-2,30
L685 X L270	1023,20	0,54	27,58	-2,90	-8,17	-5,96	-0,92	-3,17	-2,59
L686 X L270	743,76	-0,63	8,45	-4,88	-0,76	-4,14	-0,64	-2,69	-3,58
L688 X L270	-542,35	2,80	-1,33	-6,71	-14,10	-5,33	0,83	8,53	-2,59
L689 X L270	891,53	2,27	32,53	-5,16	3,68	-4,20	-0,61	2,75	-2,56
L691 X L270	137,55	-1,29	2,36	1,38	-2,25	-6,29	0,63	7,64	-2,22
L692 X L270	489,22	-1,51	4,83	-3,80	0,72	9,25	-1,34	-3,25	0,51
L693 X L270	464,50	-2,14	-6,80	-5,97	-6,32	-1,33	2,57	6,73	5,83
L694 X L270	-337,54	3,91	7,65	21,88	-7,95	10,89	1,98	3,53	4,97
L695 X L270	-50,60	-1,14	-3,54	13,14	-8,91	-5,92	0,72	-8,85	-2,51
L696 X L270	1278,57	-3,23	11,51	-0,43	-2,47	5,80	0,26	-5,04	-2,27
L204 X L270	-181,06	2,39	6,79	5,31	-10,78	-0,37	-3,52	2,71	-2,60
L681 X L651	717,41	-0,40	4,25	-5,09	-6,18	-0,58	1,16	-2,16	-0,47
L682 X L651	-151,11	-1,35	-11,49	3,36	-8,40	-1,87	4,20	-5,29	2,73
L683 X L651	202,62	-2,72	0,89	-8,75	5,09	2,39	-1,45	0,89	0,61
L694 X L651	275,00	-0,61	1,63	9,39	6,23	0,92	2,27	-2,92	0,08
L685 X L651	53,33	-4,93	-13,10	2,52	-2,10	-0,17	0,39	1,58	0,18
L686 X L651	627,22	-1,38	4,10	5,71	5,31	0,15	0,39	-2,66	-1,64
L688 X L651	322,78	-2,40	-6,63	8,88	-14,69	0,46	-0,09	4,62	0,18

Tabela 13. Cont.

Cruzamentos	Estimativas de CEC								
	RG	CE	VP	IPp	IBm	IEt	SPP	SBm	SEt
L689 X L651	752,50	-0,37	14,87	10,43	-6,92	3,09	-0,69	4,73	0,10
L691 X L651	866,02	-2,43	10,58	3,80	-2,84	-0,34	-0,29	3,01	0,16
L692 X L651	891,85	-1,82	9,89	1,62	0,12	-4,63	6,69	-1,32	-0,89
L693 X L651	783,80	1,26	13,33	-3,55	6,42	-0,37	1,65	-3,68	0,27
L694 X L651	-432,41	2,27	0,47	-0,70	-17,21	-2,98	-0,88	11,34	-1,82
L695 X L651	824,54	0,39	17,14	15,56	-9,51	-0,13	1,19	-5,42	0,03
L696 X L651	1561,20	2,58	44,27	-1,01	1,94	-1,41	0,18	9,61	0,11
L204 X L651	772,41	-0,76	11,93	-2,27	-4,71	-1,08	-4,72	-6,37	0,28
L681 X P1	682,29	7,18	52,84	-3,06	-8,58	-2,84	-0,18	1,30	0,71
L682 X P1	-186,23	-3,15	-11,51	5,39	9,20	0,70	-0,75	-3,82	-0,65
L683 X P1	845,62	2,09	16,38	-10,96	-7,01	-0,22	-0,73	3,46	1,47
L684 X P1	28,21	1,81	6,30	11,42	-7,84	-1,34	-1,01	0,71	0,47
L685 X P1	-410,95	4,28	3,27	1,22	-11,17	-2,43	-2,34	0,05	-0,25
L686 X P1	527,10	-3,79	-0,36	-0,59	2,90	4,38	-0,39	3,97	-1,85
L688 X P1	9,32	6,96	25,44	-12,59	-7,10	3,03	-1,70	-1,47	-0,48
L689 X P1	76,55	3,99	18,67	12,29	-15,99	-2,34	5,47	1,25	0,78
L691 X P1	-477,44	4,21	-1,48	-1,17	-16,91	0,40	0,59	-2,42	-0,17
L692 X P1	974,23	-4,18	9,73	10,15	4,39	-7,06	-1,59	1,80	-2,49
L693 X P1	407,84	6,25	28,82	-5,19	-2,65	-2,63	-1,07	-4,00	-1,00
L694 X P1	-185,03	6,24	13,32	6,16	2,39	-0,41	1,67	0,80	4,19
L695 X P1	225,25	0,08	5,44	10,76	-5,24	-0,89	2,91	3,48	-0,40
L696 X P1	408,58	-4,39	-2,13	-7,65	-3,80	-2,17	-0,33	4,35	-0,11
L204 X P1	-57,71	-1,06	-5,39	-7,08	-3,78	2,99	-1,33	-7,24	0,01
L681 X L70	-158,65	8,20	25,71	-9,75	2,67	0,05	1,75	4,11	-0,90
L682 X L70	643,67	2,81	29,81	-10,98	-6,22	-2,58	-1,32	-3,85	0,41
L683 X L70	193,23	3,05	14,78	-8,25	0,60	-2,99	-0,30	-1,45	-0,66
L684 X L70	-154,39	-1,85	-13,13	-15,11	11,74	0,05	-0,48	-1,60	-0,80
L685 X L70	938,11	-0,16	28,06	-8,64	0,07	0,45	-0,69	-1,26	-0,59
L686 X L70	122,84	0,61	3,45	-5,62	0,81	-2,23	-0,41	9,50	-1,80
L688 X L70	409,22	-1,35	2,48	2,54	-5,85	-1,92	0,50	0,72	-0,93
L689 X L70	652,28	0,01	19,21	-5,90	-8,07	-2,45	-0,11	0,06	-0,67
L691 X L70	-298,37	1,83	-1,28	10,63	-4,00	0,45	0,85	0,28	-0,61
L692 X L70	-379,20	-4,66	-24,50	5,45	-7,70	7,66	-0,22	3,28	8,34
L693 X L70	-58,92	1,88	-2,09	6,78	-8,07	2,25	0,02	4,36	-2,06
L694 X L70	1334,04	-1,41	29,41	17,97	-6,37	-7,03	-0,29	-5,00	-2,70
L695 X L70	-577,35	-0,68	-17,76	9,23	-10,67	-1,01	1,50	-0,76	-0,46
L696 X L70	170,98	-4,10	-8,84	-4,35	-5,89	2,55	-0,40	-5,18	-0,77
L204 X L70	665,52	5,62	40,59	11,23	-2,54	-0,29	-2,19	1,01	-0,60

CEC: Capacidade específica de combinação; RG: rendimento de grãos; CE: capacidade de expansão; VP: volume de pipoca expandida por hectare; IPp: incidência de *Puccinia polysora*; IBm: incidência de *Bipolaris maydis*; IEt: incidência de *Exserohilum turcicum*; SPP: severidade de *Puccinia polysora*; SBm: severidade de *Bipolaris maydis*; SEt: severidade de *Exserohilum turcicum*.

De acordo com Cruz et al. (2012), as melhores combinações híbridas são as que apresentam maiores CEC e que sejam oriundas de pelo menos um dos genitores com alta CGC. No presente trabalho, dos seis híbridos ranqueados como superiores, isso ocorreu com quatro destas combinações – L695 x PARA-172, L685 x PARA-172, L696 x L270 e L685 x L270 – em razão da presença do genitor PARA-172 ou L270. Ainda entre os seis híbridos classificados como superiores, há que se destacar que as combinações L696 x L651 e L694 x L70 não têm quaisquer dos genitores com estimativas positivas de g_i , revelando que esses híbridos são melhores do que o esperado com base em suas capacidades gerais de combinação.

Considerando a CE, 35 combinações expressaram estimativas positivas para CEC (Tabela 13). Entre essas combinações, os pares com magnitude mais elevadas foram L681 x L70, L681 x P1, L688 x P1, L693 x P1 e L694 x P1. Para todos esses cruzamentos, há participação de pelo menos um parental que expressou CGC positiva, confirmando o proferido por Vencovsky e Barriga (1992) e Cruz et al. (2012), que descreveram que as melhores combinações híbridas são aquelas de maior efeito da CEC que contenham ao menos um genitor com efeito desejável da CGC.

Com relação a VP, 51 combinações apresentaram estimativas positivas para CEC (Tabela 13). Destes híbridos, L681 x P1 e L696 x L651 se sobressaíram por expressarem estimativas mais elevadas da CEC, o que é consonante com os resultados dos parentais observados na CGC para as características de RG e CE. Isso é compreensível, vez que VP é uma relação de RG com CE.

Considerando os valores de CEC quanto a IPp, 39 híbridos apresentaram valores negativos, com destaque para L684 x L70, L688 x P1, L682 x L70, L683 x P1 e L681 x L70, por exibirem os valores mais negativos, -15,11, -12,59, -10,98, -10,96 e -9,75, nesta ordem. Em relação à SPp, 40 combinações híbridas exibiram estimativas negativas, sendo que os híbridos com valores mais relevantes foram L204 x L651, L204 x PARA-172, L204 x L270, L685 x P1, L694 x PARA-172.

As estimativas de CEC para a característica IBm revelaram 52 híbridos com estimativas negativas, sendo que as cinco combinações com valores mais expressivos foram L694 x L651, L691 x P1, L689 x P1, L688 x L651 e L688 x L270. Em relação à SBm, houve 33 híbridos com valores negativos, sendo que os cinco cruzamentos superiores foram L695 x L270, L689 x PARA-172, L204 x L651 e L695

x L651.

No que se refere a CEC para IEt, as estimativas obtidas revelaram 47 híbridos com valores negativos, entre os quais, L692 x P1, L694 x L70, L691 x L270, L685 x L270 e L695 x L270 são os cinco superiores. Em relação a SEt, 40 híbridos foram identificados com valores negativos, sendo L686 x L270, L683 x L270, L694 x L70, L204 x L270 e L688 x L270 os mais expressivos nos pares.

Para o conjunto de características avaliadas, pode-se deduzir que os pares L696 x L651 e L683 x P1 têm maior perspectiva de serem indicados para extração de linhagens que possam gerar híbridos mais produtivos; L682 x L70 e L683 x P1 para baixa incidência e severidade para *P. polissora*; L696 x L270 para baixa severidade à helmintosporiose (*B. maydis* e *E. turcicum*); e L681 x L651 para as três doenças.

5.4 Capacidade de discriminação dos testcrosses

O índice de diferenciação de Fasoulas (1993) – D – foi aplicado no intento de estimar a eficiência dos testadores. Este índice corresponde à porcentagem de combinações híbridas que um testador proporciona ao se diferenciar do conjunto de híbridos de outros testadores utilizados, com base na diferença mínima significativa (Cargnelutti Filho et al., 2018).

Os testadores superiores, promissores para a formação de híbridos superiores, são assim considerados aqueles que proporcionam as maiores porcentagens de D para as características agronômicas – no presente caso, RG, CE e VP –, bem como aqueles que proporcionam as menores porcentagens do estimador D para as características relacionadas às doenças. Por sua vez, aqueles testadores que apresentaram as menores porcentagens de D para as características agronômicas bem como as maiores para características de incidência e severidade são considerados aqueles que melhor discriminam as linhagens (Fasoulas, 1983; Lima et al., 2016; Pena et al., 2016).

O estimador D discriminou os testadores PARA-172 e L270 como superiores para RG, com estimativas respectivas de 12,32 % e 3,93 %, Tabela 14, o que está em consonância com os resultados expressos pelas estimativas de CGC, em que estes testadores apresentaram valores positivos para esta característica (Tabela 12).

Tabela 14. Capacidade de discriminação dos testadores de acordo com o índice de diferenciação de Fasoulas (1983), com base nos híbridos *testcrosses*, fundamentado no teste de Duncan (0,05) de comparações entre médias.

Testadores	RG (%)	CE (%)	VP (%)
PARA-172	12,32	1,69	0,65
L270	3,93	6,09	1,84
L651	3,46	2,23	2,05
P1	0,43	29,01	1,62
L70	2,81	23,28	2,95
Testadores	IPp (%)	IBm (%)	IEt (%)
PARA-172	0,09	2,38	0,00
L270	0,12	3,35	7,21
L651	0,49	13,73	0,00
P1	0,28	7,89	0,00
L70	0,08	2,27	2,27
Testadores	SPp (%)	SBm (%)	SEt (%)
PARA-172	0,54	0,00	0,00
L270	0,18	0,04	4,97
L651	3,89	0,47	0,00
P1	5,55	0,00	2,27
L70	1,05	0,14	2,56

RG: rendimento de grãos; CE: capacidade de expansão; VP: volume de pipoca expandida por hectare; IPp: incidência de *Puccinia polissora*; IBm: incidência de *Bipolaris maydis*; IEt: incidência de *Exserohilum turcicum*; SPp: severidade de *Puccinia polysora*; SBm: severidade de *Bipolaris maydis*; e SEt: severidade de *Exserohilum turcicum*.

Para o caráter VP, os testadores que se sobressaíram com as maiores estimativas foram L270 e L651, com valores respectivos de 2,95 % e 2,05 %. Este resultado divergiu do encontrado na estimativa de CGC (Tabela 12).

Considerando o índice de diferenciação de Fasoulas para o conjunto de características agronômicas – RG, CE e VP – pode-se destacar o testador L270, por apresentar valores medianos ou elevados em relação aos demais, que apresentaram valores medianos ou baixo de D; podendo, assim, considerar L270 como o mais adequado a ser utilizado na obtenção de híbridos para a melhoria do rol de características agronômicas. Por sua vez, os testadores mais indicados para discriminar as linhagens quanto às características agronômicas, por expressarem as estimativas mais baixas de D, foram P1 para a característica rendimento de grãos e PARA-172 para capacidade de expansão e volume de pipoca expandida por hectare.

Para a característica de descrição da incidência da reação a *P. polysora* – IPp – os testadores que apresentaram menor porcentagem para o índice D foram

L70 e PARA-172. Quanto à severidade desta doença, – SPp – os genótipos L270 e PARA-172 diferiram dos demais. Houve, assim, uma consonância entre os resultados obtidos com o índice de Fasoulas para com os valores expressos pelas estimativas da CGC (Tabela 12).

Os testadores L70, PARA-172 e P1 diferiram dos demais para com o estimador D em relação à incidência e severidade de *B. maydis*: L70 e PARA-172 se destacaram para incidência e P1 e PARA-172, para severidade.

