

REAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA A *Exserohilum turcicum*
E *Bipolaris maydis* SOB DOIS NÍVEIS DE ADUBAÇÃO COM
NITROGÊNIO

RYSLEY FERNANDES DE SOUZA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY
RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MARÇO – 2021

REAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA A *Exserohilum turcicum*
E *Bipolaris maydis* SOB DOIS NÍVEIS DE ADUBAÇÃO COM
NITROGÊNIO

RYSLEY FERNANDES DE SOUZA

“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. Silvaldo Felipe da Silveira

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MARÇO – 2021

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S729

Souza, Rysley Fernandes de.

REAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA A *Exserohilum turcicum* E *Bipolaris maydis* SOB DOIS NÍVEIS DE ADUBAÇÃO COM NITROGÊNIO / Rysley Fernandes de Souza. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

78 f. : il.

Bibliografia: 51 - 62.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2021.
Orientador: Silvaldo Felipe da Silveira.

1. Resistência genética. 2. Efeitos gênicos. 3. Adubação nitrogenada. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

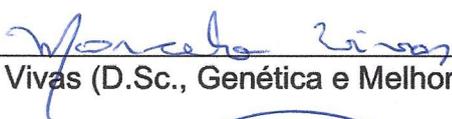
REAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA A *Exserohilum turcicum*
E *Bipolaris maydis* SOB DOIS NÍVEIS DE ADUBAÇÃO COM
NITROGÊNIO

RYSLEY FERNANDES DE SOUZA

“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 11 de março de 2021

Comissão examinadora:



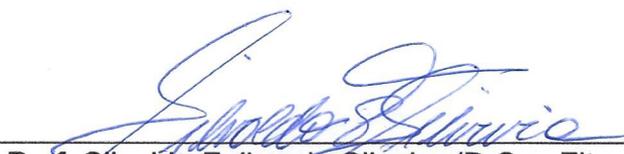
Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



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



Prof. Silvério de Paiva Freitas Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UFCA



Prof. Silvaldo Felipe da Silveira (D.Sc., Fitopatologia) - UENF
(Orientador)

DEDICATÓRIA

A DEUS!

Aos meus amados pais, Maria Joelma e Francisco Neto.

Aos meus queridos irmãos, Raidones Fernandes e Ranaria Fernandes.

À minha namorada, Luiza Antunes, especial companheira.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela sabedoria, força, paz e saúde. A minha maior referência de amor. Ele é presença constante e luz em minha vida e guia meus passos a trilhar pelos melhores caminhos!

À toda minha família pela força e confiança, ao passo que agradeço e também desejo, com todo amor, o melhor que a vida pode lhes oferecer. Cada um tem um lugar especial no meu coração, minha admiração e gratidão singular.

Aos amigos que me acompanharam até aqui e aos novos que encontrei nessa jornada e a todos que torceram e contribuíram direto e indiretamente com essa e outras conquistas alcançadas em minha vida, meu muito obrigado, vocês são muito especiais para mim.

Ao meu orientador, Professor Silvaldo Felipe da Silveira, pelos ensinamentos, pela confiança e orientação, pelo apoio e incentivo na minha formação e realização do presente trabalho.

Aos meus conselheiros, Professor Marcelo Vivas e Professor Antônio Teixeira do Amaral Júnior, pela contribuição no trabalho e na minha formação.

Ao Professor Silvério de Paiva Freitas Júnior, pela orientação na graduação, pela amizade e contribuição no presente trabalho.

Aos professores que participaram e contribuíram na minha formação inicial, vocês foram essenciais.

Aos professores da minha graduação em Agronomia, em especial, Prof.^a Dr^a. Marília Gabriela; Prof. Dr. Artur Medeiros e Prof. Dr. Lucas Luz e a todos os servidores da Universidade Federal do Cariri.

Aos professores da Pós-graduação, em especial, Prof. Dr. Messias Pereira; Prof.^a Dr^a. Telma Nair; Prof.^a Dr^a. Rosana Rodrigues; Prof.^a Dr^a. Helaine Ramos; Prof. Dr. Geraldo Gravina; Prof. Dr. Rogério Daher e Prof. Dr. Alexandre Pio Viana.

Aos servidores da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, em especial ao secretário José Daniel Valle de Almeida.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade e estrutura fornecida.

À Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ), pela concessão da bolsa de estudo e auxílio financeiro para realização da pesquisa.