Em relação a *E. turcicum*, os testadores PARA-172 e L651 expressaram as menores médias tanto para incidência quanto para severidade (Tabela 14). De forma semelhante, as estimativas de CGC destes genótipos se destacaram com valores mais negativos (Tabela 12).

Considerando o conjunto de características relacionadas às doenças aqui estudadas, os híbridos oriundos de PARA-172 foram superiores, por apresentarem as menores estimativas de D. Conforme dito por Kurosawa et al. (2017), a raça PARA-172 é mormente um acesso que exibe resistência a *E. turcicum* e *B. maydis*, sendo novamente aqui configurada como genótipo de potencial para extração linhagens ou para ser utilizada com outro intento em programas de melhoramento que visem a ganhos de seleção para resistência às doenças aqui referenciadas.

Na identificação da melhor capacidade de discriminação dos testadores para diferenciar as progênes superiores pelo índice de Fasoulas, utilizou-se como critério a classificação da CGC juntamente com a ordem de seus *testcrosses* – linhagens e testadores (Barreto et al., 2012; Bolson et al., 2016).

Tendo em vista a característica RG das linhagens testadas e seus respectivos valores de CGC ranqueados, as linhagens que se destacaram entre as classificadas foram L682, L681, L688 e L689, nesta ordem (Tabela 15). O testador de maior mérito em relevância a RG e às médias entre as combinações com as linhagem ranqueadas foi P1, pois entresuas seis melhores combinações com base na média, quatro envolveram L682, L681 L686 e L688, linhagens com as melhores CGC, que se posicionaram com as seguintes ordenações hierárquicas: terceira, primeira, quarta e quinta.

O testador L70 equivaleu a P1, por também proporcionar quatro combinações com as linhagens que expressaram as melhores CGCs. Todavia, sua estimativa de CGC foi indesejável (-147,52). Pode-se atribuir o bom desempenho

dos híbridos oriundos de L70 quanto a RG ao conjunto de linhagens utilizadas nos cruzamentos.

Considerando raciocínio análogo para os testadores PARA-172 e L70, houve duas combinações que se destacaram com as linhagens L682 e L689. Tais linhagens foram as que também expressaram as maiores CGC para RG.

Em relação ao testador L651, também para RG a combinação de destaque ocorreu com a linhagem L688, sendo este testador de quinta ordem.

A linhagem L685 expressou boa capacidade de combinação com quatro testadores (PARA-172 e L70 em segundo grau e L651 e L270 em terceiro grau), porém esta mesma linhagem não se apresentou entre as melhores para as estimativas de CGC.

Tabela 15. Ordem classificatória das progênes das linhagens testadas com relação aos valores de capacidade geral de combinação (CGC) e de seus cruzamentos *testcrosses* com cinco testadores.

RG						CE						VP									
Linhagens	CGC	Testadores					Linhagens	CGC	Testadores					Linhagens	CGC	Testadores					
		PARA-172	L270	L651	P1	L70			PARA-172	L270	L651	P1	L70			PARA-172	L270	L651	P1	L70	
L681	2 ^o				1 ^o		L681	3 ^o				5 ^o	1 ^o	L681	1 ^o				4 ^o	1 ^o	3 ^o
L682	1 ^o	3 ^o	4 ^o		3 ^o	1 ^o	L682							L682	6 ^o		6 ^o				4 ^o
L683			6 ^o	2 ^o	5 ^o		L683	3 ^o	1 ^o		6 ^o		3 ^o	L683						3 ^o	
L684	5 ^o			4 ^o			L684							L684							
L685		2 ^o	2 ^o	3 ^o		3 ^o	L685	5 ^o	6 ^o	5 ^o		4 ^o	6 ^o	L685	7 ^o	2 ^o	2 ^o				5 ^o
L686	6 ^o		5 ^o		4 ^o		L686							L686							
L688	3 ^o			5 ^o	6 ^o	6 ^o	L688		2 ^o	4 ^o		2 ^o		L688	2 ^o	1 ^o	5 ^o			2 ^o	
L689	4 ^o	4 ^o	3 ^o			4 ^o	L689	2 ^o			2 ^o	3 ^o	3 ^o	5 ^o	L689	3 ^o	6 ^o	1 ^o	2 ^o	4 ^o	6 ^o
L691		6 ^o					L691	4 ^o	4 ^o	6 ^o	5 ^o	6 ^o	4 ^o	L691		3 ^o			5 ^o		
L692					2 ^o		L692							L692							
L693				6 ^o			L693							L693							6 ^o
L694				1 ^o		2 ^o	L694	1 ^o	5 ^o	1 ^o	1 ^o	1 ^o		L694	4 ^o	5 ^o	3 ^o	6 ^o	6 ^o	5 ^o	2 ^o
L695		1 ^o					L695							L695							
L696			1 ^o				L696				2 ^o			L696					1 ^o		
L204		5 ^o				5 ^o	L204	6 ^o		3 ^o	4 ^o		2 ^o	L204	5 ^o	4 ^o	4 ^o	4 ^o	3 ^o		1 ^o

Tabela 15. Cont.

IPp							IBm							IEt						
Linhagens	CGC	Testadores					Linhagens	CGC	Testadores					Linhagens	CGC	Testadores				
		PARA-172	L270	L651	P1	L70			PARA-172	L270	L651	P1	L70			PARA-172	L270	L651	P1	L70
L681	4 ^o	1 ^o		1 ^o	3 ^o	3 ^o	L681							L681		4 ^o				3 ^o
L682	1 ^o	2 ^o	1 ^o	4 ^o		2 ^o	L682							L682		5 ^o				
L683				2 ^o	4 ^o		L683	2 ^o	2 ^o	4 ^o		2 ^o	3 ^o	L683	5 ^o	6 ^o			4 ^o	1 ^o
L684	5 ^o		4 ^o			1 ^o	L684	5 ^o	5 ^o			5 ^o		L684	1 ^o	1 ^o	2 ^o	1 ^o	1 ^o	2 ^o
L685	2 ^o	3 ^o	3 ^o	5 ^o	5 ^o	4 ^o	L685	3 ^o	6 ^o	1 ^o	1 ^o	3 ^o	4 ^o	L685	3 ^o		3 ^o	2 ^o	2 ^o	
L686	6 ^o		5 ^o			6 ^o	L686							L686			6 ^o			3 ^o
L688			2 ^o		1 ^o		L688			5 ^o	2 ^o			L688	6 ^o		5 ^o			4 ^o
L689							L689					6 ^o		L689					5 ^o	5 ^o
L691							L691	4 ^o	4 ^o	6 ^o	3 ^o	1 ^o	2 ^o	L691	4 ^o	2 ^o	1 ^o	3 ^o		
L692		4 ^o		6 ^o			L692							L692						
L693							L693							L693						
L694							L694				6 ^o			L694						6 ^o
L695							L695						5 ^o	L695	2 ^o		4 ^o	4 ^o	6 ^o	
L696	3 ^o	6 ^o	6 ^o	3 ^o	2 ^o	5 ^o	L696	1 ^o	1 ^o	3 ^o	4 ^o	4 ^o	1 ^o	L696					5 ^o	
L204		5 ^o				6 ^o	L204	6 ^o	3 ^o	2 ^o	5 ^o		6 ^o	L204		3 ^o			6 ^o	

Tabela 15. Cont.

SPp							SBm						SEt											
Linhagens	CGC	Testadores					Linhagens	CGC	Testadores					Linhagens	CGC	Testadores								
		PARA-172	L270	L651	P1	L70			PARA-172	L270	L651	P1	L70			PARA-172	L270	L651	P1	L70				
L681		6 ^o					L681	3 ^o		4 ^o	5 ^o				L681					1 ^o				
L682	3 ^o	3 ^o	4 ^o		4 ^o	2 ^o	L682				6 ^o	6 ^o	6 ^o		L682									
L683			3 ^o	5 ^o		6 ^o	L683	2 ^o					4 ^o		L683			3 ^o						
L684	5 ^o				5 ^o	4 ^o	L684	5 ^o		6 ^o	4 ^o		5 ^o		L684	5 ^o	6 ^o			2 ^o		1 ^o		
L685	2 ^o	1 ^o	1 ^o	3 ^o	1 ^o	3 ^o	L685	1 ^o	6 ^o	2 ^o		3 ^o	3 ^o		L685	1 ^o		1 ^o	3 ^o	1 ^o	4 ^o			
L686							L686								L686		1 ^o			4 ^o	6 ^o			
L688	4 ^o			4 ^o	2 ^o	5 ^o	L688		3 ^o			5 ^o			L688			4 ^o			2 ^o	2 ^o		
L689							L689		1 ^o						L689			5 ^o						
L691	6 ^o	5 ^o		6 ^o			L691		2 ^o			4 ^o			L691	3 ^o	2 ^o			5 ^o	4 ^o	5 ^o		
L692			5 ^o		6 ^o		L692	4 ^o		5 ^o					L692						5 ^o			
L693							L693	6 ^o			2 ^o	2 ^o			L693									
L694							L694		4 ^o				2 ^o		L694									
L695							L695			1 ^o	3 ^o				L695	6 ^o	3 ^o	6 ^o	6 ^o	3 ^o				
L696	1 ^o	2 ^o	2 ^o	1 ^o	3 ^o	1 ^o	L696		5 ^o	3 ^o			1 ^o		L696	4 ^o	4 ^o					3 ^o		
L204		4 ^o	6 ^o	2 ^o			L204				1 ^o	1 ^o			L204	2 ^o	5 ^o	2 ^o					6 ^o	

CGC: capacidade geral de combinação; RG: rendimento de grãos; CE: capacidade de expansão; VP: volume de pipoca expandida por hectare; IPp: incidência de *Puccinia polysora*; IBm: incidência de *Bipolaris maydis*; IEt: incidência de *Exserohilum turcicum*; SPp: severidade de *Puccinia polysora*; SBm: severidade de *Bipolaris maydis*; e SEt: severidade de *Exserohilum turcicum*.

Averiguando a característica de CE concomitantemente com a CGC das linhagens testadas, os genótipos que se destacaram dentro do ranqueamento foram L694, L689, L683 e L691 (Tabela 15). Em relação aos testadores, L651 se diferenciou por permitir classificar dentro das respectivas médias apresentadas para CE, combinações de destaque com as quatro melhores progênies quanto à CGC, apresentando, respectivamente, a melhor média com as combinações envolvendo a linhagem de maior CGC (L694). Os demais testadores exibiram performance semelhante, considerando o ranqueamento em relação à média de CE e o número de combinações com as linhagens de maior CGC.

Avaliando a característica VP, o testador P1 foi o que mais se destacou, apresentando, das suas seis melhores médias, quatro com combinações entre as linhagens classificadas com melhores CGC. Adicionalmente, este mesmo testador se destacou quando avaliado para com RG. Considerando os demais testadores, não se percebeu discriminação destes testadores em relação ao número de combinações com as linhagens de maiores CGC. Analisando as linhagens L689 e L694, que se posicionaram na terceira e quarta colocações no *ranking* ponderando a CGC, quando combinadas individualmente com cada testador, essas combinações expressaram valores médios que foram ranqueados para todos os testadores, comprovando suas boas capacidades de combinações.

Em relação às características IPp e SPp, as linhagens de melhores CGC se equivaleram para ambas, com destaque para L682, L685 e L696. Considerando o testador L70 e em alusão às médias dos seus híbridos em relação à incidência de *P. polysora*, constatou-se que as seis menores médias ocorreram em combinações com as linhagens de melhores CGC. No que se refere à severidade, o mesmo foi observado, vez que das seis menores médias, cinco ocorreram com linhagens destacadas quanto à CGC (Tabela 15).

Para a característica IPp, os testadores PARA-172, L651, L270 e P1 não difeririam em relação ao número de cruzamento com as linhagens de maiores CGC. Para a severidade, SPp, o testador PARA-172 ostentou as menores médias quando inter cruzado com quatro linhagens de melhores CGC. Por sua vez, os testadores L270 e L651 se comportaram indiferentemente neste quesito.

Quanto à característica IBm, as menores médias dos híbridos envolvendo o testador PARA-172 incluíram as linhagens que apresentaram as melhores estimativas de CGC, de modo a poder atribuir destaque a este testador, em razão

de sua competência para classificar as linhagens quanto à incidência. Os demais testadores não diferiram entre si, levando em conta as médias apresentadas por seus híbridos e os contrastes envolvendo as melhores estimativas de CGC. Considerando SBm, os híbridos oriundos do testador L270 expressaram as melhores interações com as linhagens de maiores estimativas da GCG, demonstrando que, entre as seis melhores médias dos híbridos para esta característica, quatro ocorreram com as linhagens de maiores valores. Em relação ao testador L70, observou-se que, das seis melhores combinações híbridas, três ocorreram entre as linhagens destacas quanto a CGC.

Quanto a IEt, o testador que mais se destacou foi L270, considerando as estimativas das médias dos híbridos e linhagens com melhores CGC. Nesse sentido, das seis melhores médias, cinco ocorreram com as linhagens que apresentaram as melhores CGC. Ainda em relação a IEt, os testadores P1 e L651 expressaram desempenhos semelhantes em relação às linhagens superiores no que se refere à CGC. Das seis melhores médias dos híbridos, quatro ocorreram para com linhagens com as CGCs mais favoráveis. Os demais testadores, L70 e PARA-172, apresentaram apenas três combinações com as linhagens que expressaram as melhores estimativas de CGC. Há que destacar que a linhagem L684 apresentou melhor ranqueamento para CGC, com boa expressão de estimativas de médias com todos os testadores.

Os testadores PARA-172 e L70 apresentaram-se superiores para SEt, sendo que quanto às médias dos seis genótipos superiores incluindo estes parentais, cinco envolveram linhagens de melhores estimativas de CGC. O testador L651 apresentou quatro combinações superiores para SEt com as linhagens de maiores CGCs. Os testadores P1 e L270 expressaram desempenho inferior em relação aos demais, mas ambos expressaram as melhores médias quando hibridados com a linhagem de melhor CGC, no caso, L685.

Estabelecendo uma relação entre o D e o ranqueamento, verificou-se que o comportamento não decorreu de forma igualitária, esclarecendo que os testadores indicados como os melhores no índice não se sustentaram como os melhores, quando suas combinações híbridas foram ranqueadas. Porém, relacionando D e seus valores de CGC, verificou-se comportamento semelhante, de modo que a seleção dos melhores testadores foi baseada diretamente no índice.

Neste contexto, os testadores discriminados pelo índice como melhores genitores e indicados a serem utilizados no intento de melhorar as médias para as características agronômicas foram PARA-172 para RG, P1 para CE e L70 para VP. Os testadores identificados com maiores capacidades de discriminação das linhagens quanto aos seus potenciais foram P1 para RG e PARA-172 para CE e VP.