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

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
2.1 Objetivo Geral	3
2.2 Objetivos Específicos.....	3
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	4
3.1 Origem e sistemática do milho-pipoca	4
3.2 Importância econômica e nutricional do milho-pipoca	5
3.3 Doenças foliares causadas por <i>Exserohilum turcicum</i> e <i>Bipolaris maydis</i>	6
3.4 Influência da adubação nitrogenada na interação planta-patógeno.....	8
4. MATERIAL E MÉTODOS	10
4.1 Área experimental.....	10
4.2 Material genético.....	10
4.3 Delineamento experimental e tratos culturais	12
4.4 Avaliações de doenças	13
4.5 Análises estatísticas.....	14
4.5.1 Análise de variância e teste de média	14
4.5.2 Análise dialélica.....	15
4.5.3 Parâmetros genéticos.....	16
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	18

5.1	Reação de milho-pipoca a mancha de bipolaris causada por <i>Bipolaris maydis</i>	18
5.1.1	Comparação de híbridos quanto a resistência a mancha de bipolaris.....	20
5.1.2	Análise dialélica de Griffing (1956) para mancha de bipolaris	23
5.1.3	Estimativas da capacidade geral de combinação para mancha de bipolaris	26
5.1.4	Estimativas da capacidade específica de combinação para mancha de bipolaris	28
5.1.5	Estimativas de heterose para mancha de bipolaris	31
5.2	Reação de milho-pipoca a mancha de turcicum causada por <i>Exserohilum turcicum</i>	34
5.2.1	Comparação de híbridos quanto a resistência a mancha de turcicum.....	36
5.2.2	Análise dialélica de Griffing (1956) para mancha de turcicum.....	39
5.2.3	Estimativas da capacidade geral de combinação para mancha de turcicum	42
5.2.4	Estimativas da capacidade específica de combinação para mancha de turcicum	44
5.2.5	Estimativas de heterose para mancha de turcicum	47
6.	CONCLUSÕES	50
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	51

RESUMO

SOUZA, Rysley Fernandes; M.Sc. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Março de 2021. Reação de híbridos de milho-pipoca a *Exserohilum turcicum* e *Bipolaris maydis* sob dois níveis de adubação com nitrogênio. Orientador: Prof. Silvaldo Felipe da Silveira. Conselheiros: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior e Prof. Marcelo Vivas.

O desenvolvimento de variedades geneticamente resistentes é o principal método de controle de doenças de plantas, especialmente em espécies como o milho, cujas características reprodutivas facilitam os cruzamentos e o melhoramento genético. Considerada de grande importância no mercado brasileiro, a cultura do milho-pipoca é muito suscetível a doenças foliares, notadamente às manchas foliares causadas por *Bipolaris maydis* e *Exserohilum turcicum*. Neste trabalho, objetivou-se avaliar 95 híbridos *testcrosses*, 15 linhagens S₇ e 6 testadores, a fim de identificar os genótipos superiores, bem como a ação dos efeitos gênicos para resistência às manchas foliares sob influência de adubação com nitrogênio (N) no solo. Foram conduzidos dois experimentos, um com híbridos e outro com genitores, sob duas condições contrastantes de disponibilidade de N, utilizando-se o delineamento de blocos casualizados com três repetições. No tocante as doenças, avaliou-se a incidência e a severidade dos sintomas da mancha de *bipolaris* (MB) e mancha de *turcicum* (MT) causadas, respectivamente, por *B. maydis* e *E. turcicum*, em duas avaliações, nos meses de novembro e dezembro de 2019. Os dados foram submetidos a análise de variância e ao agrupamento de médias pelo algoritmo Scott-Knott (1974), com significância a 1 % e 5 % de

probabilidade, pelo teste F. Também foi realizada análise dialélica de Griffing (1956) e estimado a heterose padrão. A adubação ou não com nitrogênio em cobertura alterou as estimativas das capacidades combinatórias dos genótipos, principalmente a capacidade específica de combinação. Os efeitos gênicos aditivos foram predominantes no controle da resistência a *B. maydis* e *E. turcicum* considerando os dois ambientes de N-contrastantes. A severidade denotou maiores estimativas de coeficiente de determinação genotípico (H^2), para *B. maydis* e *E. turcicum*, o que possibilita maiores ganhos na seleção de genótipos. As estimativas de heterose padrão complementaram as estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), auxiliando na seleção dos melhores híbridos e genitores. Para a mancha de bipolaris, o híbrido L683xL70 e os genitores L70 e L80 apresentam potencial uso em ambas condições de N-contrastantes. Para a mancha de turcicum, o híbrido L695xL80 e os genitores L75 e L80 representaram as melhores estimativas de resistência nas duas condições de adubação com nitrogênio.