Relacionando os testadores quanto à incidência das doenças, L70 se sobressaiu, com baixos índices de incidência dos patógenos *P. polysora* e *B. maydis*, assim como o testador PARA-172 para *E. turcicum*. Quanto à severidade de *P. polysora*, o destaque ocorreu com o testador L270, e para *B. maydis* e *E. turcicum*, sobressaiu o testador PARA-172.

Em uma interpretação conjunta dos resultados para incidência e severidade, o testador que deteve proeminência foi PARA-172, que expressou as menores médias para ambas as características, de forma similar ao ocorrido com as estimativas de CGC.

5.5 Análise GT *Biplot*

O procedimento GT *Biplot* consiste em uma representação gráfica simultânea de linhas e colunas de uma matriz de dados (Gabriel e Zamir, 1979). Esta técnica é baseada em análise multivariada e foi desenvolvida por Gabriel (1971). Atualmente, tem sido um pouco mais utilizada em pesquisas relacionadas a inferências a resistência a doenças associadas com características agronômicas de interesses, como o estudo de reação de ferrugem branca em brássicas (Sandhu et al., 2015), a avaliação de cercóspora na cultura do milho (Acorsi et al., 2016), análise do impacto de fusário em grão de bico (Ashok et al., 2017) e caracterização de feijão-de-corda em relação a doenças virais (Mbeyagala et al., 2018).

O GT *Biplot* é considerado um método preciso, robusto e integrado, empregado no intuito de classificar genótipos com base na superioridade baseada por estimativas de médias de características, inferindo, de forma unificadora, as características analisadas, auxiliando de forma precisa na avaliação e recomendação de genótipos (Oliveira et al., 2018; Yan e Frégeau-Reid, 2018).

No presente trabalho, a disposição dos genótipos no gráfico GT *Biplot* proveio de estimativas dos híbridos com médias padronizadas das características

agronômicas avaliadas – RG, CE e VP –, bem como das características relacionadas a doenças – incidência e severidade causadas pelos agentes patogênicos *P. polysora*, *B. maydis* e *E. turcium*.

Na análise GT *Biplot* das características agrônômicas, os dois primeiros componentes principais (CPs) concentraram 99,59 % da variação total (Figura 5). Isso se reflete em alta confiabilidade dos agrupamentos visuais que advierem do gráfico.

Considerando as características agrônômicas – RG, CE e VP –, a imagem visualizada na Figura 5 revela que, pela percepção do algoritmo "which-won-where", 32 híbridos se destacaram, da seguinte forma específica: 13, 5, 2, 8, 15, 9, 44, 7, 29, 12, 31, 11, 17, 38, 21, 45, 39 e 1 para RG; e 46, 62, 72, 75, 65, 68, 48, 61, 52, 23, 67, 55, 53 e 47 para CE e VP.

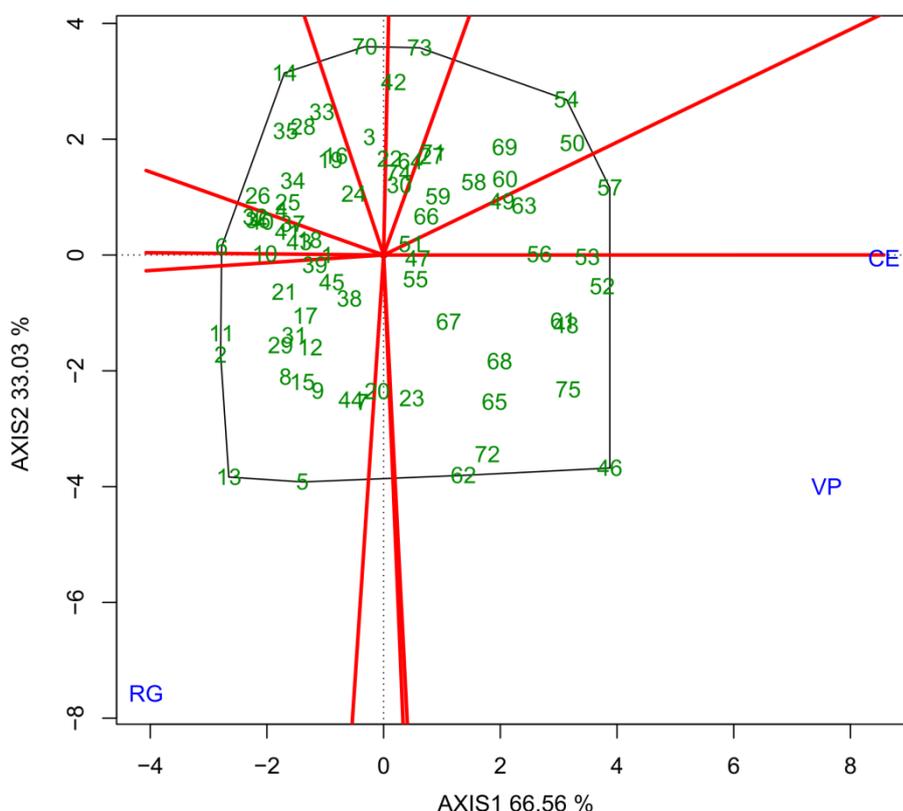


Figura 5 - GT *Biplot* "which-won-where" dos híbridos de milho-pipoca para características agrônômicas. * A identificação dos híbridos encontra-se na Tabela 6.

Os dois primeiros componentes principais capitalizaram a totalidade da variação (100 %) quando se trabalhou com características relacionadas à

incidência das doenças provocadas por *P. polysora*, *B. maydis* e *E. turcicum* nos híbridos (Figura 6). Para esse conjunto de características, o gráfico GT *Biplot* revelou um polígono que formou sete grupos, sendo três de interesse, por representarem baixos níveis de incidência. Isto posto, para IPp, constituiu-se um grupo composto pelos híbridos 17, 61, 51, 64, 52, 12, 66, 21, 1, 2, 46, 23, 66 e 33, nesta ordem. Importa destacar a contundente diferenciação do híbrido 17 em relação aos demais, em razão da sua pronunciada distância geográfica em relação aos demais pares a partir do vértice do polígono. Para IBm, foi concebida a formação de grupo com os híbridos 27, 18, 9 e 4, nesta ordem hierárquica de menor para maior incidência. O destaque recaiu para o híbrido 27, presente no vértice do polígono. Para IEt, o polígono revelou dois vértices, nos quais estiveram alocados os híbridos 43 e 72. No interior do polígono, estiveram alocados os híbridos 58, 38, 39, 37, 42 e 12. Destacaram-se, portanto, os híbridos 43 e 72.

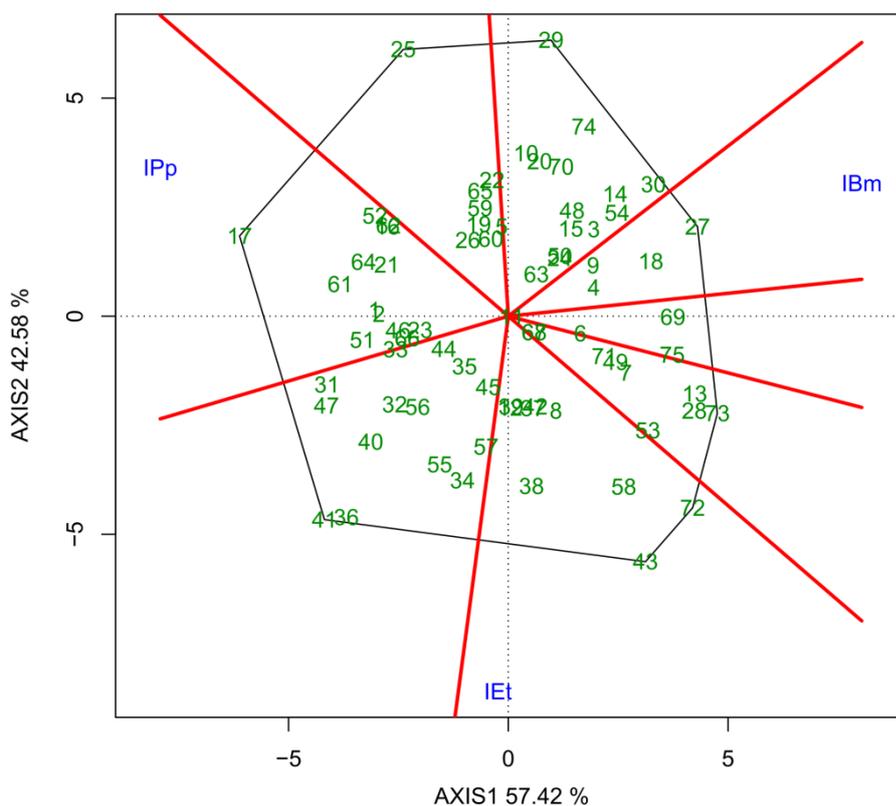


Figura 6 - GT *Biplot* "which-won-where" dos híbridos de milho-pipoca para características de incidência aos agentes patológicos *P. polysora*, *B. maydis* e *E. turcicum*. * A identificação dos híbridos encontra-se na Tabela 6.

Em relação ao gráfico GT *Biplot*, oriundo das características relacionadas à severidade às doenças, novamente os dois primeiros eixos dos componentes

principais reuniram 100 % da variação total (Figura 7). Neste gráfico, para SPp, não se pôde identificar de forma inequívoca híbrido que tenha se sobressaído, posto que os únicos dois híbridos deste agrupamento estiveram espacialmente próximos da origem dos eixos CP1 e CP2, tendo sido esses híbridos 1 e 4. De forma um pouco análoga, para SBm não houve híbrido constituindo vértice do polígono, embora os genótipos contidos neste agrupamento não tenham sido alocados próximos da origem dos eixos; ao contrário, estiveram mais próximos de um pretense vértice, caso tivessem resistência mais elevada. Trata-se dos híbridos 32 e 8. No que se refere a SEt, houve, neste caso, formação de um vértice, em que se alocou o híbrido 42, sendo, pois, o genótipo de maior interesse. Em ordem decrescente de resistência, esse grupo é constituído pelos híbridos 66, 44, 23, 11, 37, 6, 38, 51, 71, 39, 75, 61, 67 e 55.

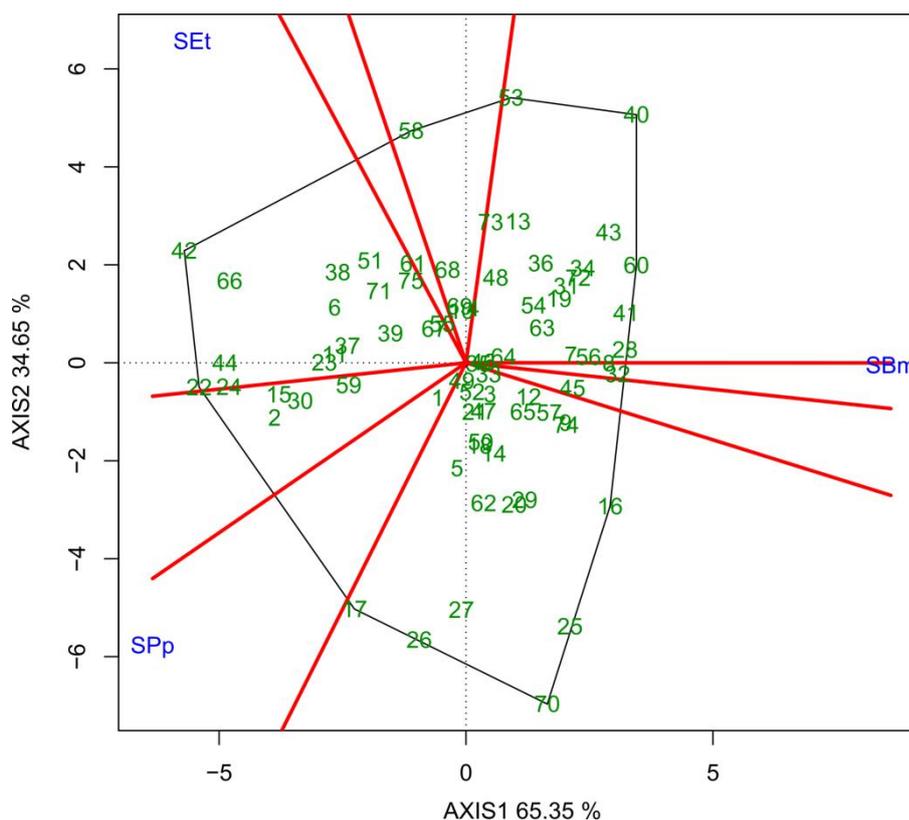


Figura 7 - GT *Biplot* “which-won-where” dos híbridos de milho-pipoca para características de severidade aos agentes patológicos *P. polysora*, *B. maydis* e *E. turcicum*. * A identificação dos híbridos encontra-se na Tabela 6.

Retomando o debate em relação à representatividade dos componentes principais nos eixos dos gráficos para a explicação da variação da total, não apenas

para as características agronômicas, mas também para incidência e severidade às doenças, os dois primeiros componentes concentraram a quase totalidade da variação para o primeiro conjunto de características e para os dois últimos conjuntos de características, tendo essa representação sido total (Figuras 5, 6 e 7). Essas magnitudes de variação concentradas nos dois primeiros componentes principais favorecem, sobretudo, a confiabilidade na interpretação dos agrupamentos e, por conseguinte, nas consequências das inferências para o melhoramento aplicado. De acordo com Yang et al. (2009), o somatório dos dois primeiros componentes principais deve explicar um mínimo de 60 % da variação total. Nesse sentido, resultados cada vez mais superiores a 60 % inferem que o GT *Biplot* apresenta, de forma também escalonada, maiores representatividades e confiabilidades na interpretação das informações (Ashok et al., 2017; Santos et al., 2017; Oliveira et al., 2018; Yan e Frégeau-Reid, 2018).

Por uma interpretação conjunta dos resultados dos gráficos GT *Biplot* para as características agronômicas relacionadas à incidência e severidade em relação às doenças estudadas, é possível tecer algumas considerações interessantes. Por exemplo, o híbrido 46, que se destacou para CE e VP, não esteve tão próximo da origem do polígono formado para IPp (Figuras 5 e 6). Entretanto, o híbrido 75, que esteve desaproximado da origem do polígono formado para CE e VP, não se alocou como o mais próximo da origem para a característica SEt (Figuras 5 e 7). Por fim, os híbridos 23 e 61, que estiveram afastados da origem do polígono formado para CE e VP, Figura 5, também não estiveram próximos da origem para os polígonos formados para IPp (Figura 6) e SEt (Figura 7).