ABSTRACT

SOUZA, Rysley Fernandes; M.Sc. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Março de 2021. Reaction of popcorn hybrids to *Exserohilum turcicum* and *Bipolaris maydis* under two levels of nitrogen fertilization. Advisor: Prof. Silvaldo Felipe da Silveira. Co-advisors: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior and Prof. Marcelo Vivas.

The growth of of genetically resistant varieties is the main method of controlling plant diseases in crops, especially in species such as corn, whose reproductive characteristics facilitate crossings and genetic improvement. The popcorn, is of great importance crop for the Brazilian market. However, the commercial popcorn varieties are, very susceptible to foliar diseases, especially leaf spots caused by *Bipolaris maydis* and *Exserohilum turcicum*. The objective of this work was to evaluate 95 testcrosses hybrids, 15 S₇ lines and 6 testers, in order to identify the superior genotypes, as well as the action of the genic effects for resistance to leaf spots, under the influence of nitrogen (N) fertilization in the soil. Two experiments were carried out, one with hybrids and the other with parents, and two contrasting conditions of N availability, using a randomized block design with three replications. Regarding diseases, the incidence and severity of symptoms of bipolaris spot (SB) and turcicum spot (ST) caused, respectively, by *B. maydis* and *E. turcicum* were evaluated two times, in 2019 November and 2019 December. The data were subjected to analysis of variance and grouping of means by the Scott-Knott algorithm (1974), with significance at 1% and 5% of probability, by the F test. Griffing's diallel analysis was also performed (1956) and the standart

heterosis estimated. The fertilization with or without nitrogen in topdressing altered the estimates of the combining abilities of the genotypes, mainly the specific combining ability. The additive gene effects were predominant in controlling resistance to *B. maydis* and *E. turcicum* considering the two contrast-N environments. Severity denoted higher estimates of genotypic determination coefficient (H^2) for *B. maydis* and *E. turcicum*, which allows greater gains in genotype selection. The standard heterosis estimates allowed the complementation for the estimates of the general combining ability (CGC) and specific combining ability (CEC), helping in the selection of the best hybrids and parents. For bipolaris spot, the hybrid L683 x L70 and the parents L70 and L80 have potential for use in both contrasting N conditions. While for turcicum spot, the hybrid L695xL80 and the parentes L75 and L80 represented the best resistance estimates in the two nitrogen fertilization conditions.

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca é um alimento muito apreciado pelo consumidor brasileiro, além do grão possuir alto valor agregado (Pena et al., 2012; Senhorinho et al., 2019). De acordo com um relatório publicado pela Allied Market Research, o mercado global de pipoca foi avaliado em US\$ 9.060 milhões em 2016 e está projetado para atingir US\$ 15.098 milhões até 2023 (Dawande, 2018). Os Estados Unidos da América lideram o ranking na produção de milho-pipoca, seguido pelo Brasil e Argentina (Blecher, 2019).

A produtividade de grãos e alta capacidade de expansão são as características mais importantes da cultura do milho-pipoca, atreladas a estas busca-se, ainda, menor altura de plantas e da inserção da primeira espiga, combinadas a resistência aos fatores bióticos e abióticos (Kurosawa et al., 2017; Oliveira et al., 2018; Amaral Junior et al., 2019). Em relação ao milho-comum, a produtividade média do milho-pipoca é menor e a produção ainda é mais ameaçada pela maior susceptibilidade a pragas e a doenças (Kurosawa et al., 2016). Os danos por doenças foliares em milho pipoca são significativos e dentre estas, destacam-se as helmintosporioses causadas pelos fungos *Bipolaris maydis* (Nisik.) Sapateiro (sin. *Helminthosporium maydis*) Nisik. & Myiake, e por *Exserohilum turcicum* (Pass.) K.J. (Leonard e Suggs) (sin. *Helminthosporium turcicum* Pass.) (Fantin et al., 1991; Reis, et al., 2004).

Para se defender de microrganismos patogênicos, as plantas possuem defesas pré-formadas ou podem ativar mecanismos de defesa. Em ambos os

casos, a reação dependerá de seu status nutricional (Bellincampi et al., 2014; Fagard et al., 2014). O crescimento, o “status” nutricional e a resposta a doenças em plantas constituem relações complexas e interdependentes (Walters e Heil, 2007). A deficiência nutricional, por sua vez, tende a debilitar o hospedeiro reduzindo suas respostas de defesa contra patógenos (Snoeijers et al., 2000). Fagard et al. (2014) descreveram que quando um patógeno entra em contato pela primeira vez com um hospedeiro, geralmente ele é ávido por nutrientes, de modo que a rápida assimilação dos nutrientes do hospedeiro é essencial para uma patogênese bem-sucedida. Por sua vez, a planta hospedeira pode realocar nutrientes como uma resposta de defesa ou reagir de modo hipersensível, matando suas próprias células ao redor do ponto de infecção, o que ocorre principalmente no caso de patógenos obrigatórios (biotróficos). O nitrogênio (N) é um dos nutrientes mais estudados quanto ao efeito na interação planta-patógeno.

O processo de patogenicidade dos fungos também pode ser alterado pela aplicação de nitrogênio. Apesar das capacidades de defesa aumentadas, a planta hospedeira pode não resistir ao aumento da virulência dos patógenos, a depender do tipo de adubo nitrogenado (Huang et al., 2017). No milho, a adubação nitrogenada em doses recomendadas para a cultura não apresentou efeito significativo, embora observou-se uma tendência em reduzir a contaminação de aflotoxinas em pré-colheita (Manoza et al., 2017).

Como para a cultura do milho comum, na cultura do milho-pipoca a utilização de cultivares resistentes é a principal medida de controle de doenças, tendo em vista a redução de custos com a produção, diminuição de riscos à atividade e a possíveis efeitos ecotoxicológicos decorrentes da aplicação de fungicidas (Vieira, 2009).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), por meio do Programa de Melhoramento de milho-pipoca, vem atuando no desenvolvimento de linhagens e híbridos de milho-pipoca, com a perspectiva de agregar características de resistência a doenças foliares e de alto desempenho agrônômico. Neste sentido, propõe-se nesta dissertação um estudo da interação da adubação nitrogenada na cultura do milho-pipoca com a resistência de genótipos em fase de melhoramento (genitores e híbridos) as doenças foliares mancha de *bipolaris* e mancha de *turcicum*.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Avaliar a resistência de híbridos de milho-pipoca e seus genitores a *Exserohilum turcicum* e *Bipolaris maydis*, sob condições contrastantes de disponibilidade de nitrogênio no solo, mediante adubação em cobertura.

2.2 Objetivos Específicos

- ✓ Verificar o efeito da adubação nitrogenada na resistência genética de milho-pipoca a *E. turcicum* e *B. maydis*
- ✓ Estimar as capacidades de combinação geral e específica, bem como identificar os efeitos gênicos envolvidos no controle da resistência genética às doenças causadas por *E. turcicum* e *B. maydis*
- ✓ Identificar e selecionar as combinações híbridas superiores quanto a resistência a *E. turcicum* e *B. maydis*, nas condições de campo, com e sem adubação de nitrogênio em cobertura no solo.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 Origem e sistemática do milho-pipoca

O milho-pipoca, (*Zea mays* L. var. *everta* - Poaceae, Panicoideae, tribo Maydeae) é caracterizado como uma planta de ciclo anual, de crescimento herbáceo e monoica, pertencente ao grupo das alógamas e diplóide ($2n=2x=20$) (Galinat, 1979; Tenaillon et al., 2004). Dentre outras características, comparando-se o milho-pipoca ao milho comum, o primeiro possui plantas prolíficas, mas com grãos menores, menor porte, colmos finos, um menor número de folhas e um sistema radicular superficial. Algumas dessas características podem estar associadas no milho-pipoca a maior suscetibilidade a pragas e doenças, acamamento e baixa tolerância à seca (Goodman e Smith, 1987; Sawazaki, 2001).