Dos híbridos incluídos no grupo de genótipos com mais altos rendimentos de grãos, o par 17 constituiu o vértice do polígono para IPp, e a combinação 2 esteve afastada da origem dos eixos desse mesmo polígono para IPp. O híbrido 9, que esteve afastado da origem dos eixos constituintes do polígono para RG, não foi o genótipo mais próximo da origem para o polígono formado para IBm. O híbrido 8, que esteve afastado da origem do polígono constituinte de RG, também esteve desaproximado da origem dos eixos do polígono formado para SBm. Inobstante, o híbrido 44, que se distanciou da origem do polígono formado para RG, também se alocou graficamente afastado da origem em relação aos eixos do polígono formado para SEt. O híbrido 12, por sua vez, não foi um dos que se alocaram espacialmente mais próximos da origem, tanto para o polígono formado para RG quanto para IPp.

O gráfico GT *Biplot* “means x stabilities” possibilita classificar os genótipos quanto às expressões de suas médias em comparação com a média geral, sendo os mais interessantes aqueles que se posicionarem mais afastados da reta PC2. Ele também referencia os genótipos quanto às suas estabilidades, sendo os de maiores interesses aqueles que estiverem menos afastados em relação à reta PC1 (Yang et al., 2009; Santos et al., 2017; Oliveira et al., 2018; Yan e Frégeau-Reid, 2018).

Em alusão às características agrônômicas avaliadas, o gráfico *Biplot* “means x stabilities” possibilitou identificar os híbridos 46, 75, 72, 62, 65, 48, 61, 52, 68 e 53, nesta ordem, como os mais produtivos (Figura 8). Destes híbridos, destacaram-se, quanto à estabilidade, os híbridos 46, 68 e 67 por suas menores amplitudes espaciais em relação ao afastamento da reta PC1, portanto, os mais estáveis.

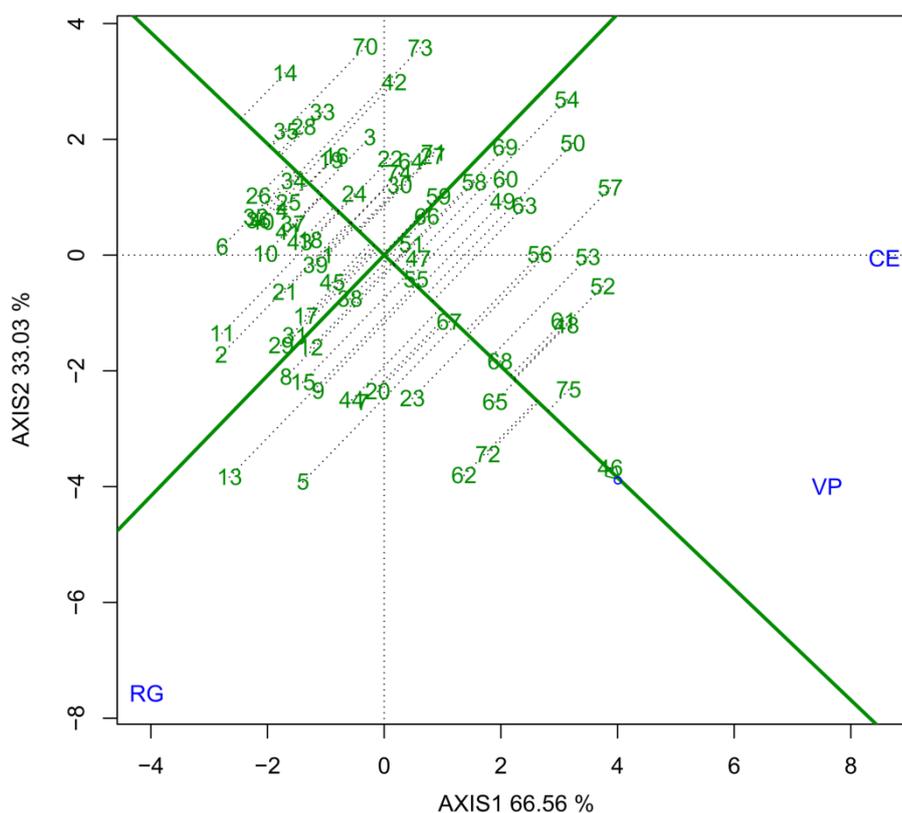


Figura 8 - GT *Biplot* “means x stabilities” dos híbridos de milho-pipoca para características agrônômicas. * A identificação dos híbridos encontra-se na Tabela 6.

Em relação às plotagens das médias e níveis de estabilidade para a característica de incidência das doenças em estudo, 39 híbridos foram alocados

graficamente como portadores de médias superiores à média geral. Entre esses híbridos, destacaram-se como os mais superiores os pares representados por 43, 41, 36, 72, 38 e 34. Os híbridos que se apresentaram mais estáveis, por estarem menos desaproximados espacialmente da reta referente a CP1, foram 57, 45, 38, 68, 39 e 12 (Figura 9).

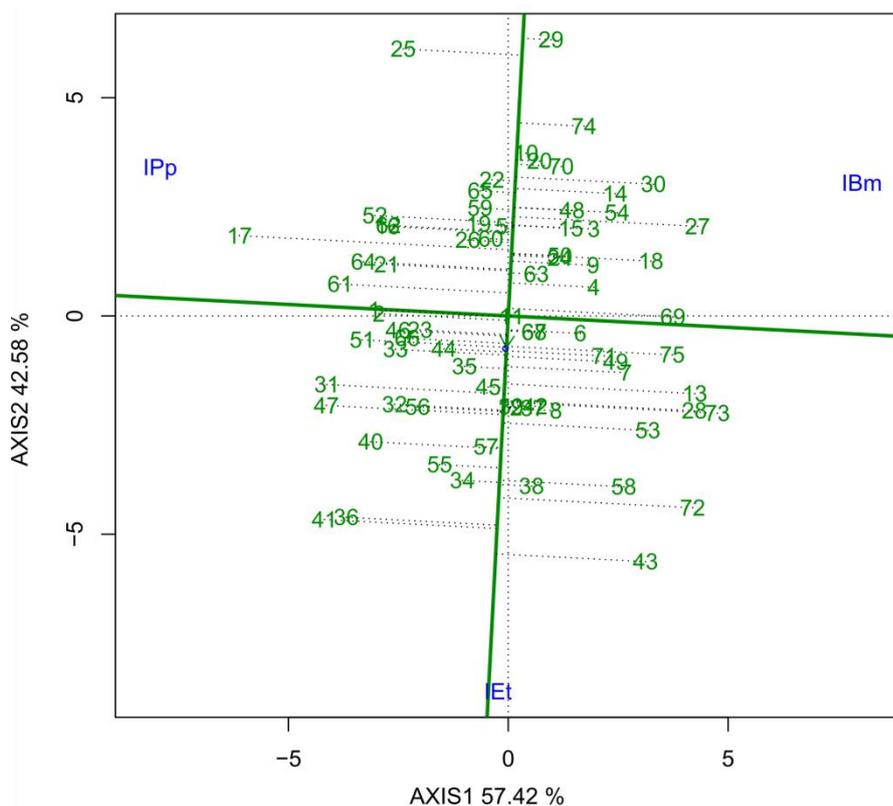


Figura 9 - GT *Biplot* “means x stabilities” dos híbridos de milho-pipoca para características de incidência aos agentes patológicos *P. polysora*, *B. maydis* e *E. turcicum*. * A identificação dos híbridos encontra-se na Tabela 6.

A dispersão dos híbridos quanto à severidade às três doenças estudadas, Figura 10, revelada pelo gráfico GT *Biplot* “means x stabilities”, destacou 31 genótipos com estimativas de médias em magnitudes superiores à média geral (Figura 10). O subconjunto constituído por 42, 66, 38, 6, 39 e 37 representa aqueles híbridos de médias mais pujantes. De forma concomitante, 39 e 37 foram os que exibiram os mais elevados níveis de estabilidade, seguidos por 45. A identificação de genótipos que têm alta estabilidade para baixa severidade de doença é de inequívoca importância para a seleção de fontes de resistência em programas de melhoramento (Sharma e Duveiller, 2007). A análise de estabilidade *per se*, embora

não proveja informações relativas às médias dos genótipos estudados, possibilita uma classificação subjetiva deles de importância no processo seletivo de cultivares de interesse (Yan e Kang, 2002).

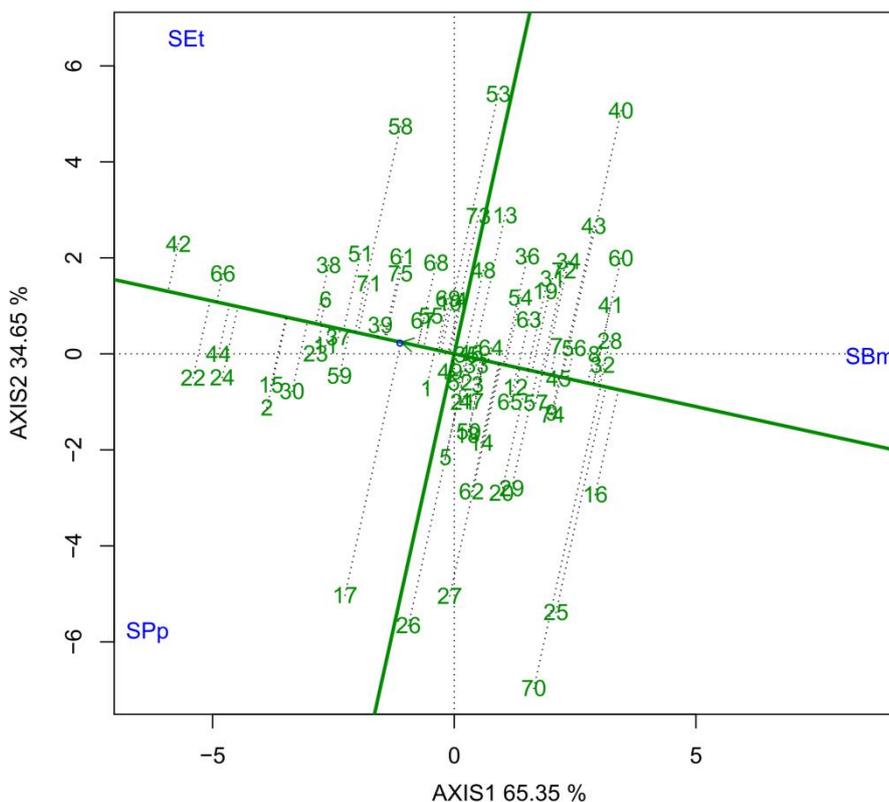


Figura 10 - GT *Biplot* “means x stabilities” dos híbridos de milho-pipoca para características de severidade aos agentes patológicos *P. polysora*, *B. maydis* e *E. turcicum*. * A identificação dos híbridos encontra-se na Tabela 6.

No método GT *Biplot*, o genótipo considerado como ideal apresenta o maior comprimento do vetor em PC1, representando maior discriminação dos híbridos em relação aos efeitos principais, bem como o menor vetor para PC2, indicativo de maior representatividade de todas as outras características (Yin e Huang, 2010). Portanto, considera-se como ideótipo aquele genótipo que estiver alocado em posição gráfica mais próxima da seta constante no centro dos círculos concêntricos (Akcura et al., 2017; Kaplan et al., 2017; Yan e Frégeau-Reid, 2018).

Em alusão às características agrônômicas, o ideótipo é graficamente representado pelo híbrido 46, oriundo da linhagem L681 e do testador P1 (Figura 11). As médias apresentadas por este genótipo para RG, CE e VP foram,

respectivamente, 4.610,83 kg ha⁻¹, 35,56 mL g⁻¹ e 163,92 kg ha⁻¹ (Tabela Suplementar 1).

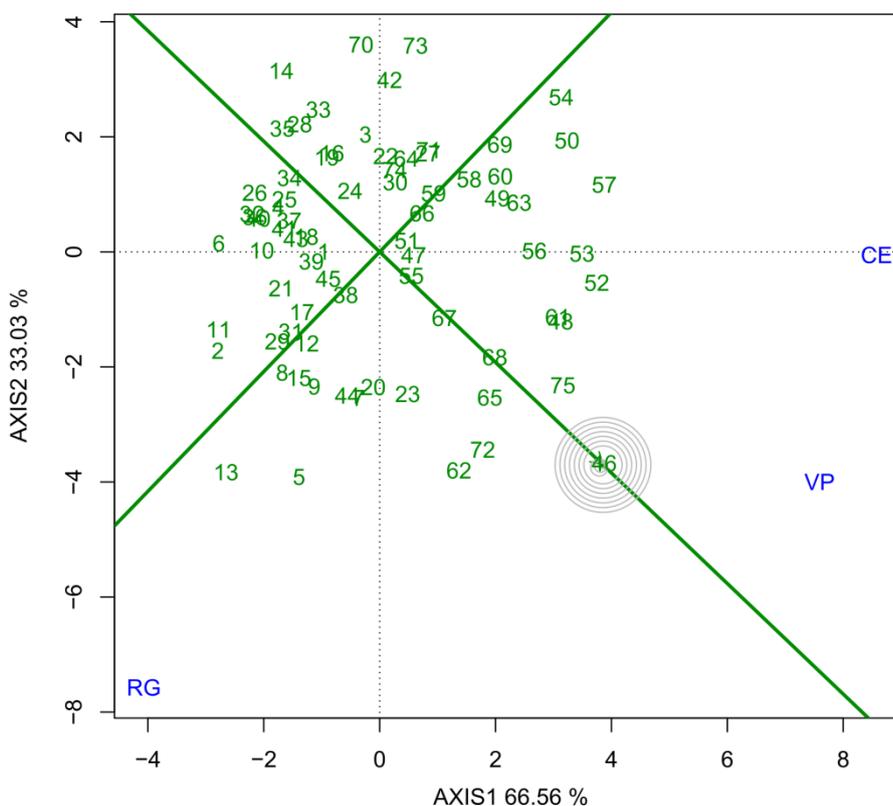


Figura 11 - GT *Biplot* comparando os híbridos de milho-pipoca avaliados para características agrônômicas para estimar o genótipo ideal. * A identificação dos híbridos encontra-se na Tabela 6.

Quando se analisa o gráfico GT *Biplot* para as doenças avaliadas, Figura 12, pode-se conceber que os híbridos 34 e 38 se alocaram graficamente com amplitudes mais próximas do concebido como genótipo ideal por Yin e Huang (2010). O híbrido 34 tem em sua genealogia a linhagem L684 e o testador L651; e o homólogo 38 é oriundo da linhagem L689, com esse mesmo testador. Em estimativas percentuais de área foliar afetada, o híbrido 38 exibiu valor de 36,67 % para IPp, 43,33 % para IBm e 5,17 % para IEt. Por sua vez, o híbrido 34 expressou as seguintes percentagens para estas escalas: 26,67 % para IPp, 43,33 % para IBm e 0,50 % para IEt. As médias decorrentes das escalas de notas dessas doenças em relação aos híbridos estão contidas na Tabela Suplementar 2.

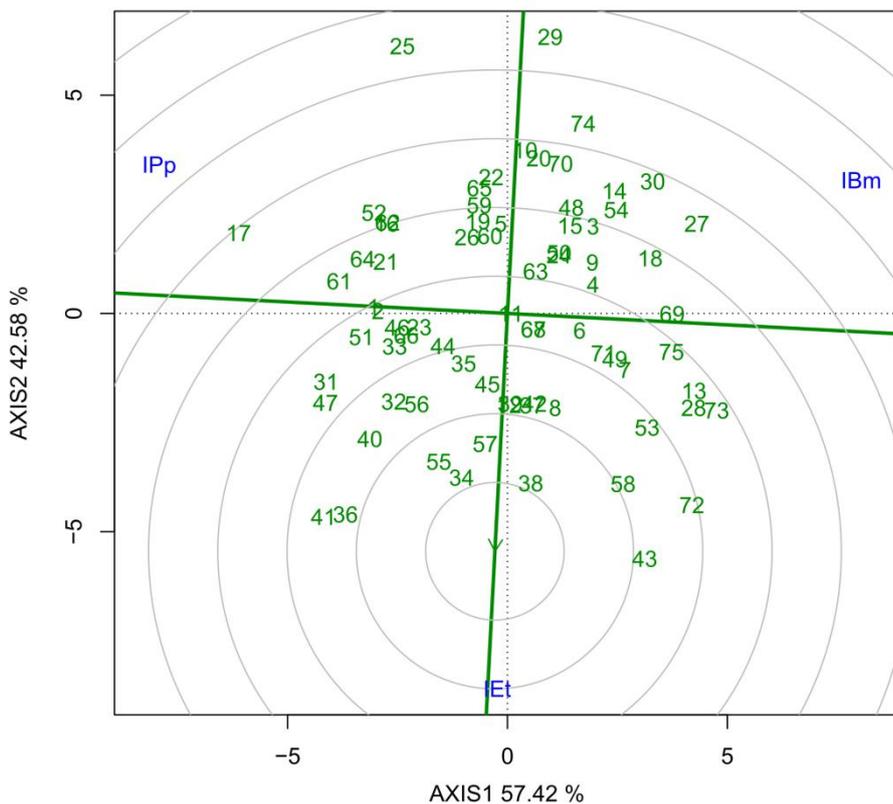


Figura 12 - GT *Biplot* comparando os híbridos de milho-pipoca avaliados para características de incidência aos agentes patológicos *P. polysora*, *B. maydis* e *E. turcicum*. * A identificação dos híbridos encontra-se na Tabela 6.

As combinações 42 e 66 estiveram mais próximas da seta de PC2 e presentes no primeiro círculo concêntrico do gráfico GT *Biplot* para as severidades das doenças. Trata-se, pois, dos híbridos mais parecentes com a descrição do ideótipo (Figura 13). As estimativas das médias com base na utilização da escala diagramática para os híbridos 42 e 66 em relação a SPp, SBm e SEt foram respectivamente: 8,33; 19,28 e 0,28; e 8,06; 17,50 e 0,72 (Tabela Suplementar 3).

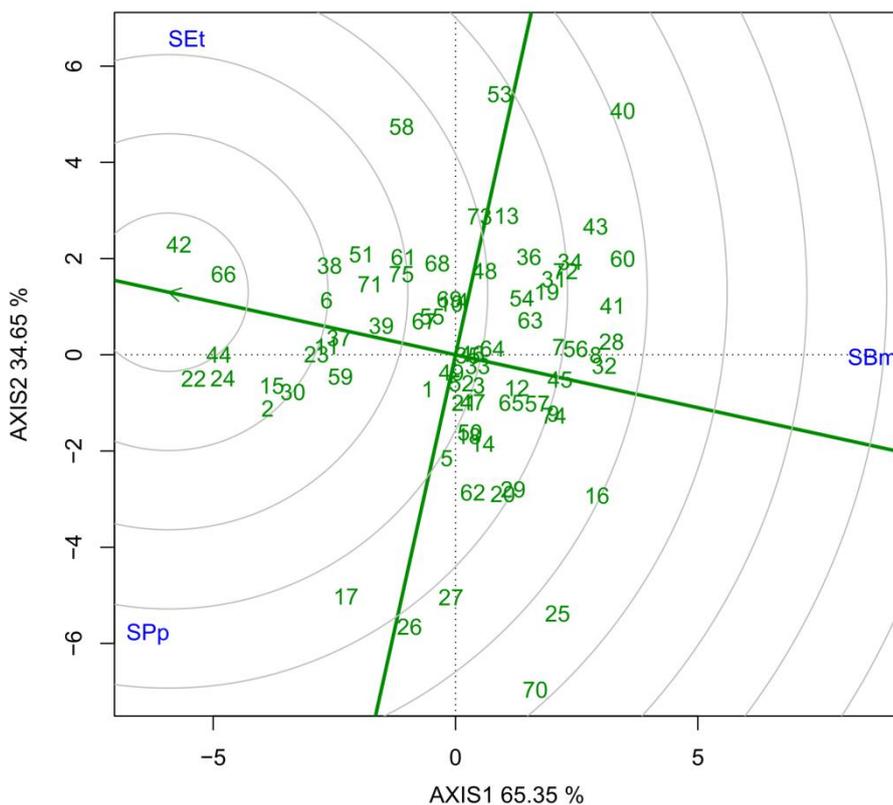


Figura 13 - GT *Biplot* comparando os híbridos de milho-pipoca avaliados para características de severidade aos agentes patológicos *P. polysora*, *B. maydis* e *E. turcicum*. * A identificação dos híbridos encontra-se na Tabela 6.

Na análise conjunta das dispersões GT *Biplots*, não foi possível identificar um híbrido que conjugasse de forma unificadora superioridade para todas as características agrônômicas e com resistência às doenças avaliadas. Todavia, houve híbrido parcialmente superior para essas características. O destaque recai para o híbrido 46, que se apresentou mais proeminente para as características agrônômicas – com as expressivas médias de $4.610,83 \text{ kg ha}^{-1}$ para RG e $35,56 \text{ mL g}^{-1}$ para CE (Tabela Suplementar 1) – e não esteve alocado como o mais próximo da origem do polígono formado para IPp no gráfico "wich-won-where", com média de 10,33 para uma escala diagramática variando de 5 a 100. É, portanto, um híbrido de interesse para cultivos experimentais e mesmo para a extração de linhagens superiores.

5. CONCLUSÕES

O *testcross* foi eficiente na discriminação *per se* das progênies testadas e dos testadores de milho-pipoca.

As linhagens L685, L691, L696, L684 e o testador PARA-172 apresentam potencial para resistência a *P. polysora*, *B. maydis* e *E. turcicum*.

A CEC destacou os híbridos L696 x L651 e L683 x P1 para características agronômicas; L682 x L70 e L683 x P1 para baixa incidência e severidade de *P. polysora*; L696 x L270 para baixa severidade à helmintosporiose (*B. maydis* e *E. turcicum*); e L681 x L651 para baixa incidência e severidade às três doenças avaliadas.

Estimativas mais elevadas de H^2 ocorreram para os híbridos oriundos dos testadores PARA-172 em relação a características agronômicas; L651 para incidência e severidade de *E. turcicum*; e L70 para incidência e severidade de *P. polysora*.

Iv destacou os híbridos oriundos dos testadores PARA-172 quanto às características agronômicas severidade e incidência a *B. maydis*; L651 para IET e SET; e L70 para IPP e SPP.

PARA-172 é indicado para extração de linhagens superiores para resistência a *P. polysora*, *B. maydis* e *E. turcicum*.

Análise GT *Biplot* discriminou a combinação L681 x P1 como promissora para as características agronômicas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Acorsi, C.R.L., Guedes, T.A., Coan, M.M., Pinto, R.J.B., Scapim, C.A., Pacheco, C.A.P., Guimarães, P.E.O., Casela, C.R. (2016) Applying the generalized additive main effects and multiplicative interaction model to analysis of maize genotypes resistant to grey leaf spot. *J Agric Sci.* 15:939-953.
- Agrocere. (1996) *Guia Agrocere de sanidade*. São Paulo 72p.
- Almeida Filho, J.E., Schwantes, I.A., Mafra, G.S., Leite, J.T., Gerhardt, I.F.S., Amaral Júnior, A.T. (2017) Associação genômica ampla (GWAS) na população UENF14 de milho-pipoca. E-book 9º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas: Projetando o Futuro, Foz do Iguaçu, p. 29
- Amaral Júnior, A.T., Santos, A., Gerhardt, I.F.S., Kurosawa, R.N.F. (2016) Proposal of a super trait for the optimum selection of popcorn progenies based on path analysis. *Genet Mol Res.* 15:1-9.
- Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., de Paiva Freitas Júnior, S., Candido, L.S., Vittorazzi, C., Pena, G.F., Ribeiro, R.M., da Conceição Silva, T.R., Pereira, M.G., Scapim, C.A., Viana, A.P., de Carvalho, G.F. (2013) UENF 14: A new popcorn cultivar. *Crop Breed Appl Biotechnol*, 13: 218–220.
- Araujo, J.R. (2014) Uso de topcross como indicador do pontencial de híbrido de milho para extração de linhagens. Dissertação (Mestrado em Genética e

- Melhoramento de Plantas) - Lavras - MG, Universidade Federal de Lavras - UFLA, 46p.
- Arnhold, E., Viana, J.M.S. (2007) Eficiência da seleção dentro de famílias S4 de milho-pipoca, visando à obtenção de linhagens. *Ceres*, 54(312):108-112.
- Arnhold, E., Viana, J.M.S., Silva, R.G. (2009) Associação de desempenho entre famílias S3 e seus híbridos topcross. *Ciência Agron*, 40(3):396-399.
- Parihar, A.K., Basandrai, A.K., Sirari, A., Dinakaran, D., Singh, D., Kannan, K., Kushawaha, K.P.S., Adinarayan, M., Akram, M., Latha, T.K.S., Paranidharan, V., Gupta, S. (2017) Assessment of mungbean genotypes for durable resistance to yellow mosaic disease : genotype x environment interactions. *Plant Breedig* 136:94-100.
- Balmer, E., Pereira, O.A.P. (1987) *Doenças do milho*. In: Paterniane, E. Viegas, G.P.(eds) Melhoramento e produção de milho. 2. ed. Campinas: Fundação Cargil,p. 595-634.
- Barreto, R.R., Scapim, C.A., Amaral Júnior, A. do., Rodovalho, M.D.A., Vieira, R.A., Schuelter, A.R. (2012a) Avaliação da capacidade de combinação de famílias S2 de milho- pipoca por meio de diferentes testadores. *Ciência Agrárias*, 33:873-890.
- Barreto, R.R., Scapim, C.A., Do Amaral, A.T., De Araújo Rodovalho, M., Vieira, R.A., Schuelter, A.R. (2012b) Avaliação da capacidade de combinação de famílias S2 de milho-pipoca por meio de diferentes testadores. *Semin Agrar*. 33:873-890.
- Belcher, A.R., Zwonitzer, J.C., Cruz, J.S., Krakowsky, M.D., Chung, C.-L., Nelson, R., Arellano, C., Balint-Kurti, P.J. (2012) Analysis of quantitative disease resistance to southern leaf blight and of multiple disease resistance in maize , using near-isogenic lines. *Theor Appl Genet*, 124:433-445.
- Beyene, Y., Gowda, M., Suresh, L.M., Stephen, M., Olsen, M., Oikeh, S.O., Juma, C., Tarekegne, A., Prasanna, B.M. (2017) Genetic analysis of tropical maize inbred lines for resistance to maize lethal necrosis disease. *Euphytica*, 213:1-13.

- Beyene, Y., Mugo, S., Pillay, K., Tefera, T., Ajanga, S., Njoka, S., Karaya, H., Gakunga, J. (2011) Testcross performance of doubled haploid maize lines derived from tropical adapted backcross populations. *Maydica*, 56:351-358.
- Bhavani, P., Harini Kumar, K.M., Lohithaswa, H.C., Shashidhar, H.E., Pandurage Gowda, K.T. (2013) Comparative genomics of the genomic region controlling resistance to *Puccinia polysora* underw. in *Zea Mays* L. *J Biosci.* 2(2):1-7.
- Bohn, M.O., Marroquin, J.J., Flint-Garcia, S., Dashiell, K., Willmot, D.B., Hibbard, B.E. (2017) Quantitative trait loci mapping of western corn rootworm (Coleoptera: Chrysomelidae) host plant resistance in two populations of doubled haploid lines in maize (*Zea mays* L.). *Plant Resist.* 20:1-10.
- Bolson, E., Scapim, C.A., Clovis, L.R., Amaral, A.T., Freitas, I.L. de J. (2016) Capacidade combinatória de linhagens de milho avaliada por meio de testadores adaptados à safrinha. *Rev Ceres*, 63:492-501.
- Camargo, L.E.A. (1995) Análise Genética da Resistência e da Patogenicidade. In: Bergamin Filho, A., Kimati, H., Amorin, L. *Manual de Fitopatologia: princípios e conceitos*. Piracicaba - SP: Ceres, p. 470-492.
- Cardoso, A.I.I. (2006) Dialelo entre linhagens de uma população de pepino do tipo "Caipira." *Hortic Bras.* 24:259-263.
- Cargnelutti Filho, A., Toebe, M., Alves, B.M., Kleinpaul, J.A., Neu, I.M.M. (2018) Number of replicates and experimental precision statistics in corn. *Pesqui Agropecu Bras.* 53:1213-1221.
- Casa, R.T., Reis, E.M. (2003) Doenças na cultura do milho. In: Fancelli, A.L., Dourado Neto, D. *Milho estratégia de manejo para alta produtividade*. Piracicaba - SP: ESALQ/USP, p. 1-18.
- Casa, R.T., Reis, E.M., Blum, M.M.C. (2004) Quantificação de danos causados por doenças em milho. *I Work Epidemiol Doenças Plantas Anais*, UFV: 1–15.
- Casela, C.R., Ferreira, A.S., Pinto, N.F.J.A. (2006) Doenças na cultura do milho. *Circ técnica* 83:1-14.
- Castellanos, J.S., Hallauer, A.R., Cordova, H.S. (1998) Relative performance of

- testers to identify elite lines of corn (*Zea mays* L.). *Maydica* 43: 217–226.
- Chen, G., Wang, X., Long, S., Jaqueth, J., Li, B., Jianbing, Y., Ding, J. (2016) Mapping of QTL conferring resistance to northern corn leaf blight using high-density SNPs in maize. *Mol Breed.* 36:1-9.
- Chester, K.S. (1950) *Plant disease losses: their appraisal and interpretation.* 189-362p.
- Coan, M.M.D., Senhorinho, H.J.C., Pinto, R.J.B., Scapim, C.A., Tessmann, D.J., Williams, W.P., Warburton, M.L. (2018) Genome-wide association study of resistance to ear rot by *Fusarium verticillioides* in a tropical field maize and popcorn core collection. *Crop Science Society Am.* 58: 564-578.
- Costa, D.F., Vieira, B.S., Lopes, E.A., Moreira, L.C.B. (2012) Aplicação de fungicidas no controle de doenças foliares na cultura do milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 11:98-105.
- Cota, L.V., Silva, D.D., Costa, R.V. (2013) Helminthosporiose Causada por *Exserohilum turcicum* na cultura do Milho. *Circ Técnica* 195: 1–8.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C. (2012) *Aplicados, Modelos biométricos Genético, ao melhoramento.* 3.ed. Viçosa 480p.
- Cunha, J.P.A.R., Silva, L.L. da., Boller, W., Fátima, J., Rodrigues. (2010) Aplicação aérea e terrestre de fungicida para o controle de doenças do milho. *Rev Ciência Agronômica*, 41:366-372.
- Daetwyler, H.D., Calus, M.P.L., Pong-Wong, R., de los Campos, G., Hickey, J.M. (2013) Genomic prediction in animals and plants: simulation of data, validation, reporting, and benchmarking. *Genetics*, 193:347-365.
- Dalbello, O., Previero, C.A., Alves, D.G., Biagi, J.D. (1995) Capacidade de expansão do milho pipoca (*Zea mays* L.) em função de parâmetros de secagem, umidade e armazenamento do produto. Anais do *Congresso Brasileiro de Eng Agrícola*, Viçosa: UFV, p.415.
- Damasceno, C.M.B., Pastina, M.M., Guimarães, P.E.O., Costa, R.V., Cota, L.V., Silva, D.D. (2015) Identificação de fontes de resistência à ferrugem-polissora

- em milho e desenvolvimento de população de mapeamento. *Circ Técnica Embrapa* 212: 1-13.
- de los Campos, G., Hickey, J.M., Pong-Wong, R., Daetwyler, H.D., Calus, M.P.L. (2013) Whole-Genome regression and prediction methods applied to plant and animal breeding. *Genetics*, 193:327-345.
- Delate, K., Johnson, R. Rees, M. (2016) Evaluation of organic corn and popcorn varieties and fertilization. *Southeast Res Demonstr Farm*, 2015:16-22.
- Cabral, P.D.S., Amaral Júnior, A.T., Freitas, I.L.J., Ribeiro, R.M., Silva, T.R.C. (2016) Relação causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. *Rev Ciência Agronômica*, 47:108-117.
- Ding, J., Ali, F., Chen, G., Li, H., Mahuku, G., Yang, N., Narro, L., Magorokosho, C., Makumbi, D., Yan, J. (2015) Genome-wide association mapping reveals novel sources of resistance to northern corn leaf blight in maize. *BMC Plant Biol.* 15:1-11.
- Duarte, R.P., Juliatti, F.C., Freitas, P.T. (2009) Eficácia de diferentes fungicidas na cultura do milho. *Biosci J.* 25:101-111.
- Dudienas, C., Fantin, G.M., Duarte, A.P., Ticelli, M., Bárbaro, I.M., Freitas, R.S., Leão, P.C.L., Filho, G.C., Bolonhezi, D., Pântano, A.P. (2013) Severidade de ferrugem polissora em cultivares de milho e seu efeito na produtividade. *Summa Phytopathologica*, 39:16–23.
- Pereira, F.A., Carneir, M.R., Andrade, L.M. (2010) *A cultura do milho-pipoca*. 1. ed. Brasília: EMBRAPA, 78p.
- Fantin, G.M.; Sawazaki, E.; Barros, B.C. (1991) Avaliação de genótipos de milho pipoca quanto a resistência a doenças e qualidade da pipoca. *Summa Phytopathologica*, 17(2): 90-99.
- Fantin, G.M., Duarte, A.P. (2009) *Manejo de doenças na cultura do milho safrinha*. Campinas: Intituto Agrônômico, 99p.
- Faria, M.V., Mendes, M.C., Rossi, E.S., Possatto Junior, O., Rizzardi, D.A., Gralak, E., Silva, C.A., Faria, C.M.D.R. (2015) Análise dialéctica da produtividade e do

- progresso da severidade de doenças foliares em híbridos de milho em duas densidades populacionais. *Ciências Agrárias*, 36:123-134.
- Fasoulas, A.C. (1983) Rating cultivars and trials in applied plant breeding. *Euphytica* 32:939-943.
- Flor, H.H. (1971) Current status of the gene-for-gene. *Annual review of phytopathology*, 9:275-296.
- Freire, I.A. (2015) Avaliação da capacidade de expansão de milho-pipoca pelas técnicas de espectrometria no infravermelho próximo, composição química e microscopia eletrônica. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Lavras - MG, Universidade Federal de Lavras, Lavras - UFLA 53p.
- Freitas Júnior, S.D.P., Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G., Cruz, C.D., Scapim, C.A. (2006) Capacidade combinatória em milho-pipoca por meio de dialelo circulante. *Pesqui Agropecu Bras.* 41:1599-1607.
- Gabriel, K.R., Zamir, S. (1979) Lower Rank Approximation of Matrices by Least Squares With Any Choice of Weights. *Technometrics* 21:489-498.
- Galvão, J.C.C., Sawazaki, E., Miranda, G. V. (2000) Comportamento de híbridos de milho-pipoca e coimbra, Minas Gerais. *Rev Ceres*, 47:201-2018.
- Geraldi, I.O., Miranda Filho, J.B. (1988) Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. *Brazilian J Genet.* 11:419-430.
- Gerhardt, I.F.S., Júnior, A.T.A., Guimarães, L.J.M., Schwantes, I.A. Santos, A., Komphorst, S.H., Lima, V.J., Poblete, F.M., Myers, G.O. (2017) Intraspecific variability of popcorn S 7 lines for phosphorus efficiency in the soil. *Genet Mol Res.* 16(3):gmr16039763.
- Godoy, C.V. (2000) O clima que traz a ferrugem. *Cultivar: Grandes Culturas*, 20:52-54.
- Goodman, M.M., Smith, J.S.C. (1987) Botânica. *In: Paterniani, E., Viegas, G. P., Melhoramento e produção de milho.* Campinas: Fundação Campinas: p. 41-78.

- Gralak, E., Faria, M.V., Rossi, E.S., Júnior, P., Gabriel, A., Mendes, M.C., Alberto, C. (2015) Combining ability of maize hybrids for grain yield and severity of leaf diseases in circulant diallel. *Rev Bras Milho e Sorgo*, 14:116-129.
- Griffing, B. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. *Aust J Biol Sci* 9:463-493.
- Guiomar, P.M.C.N. (2011) Avaliação do comportamento de cultivares de milho na presença da helmintosporiose causada por *Exsehilum turcicum* (Pass) Leonard & suggs. Dissertação (Mestrado em Engenharia Agrônômica) Lisboa, Instituto Superior de Agronomia, p. 92.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.D. (2010) Testers and combining ability. In: Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. New York: Springer, p. 383-423.
- He, W., Yang, L., Leng, Y., Zhang, B., Yang, J., Li, L., Chen, Y., Kang, J., Tang, H., Deng, L., Wu, Y., Cao, M., Rong, T. (2018) QTL mapping for resistance of maize to grey leaf spot. *J Phytopathol*, 166:167-176.
- Hung, H., Holland, J.B. (2012) DÍallel Analysis of Resistance to Fusarium Ear Rot and Fumonisin Contamination in Maize. *Crop Sci*. 5:2173-2182.
- James, W. (1971) *A manual of assessment keys of plant diseases*. Canada 74p.
- Kamphorst, S.H., Lima, V.J. De., Schimitt, K.F.M., Leite, J.T., Azeredo, V.C., Pena, G.F., Santos, P.H.S.D., Santos Junior, D.R., Silva Junior, S.B., Bispo, R.B., Santos, T.O., Khan, S., Amaral Júnior, A.T. (2018) Water stress adaptation of popcorn roots and association with agronomic traits. *Genet Mol Res*. 17(3): gmr18078.
- Kimati, H., Amorim, L., Rezende, J.A.M., Bergamim Filho, A., Camargo, L.E.A. (2005) *Manual de Fitopatologia, Vol II*. São Paulo: Agrônômica Ceres 663p.
- Kurosawa, R.N.F., Vivas, M., Amaral, A.T., Ribeiro, R.M., Miranda, S.B., Pena, G.F., Leite, J.T., Mora, F. (2017) Popcorn germplasm resistance to fungal diseases caused by *Exserohilum turcicum* and *Bipolaris maydis*. *Bragantia*, 77:36-47.
- Lima, V.J. De., Kamphorst, S.H., Pena, G.F., Leite, J.T., Vittorazzi, C., Filho,

- J.E.D.A., Mora, F. (2016) Combining ability of S3 progenies for key agronomic traits in popcorn : comparison of testers in top-crosses. *Genet Mol Res.* 15(4): gmr15049319.
- Lima, L.M., Pozza, E.A., Torres, H.N., Pozza, A.A.A., Salgado, M., Pfenning, L.H. (2010) Relação nitrogênio/potássio com mancha de Phoma e nutrição de mudas de cafeeiro em solução nutritiva. *Trop Plant Pathol.* 35:223-228.
- Lima, R., Borém, A. (2018) *Melhoramento de Milho*. Editora UF. Viçosa - MG 1-396p.
- Machado, J.A., Moreira Filho, C.A., Metidieri, F.T. (1993) Doenças em milho: situação atual, estratégias e recomendações. *EMBRAPA/CNPMS* 20.
- Mafra, G.S., Amaral Junior, A.T., Vivas, M., Santos, J.S. dos., Silva, F.H. de L. e., Guimarães, A.G., Pena, G.F. (2018) The combining ability of popcorn S7 lines for Puccinia polysora resistance purposes. *Bragantia* 77: 519-526.
- Manarini, T. (2012) Pipoca: ela arrebenta!: <http://liessin.com.br/documentos/materias/Pipoca.pdf>. em 18/09/2017
- Manfroi, E., Langhinotti, C., Danelli, A., Parise, G. (2016) Controle químico de doenças foliares e rendimento de grãos na cultura do milho. *Rev Bras Milho e Sorgo*, 15:357-365.
- Matiello, R.R., Barbieri, R.L., Carvalho, F.I.F. (1997) Resistência das plantas a moléstias fúngicas. *Ciência Rural*, 27:161-168.
- Matzinger, D.F. (1953) Comparison of three types of testers for the evaluation of inbred lines of corn. *Agron J.* 45:493-495.
- Mbeyagala, E.K., Bisikwa, J., Tukamuhabwa, P., Mukasa, S.B. (2018) Trait association and stability of virus resistance among cowpea genotypes in uganda. *Crop African Soc Sci.* 26:259-275.
- Miranda Filho, J.B., Parterniani, E., Viegas, G.P. (1987) *Melhoramento e produção de milho*. 2.ed.
- Mowers, R.P., Nyhus, K.A., Tragesser, S.L., Foster, D.J. (2018) Doubled haploid

- testcross design for predicting corn hybrid performance using molecular markers. *Crop Science Society Am.* 58:521-528.
- Neves, D.L., Bradley, C.A. (2019) Baseline sensitivity of *Cercospora zeaе-maydis* to pydiflumetofen, a new succinate dehydrogenase inhibitor fungicide. *Crop Prot.* 19:177-179.
- Nui, Z., Jiang, A., Hammad, W.A., Oladzadabbasabadi, A., Xu, S.S., Mergoum, M., Elias, E.M. (2014) Review of doubled haploid production in durum and common wheat through wheat x maize hybridization. *Plant Breed.* 133:313-320.
- Oliveira, T.R.A. de., Gravina, G. de A., Oliveira, G.H.F. de., Araújo, K.C., Araújo, L.C. de., Daher, R.F., Vivas, M., Gravina, L.M., Cruz, D.P. da. (2018) The GT biplot analysis of green bean traits. *Ciência Rural* 48(6): e20170757.
- Oz, A., Halil, K. (2011) Determination of grain yield, some yield and quality traits of promising hybrid popcorn genotypes. *Turkish J F Crop.* 16:233-238.
- Pacheco, C.A.P., Gama, E.G.G., Parentoni, S.N., Santos, M.X., Lopes, M.A., Ferreira, A.S., Fernandes, F.T., Guimarães, P.E.O., Correa, L.A., Meirelles, W.F., Feldman, R.O., Magnavaca, R. (2001) BRS Angela - Variedade de milho-pipoca. Sete Lagoas.
- Parlevliet, J.E. (1979) Components of resistance that reduce the rate of epidemic development. *Annu Rev Phytopathol*, 17:203-222.
- Paterniani, E., Miranda Filho, J.B. (1987) Melhoramento e produção de milho. *Embrapa Agrobiol* 2:411-795.
- Pena, G.F., Teixeira, A., Simões, L., Gonçalves, A., Vivas, M., Ribeiro, R.M., Mafra, G.S., Santos, A., Scapim, C.A. (2016) Comparison of testers in the selection of S3 families obtained from the UENF-14 variety of popcorn. *Bragantia*, 75:135-144.
- Pinho, R.G.V., Ramalho, M.A.P., Silva, H.P., Resende, I.C., Pozar, G. (1999) Danos causados pelas ferrugens polissora e tropical do milho. *Fitopatol Bras.* 24:400-409.
- Pinho, R.G.V., Brugnera, A., Pacheco, C.A.P., Gomes, M. de S. (2003) Estabilidade

- de cultivares de milho-pipoca em diferentes ambientes, no estado de minas gerais. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 2:53-61.
- Reid, L.M., Zhu, X., Wu, J., Jindal, K.K., Woldemariam, T., Voloaca, C. (2017) Common rust-resistant corn inbred lines CO457, CO458, CO459, and CO460. *Cultiv Descr.* 364:356-364.
- Reis, E.M., Casa, R.T., Bresolin, A.C.R. (2004) *Manual de diagnose e controle de doenças do milho*. Lages: Graphel. 144p.
- Ribeiro Junior, M.R., Gericó, T.G., Canaver, A.B., Rodrigues, A.B. (2015) Levantamento de doenças na cultura do milho (*Zea mays*) cultivado após sucessivos anos de plantio de pastagem na região de marília-sp diseases. *Unimar Ciências*, 24:54-58.
- Ribeiro, R.M., Amaral Júnior, A.T., Pena, G.F., Vivas, M., Kurosawa, R.N., Gonçalves, L.S.A. (2016) History of northern corn leaf blight disease in the seventh cycle of recurrent selection of an UENF-14 popcorn population. *Acta Sci - Agron.* 38:447-455.
- Sabato, E.O., Teixeira, F.F. (2015) Processos para avaliação da resistência genética de genótipos de milho aos enfezamentos causados por mollicutes. 210 *Circ Técnica* 1: 8.
- Saito, B.C., Silva, L.Q., Andrade, J.A. da C., Goodman, M.M. (2018) Adaptability and stability of corn inbred lines regarding resistance to gray leaf spot and northern leaf blight. *Crop Breed Appl Biotechnol*, 18:148-154.
- Santos, A. dos., Amaral Júnior, A.T. do., Kurosawa, R. do N.F., Gerhardt, I.F.S., Fritsche Neto, R., Santos, A. dos., Amaral Júnior, A.T. do., Kurosawa, R. do N.F., Gerhardt, I.F.S., Fritsche Neto, R. (2017a) GGE Biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. *Ciência e Agrotecnologia*, 41:22-31.
- Santos, J.S., Amaral Júnior, A.T., Vivas, M., Mafra, G.S., Pena, G.F., Silva, F.H.L., Guimarães, A.G. (2017b) Genetic control and combining ability of agronomic attributes and northern leaf blight-related attributes in popcorn. *Genet Mol Res.* 16:1-11.

- Santos, J.S., Teixeira, A., Amaral, D.O., Vivas, M., Vivas, J.M.S., Nascimento, R., Kurosawa, F., Felipe, S. (2016) Características culturais e patológicas de *Bipolaris maydis* em diferentes meios de cultura. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 15(3):461-469.
- Santos, M.X.D., Pollak, L.M., Carvalho, H.W.L.D., Pacheco, C.A.P., Guimarães, P.E.D.O., Andrade, R.V.D. (2001) Heterotic responses of tropical elite maize accessions from latin america. *Sci Agric* 58:767-775.
- Sawazaki, E. (2001) A cultura do milho-pipoca no Brasil. *O Agrônomo* 53: 11-13.
- Sawazaki, E. (1996) Parâmetros genéticos em milho pipoca (*Zea mays* L.). Tese (Doutorado em Agronomia) - Piracicaba- SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - USP, 157p.
- Sawazaki, E., Paterniani, M.E.A.Z., Galvão, J.C.C., Miranda, G. V. (2004) Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: *Tecnologias de produção do milho*, ed. da UFV. Viçosa: p. 13-53.
- Schuelter, A.R., Regina, I., Souza, P.D.E., Tavares, F., Xavier, M., Santos, D.O.S., Oliveira, E.D.E., Guimarães, C.T. (2003) Phaeosphaeria genetic control of maize resistance to phaeosphaeria. *Rev Bras Milho e Sorgo* 2:80-86.
- Schwantes, I.A., do Amaral Júnior, A.T., Gerhardt, I.F.S., Vivas, M., de Lima e Silva, F.H., Kamphorst, S.H. (2017) Diallel analysis of resistance to Fusarium ear rot in Brazilian popcorn genotypes. *Trop Plant Pathol*. 42:70-75.
- Sharma, R.C., Duveiller, E. (2007) Advancement toward New Spot Blotch Resistant Wheats in South Asia. *Crop Sci*. 47:961-968.
- Shull, G.H. (1909) A pure-line method in corn breeding. *J Hered*. 1:51-58.
- 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. *Sci Agric*. 58:777-783.
- Silva, W.J., Vidal, B.C., Martins, M.E.Q., Vargas, H., Pereira, A.C., Zerbetto, M., Miranda, L.C.. (1993) What makes popcorn ?. *Nature*, 362:417.

- Silveira, F.T., Moro, J.R. (2009) Utilização de linhagens parcialmente endogâmicas S3 para a obtenção de híbridos simples de milho. *Rev Biociências*, 15:147-152.
- Souza Junior, R.C.L. (2001) Melhoramento de espécies alógamas. *In: Recursos genéticos e melhoramento de plantas*. Rondonópolis: p. 159–199.
- Souza Sobrinho, F. (2001) Divergência genética de híbrido simples e alternativa para obtenção de híbrido duplo de milho. Tese (Genética e melhoramento de Plantas) - Lavras-Mg, Universidade Federal de Lavras-UFLA, 96p.
- Tamirat, T., ALAMEREW, S., Wegary, D., Menamo, T. (2014) Test cross mean performance and combining ability study of elite lowland maize (*Zea mays* L.) inbred lines at melkassa, Ethiopia. *Adv Crop Sci Techonology*, 2:1-9.
- Teixeira, F.F., Portugal, A.F., Oliveira, M.S., Dagma Dionísia Silva, D., Guimarães, L. Jose M., Guimarães, P.E. de O., Parentoni, S.N. (2017) Maize pre-breeding for resistance to white spot and polysora rust. *Rev Bras Milho e Sorgo*, 2:273-286.
- Tomazela, A.L., Favarin, J.L., Fancelli, A.L., Martin, T.N., Dourado Neto, D., Reis, A.R. (2006) Doses de nitrogênio e fontes de Cu e Mn suplementar sobre a severidade da ferrugem e atributos morfológicos do milho. *Rev Bras Milho e Sorgo* 5:192-201.
- Troyer, A.F., Wellin, E.J. (2009) Heterosis decreasing in hybrids: yield test inbreds. *Crop Sci*. 49:1969-1976.
- Valente, S.M.F., Viana, J.M.S., Resende, M.D.V. De., Silva, F.F. e., Lopes, M.T.G. (2016) Seleção genômica para melhoramento vegetal com diferentes estruturas populacionais. *Pesqui Agropecu Bras*. 11:1857-1867.
- Vanderplank, J.C. (1975) *Principles of plant infection*. New York: Academic Press, 216p.
- Vanderplank, J.E. (1968) *Disease Resistance in Plants*. New York: Academic Press, 206p.
- Vencovsky, R., Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496p.

- Vieira, R.A., Mesquini, R.M., Silva, C.N., Hata, F.T., Tessmann, D.J., Scapim, C.A. (2013) A new diagrammatic scale for the assessment of northern corn leaf blight. *Crop Prot* 56:55-57.
- Vieira, R.A., Rodovalho, M. de A., Scapim, R.A., Rodovalho, M. de A., Scapim, C.A., Tessmann, D.J., do Amaral Júnior, A.T., Bignotto, L.S. (2009) Desempenho agrônômico de novos híbridos de milho-pipoca no Noroeste do Estado do Paraná. *Acta Sci - Agron.* 31:29-36.
- Vittorazzi, C., Júnior, A.T. do A., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Silva, T.R. da C. (2013) Seleção de pré-cultivares de milho-pipoca baseado em índices não-paramétricos. *Rev Ciência Agronômica*, 44:356-362.
- Weatherwax, P. (1922) *Popping of corn*. New York, USA 199-253p.
- Yan, W., Frégeau-Reid, J. (2018) Genotype by Yield Trait (GYT) Biplot: A novel approach for genotype selection based on multiple traits. *Sci Rep.* 8:1-10.
- Yang, R.C., Crossa, J., Cornelius, P.L., Burgueño, J. (2009) Biplot analysis of genotype x environment interaction: Proceed with caution. *Crop Sci.* 49:1564-1576.
- Zhou, G., Hao, D., Mao, Y., Zhu, Q., Chen, G., Lu, H., Shi, M., Huang, X., Zhang, Z., Zhao, J., Xue, L. (2018) Identification of genetic loci conferring partial resistance to southern corn rust through a genome-wide association study. *Plant Pathol.* 150:1083-1090.
- Ziegler, K.E., Ashman, B. (1994) Popcorn. In: Hallauer, A. *Specialty corns Iowa*: CRC Press, p. 189-223.
- Zinsly, J.R., Machado, J.A. (1987) Milho-pipoca. In: Paterniani, E. Viegas, G. (org) *Melhoramento e produção do milho*: Campinas - SP: Fundação Cargil. (ed) p. 413-421.

APÊNDICES

Tabela suplementar 1. Estimativas das médias das características agrônômicas dos 75 híbridos de milho-pipoca.

Genótipos	RG		CE		VP	
	Médias		Médias		Médias	
L681 x PARA172	4312.50	cdefghijklmnop	16.89	qrstuvxzAB	72.77	lmnopqrstuvx
L682 x PARA172	5231.67	abc	10.85	CDE	56.68	rstuvx
L683 x PARA172	3529.17	lmnopqrs	19.58	nopqrstu	68.90	mnopqrstuvx
L684 x PARA172	4195.83	cdefghijklmnopq	13.61	xzABCDE	57.83	rstuvx
L685 x PARA172	5671.67	ab	16.06	stuvxzAB	91.45	hijklmnopq
L686 x PARA172	4603.33	bcdefghijklm	10.17	E	46.47	vx
L688 x PARA172	5024.17	abcde	19.47	nopqrstu	97.69	fghijklm
L689 x PARA 172	5136.67	abcd	14.73	uvxzABCDE	75.69	klmnopqrstuvx
L691 x PARA172	5107.50	abcd	16.71	rstuvxzAB	85.36	ijklmnopqr
L692 x PARA172	4503.33	bcdefghijklmn	12.89	zABCDE	57.79	rstuvx
L693 x PARA172	5106.67	abcd	10.78	DE	54.71	rstuvx
L694 x PARA172	4892.50	abcdefgh	16.22	stuvxzAB	78.33	jklmnopqrstu
L695 x PARA172	5907.50	a	12.06	ABCDE	71.04	lmnopqrstuvx
L696 x PARA172	3393.33	nopqrs	12.89	zABCDE	44.95	x
L204 x PARA172	5111.67	abcd	15.78	tuvxzABCD	80.41	ijklmnopqrstu
L681 x L270	3730.83	hijklmnopqrs	17.17	qrstuvxzA	63.79	pqrstuvx
L682 x L270	4722.50	bcdefghijk	15.63	tuvxzABCD	74.30	klmnopqrstuvx
L683 x L270	4282.50	cdefghijklmnop	15.67	tuvxzABCD	67.09	mnopqrstuvx
L684 x L270	3772.50	ghijklmnopqrs	16.89	qrstuvxzAB	62.88	qrstuvx
L685 x L270	4916.67	abcdefg	20.39	mnopqrst	100.04	efghijkl
L686 x L270	4656.67	bcdefghijkl	14.28	vxzABCDE	66.51	nopqrstuvx
L688 x L270	3588.33	klmnopqrs	21.00	lmnopqrs	75.92	klmnopqrstuv
L689 x L270	4840.83	abcdefghij	22.50	klmnop	109.49	cdefghi
L691 x L270	3888.33	efghijklmnopqrs	18.56	pqrstuvx	72.03	lmnopqrstuvx
L692 x L270	4135.83	cdefghijklmnopq	14.06	vxzABCDE	58.08	rstuvx
L693 x L270	4193.33	cdefghijklmnopq	12.11	ABCDE	50.24	uvx
L694 x L270	3462.50	mnopqrs	24.33	hijklmn	83.89	ijklmnopqrs
L695 x L270	3660.00	jklmnopqrs	14.78	uvxzABCDE	53.59	stuvx
L696 x L270	4974.17	abcdef	14.28	vxzABCDE	71.18	lmnopqrstuvx
L204 x L270	3707.50	ijklmnopqrs	21.72	lmnopq	81.06	ijklmnopqrst
L681 x L651	4876.67	abcdefghi	15.17	uvxzABCDE	73.29	klmnopqrstuvx
L682 x L651	4320.83	cdefghijklmnop	12.00	BCDE	51.95	tuvx
L683 x L651	3516.67	lmnopqrs	15.94	tuvxzABC	56.50	rstuvx
L684 x L651	3996.67	defghijklmnopqrs	14.28	vxzABCDE	57.10	rstuvx
L685 x L651	3737.50	ghijklmnopqrs	13.61	xzABCDE	50.07	uvx
L686 x L651	4330.83	cdefghijklmnop	12.22	zABCDE	52.88	tuvx
L688 x L651	4244.17	cdefghijklmnop	14.50	uvxzABCDE	61.33	qrstuvx
L686 x L51	4492.50	cdefghijklmn	18.56	pqrstuvx	82.53	ijklmnopqrst
L691 x L651	4407.50	cdefghijklmn	16.11	stuvxzAB	70.96	lmnopqrstuvx
L692 x L651	4329.17	cdefghijklmnop	12.44	zABCDE	53.85	stuvx
L204 x L651	4303.33	cdefghijklmnop	14.21	vxzABCDE	61.08	qrstuvx
L694 x L651	3158.33	pqrs	21.39	lmnopqr	67.42	mnopqrstuvx
L695 x L651	4325.83	cdefghijklmnop	15.00	uvxzABCDE	64.98	opqrstuvx
L681 x L651	5047.50	abcde	18.78	pqrstuv	94.65	ghijklmno
L693 x L651	4451.67	cdefghijklmn	17.28	qrstuvxz	76.90	klmnopqrstuv
L681 x P1	4610.83	bcdefghijklm	35.56	abc	163.92	a
L682 x P1	4055.00	cdefghijklmnopqr	23.00	jklmnop	93.98	ghijklmnop
L683 x P1	3996.67	defghijklmnopqrs	33.56	abcd	133.95	bc
L684 x P1	3519.17	lmnopqrs	29.50	defg	103.82	defghijk
L681 x P1	3042.50	qrs	35.63	abc	108.48	cdefghij
L692 x P1	4000.00	defghijklmnopqrs	22.61	jklmnop	90.46	hijklmnopq
L688 x P1	3700.00	ijklmnopqrs	36.67	ab	135.45	bc
L689 x P1	3585.83	klmnopqrs	35.72	abc	128.39	bcde
L691 x P1	2833.33	s	35.56	abc	100.94	efghijkl

Tabela suplementar 1. Cont.

Genótipos	RG		CE		VP	
	Médias		Médias		Médias	
L692 x P1	4180.83	cdefghijklmnopq	22.89	ijklmnop	95.74	fghijklmn
L693 x P1	3696.67	ijklmnopqrs	32.00	bcde	118.62	bcdefgh
L694 x P1	3175.00	pqrs	38.17	a	122.31	bcdefg
L695 x P1	3495.83	lmnopqrs	27.50	efghij	95.33	fghijklmno
L696 x P1	3664.17	ijklmnopqrs	24.61	hijklm	90.30	hijklmnopq
L204 x P1	3390.83	nopqrs	29.78	defg	101.64	efghijkl
L681 x L70	3981.67	defghijklmnopqrs	33.33	bcd	132.77	bcd
L682 x L70	5096.67	abcd	25.72	fghijkl	131.28	bcd
L683 x L70	3488.33	lmnopqrs	31.28	cde	108.42	cdefghij
L684 x L70	3548.33	klmnopqrs	22.61	ijklmnop	80.37	ijklmnopqrstu
L685 x L70	4603.33	bcdefghijklm	27.94	efghi	129.25	bcde
L688 x L70	3807.50	fghijklmnopqrs	23.78	hijklmno	90.25	hijklmnopq
L684 x L70	4311.67	cdefghijklmnop	25.11	ghijklm	108.46	cdefghij
L688 x L70	4373.33	cdefghijklmno	28.50	efgh	124.90	bcdef
L691 x L70	3224.17	opqrs	29.94	def	97.12	fghijklmn
L692 x L70	3039.17	qrs	19.17	opqrstuv	57.48	rstuvx
L693 x L70	3441.67	mnopqrs	24.39	hijklmn	83.68	ijklmnopqrs
L694 x L70	4905.83	abcdefgh	27.28	efghijk	134.38	bc
L695 x L70	2905.00	rs	23.50	ijklmnop	68.11	mnopqrstuvx
L696 x L70	3638.33	klmnopqrs	21.67	lmnopqr	79.57	ijklmnopqrstu
L204 x L70	4325.83	cdefghijklmnop	33.22	bcd	143.59	ab

Médias seguidas pelas mesmas letras na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Duncan, em 5% de probabilidade. RG: rendimento de grãos; CE: capacidade de expansão; VP: volume de pipoca expandida por hectare.

Tabela suplementar 2. Estimativas das médias de incidência a ferrugem-polissora e helmintosporiose dos 75 híbridos de milho-pipoca.

Genótipos	IPp		IBm		IEt	
	Médias		Médias		Médias	
L681 x PARA172	6.83	efgh	36.67	cdefgh	2.00	de
L682 x PARA172	7.50	efgh	36.67	cdefgh	2.00	de
L683 x PARA172	15.00	cdefgh	13.33	kl	2.00	de
L684 x PARA172	18.50	bcdefgh	16.67	ijkl	0.33	e
L685 x PARA172	8.33	efgh	20.00	hijkl	2.00	de
L686 x PARA172	23.33	abcdefgh	23.33	ghijkl	2.00	de
L688 x PARA172	30.00	abcdefg	23.33	ghijkl	2.00	de
L689 x PARA 172	30.00	abcdefg	33.33	defghij	3.50	cde
L691 x PARA172	16.67	bcdefgh	15.00	jkl	0.50	e
L692 x PARA172	11.67	defgh	20.00	hijkl	10.17	bcde
L693 x PARA172	23.33	abcdefgh	33.33	defghij	8.33	bcde
L694 x PARA172	26.67	abcdefgh	36.67	cdefgh	3.67	cde
L695 x PARA172	36.67	abcd	20.00	hijkl	2.00	de
L696 x PARA172	13.33	cdefgh	8.67	l	2.00	de
L204 x PARA172	11.83	cdefgh	13.50	kl	0.50	e
L681 x L270	8.50	defgh	36.67	cdefgh	10.17	bcde
L682 x L270	0.50	h	50.00	abcd	11.67	bcd
L683 x L270	25.00	abcdefgh	15.00	jkl	5.17	cde
L684 x L270	5.00	gh	20.00	hijkl	0.50	e
L685 x L270	3.67	gh	10.00	l	0.50	e
L686 x L270	5.17	fgh	33.33	defghij	3.50	cde
L688 x L270	3.50	gh	16.67	ijkl	2.00	de
L689 x L270	13.50	cdefgh	36.67	cdefgh	3.67	cde
L691 x L270	13.50	cdefgh	16.67	ijkl	0.33	e
L692 x L270	7.00	efgh	33.33	defghij	23.33	a
L693 x L270	13.50	cdefgh	30.00	efghijk	8.33	bcde
L694 x L270	43.33	ab	26.67	fghijkl	23.33	a
L695 x L270	36.67	abcd	20.00	hijkl	0.50	e
L696 x L270	6.67	efgh	11.67	kl	13.50	bc
L204 x L270	20.17	abcdefgh	10.00	l	7.00	cde
L681 x L651	10.17	defgh	46.67	abcde	2.00	de
L682 x L651	16.67	bcdefgh	43.33	abcdef	2.00	de
L683 x L651	13.33	cdefgh	40.00	bcdefg	3.50	cde
L684 x L651	26.67	abcdefgh	43.33	abcdef	0.50	e
L685 x L651	16.67	bcdefgh	33.33	defghij	0.50	e
L686 x L651	23.33	abcdefgh	56.67	ab	2.00	de
L688 x L651	26.67	abcdefgh	33.33	defghij	2.00	de
L686 x L51	36.67	abcd	43.33	abcdef	5.17	cde
L691 x L651	23.50	abcdefgh	33.33	defghij	0.50	e
L692 x L651	20.00	abcdefgh	50.00	abcd	3.67	cde
L204 x L651	23.50	abcdefgh	60.00	a	3.50	cde
L694 x L651	28.33	abcdefgh	34.67	cdefghi	3.67	cde
L695 x L651	46.67	a	36.67	cdefgh	0.50	e
L681 x L651	13.67	cdefgh	33.33	defghij	0.50	e
L693 x L651	20.17	abcdefgh	33.33	defghij	0.50	e
L681 x P1	10.33	defgh	36.67	cdefgh	2.00	de
L682 x P1	16.83	bcdefgh	53.33	abc	6.83	cde
L683 x P1	11.83	cdefgh	13.33	kl	2.00	de
L684 x P1	26.83	abcdefgh	21.67	ghijkl	0.50	e
L681 x P1	13.50	cdefgh	16.67	ijkl	0.50	e
L692 x P1	15.17	cdefgh	46.67	abcde	8.50	bcde
L688 x P1	3.33	gh	33.33	defghij	6.83	cde
L689 x P1	36.67	abcd	26.67	fghijkl	2.00	de
L691 x P1	16.67	bcdefgh	11.67	kl	3.50	cde
L692 x P1	26.67	abcdefgh	46.67	abcde	3.50	cde

Tabela suplementar 2. Cont.

Genótipos	IPp	IBm	IEt			
	Médias		Médias		Médias	
L693 x P1	20.00	abcdefgh	43.33	abcdef	3.50	cde
L694 x P1	33.33	abcdef	46.67	abcde	8.50	bcde
L695 x P1	40.00	abc	33.33	defghij	2.00	de
L696 x P1	5.17	fgh	20.00	hijkl	2.00	de
L204 x P1	13.50	cdefgh	26.67	fghijkl	6.83	cde
L681 x L70	5.17	fgh	40.00	bcdefg	5.00	cde
L682 x L70	2.00	gh	30.00	efghijk	3.67	cde
L683 x L70	13.50	cdefgh	20.00	hijkl	0.50	e
L684 x L70	1.83	gh	33.33	defghij	2.00	de
L685 x L70	5.17	fgh	20.00	hijkl	3.50	cde
L688 x L70	11.67	defgh	36.67	cdefgh	2.00	cde
L684 x L70	20.00	abcdefgh	26.67	fghijkl	2.00	de
L688 x L70	20.00	abcdefgh	26.67	fghijkl	2.00	de
L691 x L70	30.00	abcdefg	16.67	ijkl	3.67	cde
L692 x L70	23.50	abcdefgh	26.67	fghijkl	18.33	ab
L693 x L70	33.50	abcde	30.00	efghijk	8.50	bcde
L694 x L70	46.67	a	30.00	efghijk	2.00	de
L695 x L70	40.00	abc	20.00	hijkl	2.00	de
L696 x L70	10.00	defgh	10.00	l	6.83	cde
L204 x L70	33.33	abcdef	20.00	hijkl	3.67	cde

Médias seguidas pelas mesmas letras na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Duncan, em 5% de probabilidade. IPp: incidência de *Puccinia polysora*; IBm: incidência de *Bipolaris maydis*; IEt: incidência de *Exserohilum turcicu*.

Tabela suplementar 3. Estimativas das médias de incidência a ferrugem-polissora e helmintosporiose dos 75 híbridos de milho-pipoca.

Genótipos	SPp		SBm		SEt	
	Médias		Médias		Médias	
L681 x PARA172	5.00	defghij	7.22	abcd	0.28	d
L682 x PARA172	4.17	fghij	13.61	abcd	0.56	d
L683 x PARA172	5.56	defghij	5.50	abcd	0.56	d
L684 x PARA172	7.50	bcdefghi	6.94	abcd	0.11	d
L685 x PARA172	3.06	hij	5.44	abcd	0.28	d
L686 x PARA172	6.94	bcdefghij	12.28	abcd	0.00	d
L688 x PARA172	6.50	cdefghij	2.44	bcd	0.11	d
L689 x PARA 172	6.39	cdefghij	0.83	cd	0.11	d
L691 x PARA172	4.44	efghij	1.56	bcd	0.00	d
L692 x PARA172	8.33	bcdefgh	8.33	abcd	1.06	d
L693 x PARA172	6.94	bcdefghij	12.94	abcd	1.33	d
L694 x PARA172	5.28	defghij	3.61	abcd	0.22	d
L695 x PARA172	10.00	abcde	6.33	abcd	0.00	d
L696 x PARA172	3.33	ghij	3.94	abcd	0.00	d
L204 x PARA172	4.28	fghij	13.22	abcd	0.00	d
L681 x L270	6.11	cdefghij	2.50	bcd	3.89	cd
L682 x L270	3.72	ghij	12.44	abcd	5.28	bcd
L683 x L270	3.61	ghij	4.72	abcd	0.11	d
L684 x L270	8.33	bcdefgh	4.00	abcd	0.39	d
L685 x L270	1.94	j	2.39	bcd	0.00	d
L686 x L270	5.28	defghij	6.11	abcd	0.83	d
L688 x L270	4.44	efghij	16.67	abc	0.22	d
L689 x L270	5.56	defghij	12.11	abcd	0.22	d
L691 x L270	4.72	defghij	15.67	abcd	0.39	d
L692 x L270	4.11	fghij	3.89	abcd	5.44	bcd
L693 x L270	7.78	bcdefghi	14.17	abcd	10.00	ab
L694 x L270	8.61	bcdefgh	12.78	abcd	9.83	ab
L695 x L270	6.94	bcdefghij	0.50	d	0.22	d
L696 x L270	2.50	ij	2.44	bcd	0.39	d
L204 x L270	4.17	fghij	12.28	abcd	0.00	d
L681 x L651	8.33	bcdefgh	3.50	abcd	0.00	d
L682 x L651	10.00	abcde	4.22	abcd	4.00	cd
L683 x L651	6.39	cdefghij	6.11	abcd	0.83	d
L684 x L651	8.89	bcdefg	3.11	bcd	0.00	d
L685 x L651	5.83	defghij	5.83	abcd	0.00	d
L686 x L651	8.89	bcdefg	4.83	abcd	0.00	d
L688 x L651	6.11	cdefghij	11.44	abcd	0.22	d
L686 x L51	8.06	bcdefghi	12.78	abcd	0.11	d
L691 x L651	6.39	cdefghij	9.72	abcd	0.00	d
L692 x L651	14.72	a	4.50	abcd	1.28	d
L204 x L651	9.44	bcdef	2.44	bcd	1.67	cd
L694 x L651	8.33	bcdefgh	19.28	a	0.28	d
L695 x L651	10.00	abcde	2.61	bcd	0.00	d
L681 x L651	5.00	defghij	15.78	abcd	0.00	d
L693 x L651	5.56	defghij	1.89	bcd	0.11	d
L681 x P1	7.50	bcdefghi	7.28	abcd	1.61	cd
L682 x P1	5.56	defghij	6.00	abcd	1.06	d
L683 x P1	10.00	abcde	8.06	abcd	1.67	cd
L684 x P1	6.11	cdefghij	7.06	abcd	0.83	d
L681 x P1	3.61	ghij	4.61	abcd	0.00	d
L692 x P1	8.61	bcdefgh	11.78	abcd	0.22	d
L688 x P1	5.00	defghij	5.67	abcd	0.00	d
L689 x P1	14.72	a	9.61	abcd	1.22	d

Tabela suplementar 3. Cont.

Genótipos	SPp		SBm		SEt	
	Médias		Médias		Médias	
L691 x P1	7.78	bcdefghi	4.61	abcd	0.11	d
L692 x P1	6.94	bcdefghij	7.94	abcd	0.11	d
L693 x P1	7.22	bcdefghij	2.44	bcd	0.83	d
L694 x P1	11.39	abc	9.06	abcd	6.72	abc
L695 x P1	12.22	ab	11.83	abcd	0.00	d
L696 x P1	5.00	defghij	10.83	abcd	0.22	d
L204 x P1	9.44	bcdef	1.33	cd	0.28	d
L681 x L70	8.89	bcdefg	10.28	abcd	0.44	d
L682 x L70	4.44	efghij	6.17	abcd	2.56	cd
L683 x L70	7.50	bcdefghi	4.28	abcd	0.44	d
L684 x L70	6.11	cdefghij	4.94	abcd	0.00	d
L685 x L70	4.72	defghij	3.50	abcd	0.11	d
L688 x L70	8.06	bcdefghi	17.50	ab	0.72	d
L684 x L70	6.67	cdefghij	8.06	abcd	0.00	d
L688 x L70	8.61	bcdefgh	8.61	abcd	0.22	d
L691 x L70	7.50	bcdefghi	7.50	abcd	0.11	d
L692 x L70	7.78	bcdefghi	9.61	abcd	11.39	a
L693 x L70	7.78	bcdefghi	11.00	abcd	0.22	d
L694 x L70	8.89	bcdefg	3.44	abcd	0.28	d
L695 x L70	10.28	abcd	7.78	abcd	0.39	d
L696 x L70	4.39	fghij	1.50	cd	0.00	d
L204 x L70	8.06	bcdefghi	9.78	abcd	0.11	d

Médias seguidas pelas mesmas letras na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Duncan, em 5% de probabilidade. SPp: severidade de *Puccinia polysora*; SBm: severidade de *Bipolaris maydis*; e SEt: severidade de *Exserohilum turcicum*.