Os grãos do milho-pipoca têm variação de tamanho entre 0,5 a 1,0 cm, possuem formato redondo, chato ou pontiagudo e apresenta coloração entre rosa, creme, vermelha, roxa, azul e até preta, sendo mais comuns as cores branca e amarela (Zinsly e Machado, 1978). A principal diferença que distingue o milho-pipoca do milho comum é a capacidade de expansão dos grãos de milho-pipoca quando submetidos ao aquecimento (Larish e Brewbaker, 1999). O pipocamento consiste na expansão dos grãos produzindo os flocos da pipoca, brancos ou amarelos (Senhorinho et al., 2019). O aquecimento em torno de 180 °C leva ao rompimento do pericarpo e a expansão do endosperma, com a liberação de

vapores (Hoseney et al., 1983; Silva et al., 1993; Scapim et al., 2010; Ortega & Carril, 2014).

O milho-pipoca tem como centro de origem o continente americano, mais precisamente a América central, México e Antilhas, onde também estão localizados os centros de diversidade da espécie. Seus parentes silvestres mais próximos são o *Teosinte* (*Teosinte* ssp.) e o *Tripsacum* (*Tripsacum* ssp.) (Vavilov, 1951; Hallauer & Darrah, 1985). São várias as hipóteses que tentam explicar a origem evolutiva do milho, porém apenas três têm maior aceitação e consistência na comunidade científica. A primeira, sugerida por Weatherwax (1954), afirma que o milho, o *Teosinte* e o *Tripsacum* spp. originaram-se de um mesmo ancestral comum. A hipótese de Mangelsdorf (1974) defende a ideia de que o *Teosinte* tenha se originado do milho e sugere o próprio milho como antepassado da espécie. A terceira hipótese é defendida por Beadle (1978) e Galinat (1973,1977), é a mais aceita, sugere que o milho teria se originado de forma direta e unicamente do *Teosinte* por intermédio de intensa seleção praticada pelo homem.

3.2 Importância econômica e nutricional do milho-pipoca

O milho-pipoca é um alimento bastante consumido e apreciado no Brasil (Freitas Júnior et al., 2009; Amaral Júnior et al., 2013; Lima et al., 2016). Há dificuldades quando se buscam informações sobre a área plantada, produtividade e consumo de pipoca (Resh et al., 2015), tendo em vista que as empresas privadas detêm a maioria das informações em sigilo (Coan et al., 2018).

O grão do milho-pipoca é constituído majoritariamente por frações ricas em lipídios (óleo) e carboidratos (amido), proteínas, fibras e vitaminas do complexo B. O cereal apresenta grande potencial calórico, sendo rico em açúcares e gorduras (Sawazaki, 1996). O consumo diário da pipoca é indicado para ser incluído em dietas balanceadas, em razão dos teores de antioxidantes e de suas características nutricionais (Manarini, 2012). Os grãos de milho-pipoca são constituídos em média por 3,9 % de gorduras, 10,4 % de proteína, 22,9 % de fibras e 56,5 % de carboidratos, com valor energético 302,9 kcal/100g (Germani et al., 1997).

Em razão do aumento do consumo do milho-pipoca pela população, assim como em alguns segmentos do setor industrial, é indispensável a expansão

da área de cultivo da cultura, bem como o incremento de valores genéticos nas cultivares de milho-pipoca a fim de se atender à crescente demanda pelo produto (Amaral Júnior et al., 2016; Schwantes et al., 2018).

O cultivo da cultura não alcança maior expansão de áreas de plantio, por consequência da carência de opções de cultivares no mercado de sementes, sendo este o principal entrave enfrentado pelos agricultores que produzem ou que porventura tenham interesse em produzir milho-pipoca (Seifert et al., 2006; Ematné et al., 2012). Torna-se necessário a ampliação nos programas de melhoramento, com vista para o desenvolvimento e disponibilização de novas cultivares de milho-pipoca para os agricultores.

No Brasil, há poucos estudos precisando a produção nacional de milho-pipoca. Estimativas de mercado apontam o Estado do Mato Grosso (MT) como o maior produtor do país. Em 2018, a cultura ocupou área de 60.017 hectares e produziu 268,4 mil toneladas, para o ano de 2019 a área plantada foi de 66.986 hectares com produtividade de 289.667 toneladas, tendo um aumento de 11,61 % e 7,92 % em área e produtividade, respectivamente (Kist et al., 2019).

Atualmente, existem 133 cultivares de milho-pipoca registradas no Brasil junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Destas, 103 pertencem a empresas privadas e 30 foram desenvolvidas em instituições públicas, especialmente no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) (13) e na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) (17) (Brasil, 2021).

3.3 Doenças foliares causadas por *Exserohilum turcicum* e *Bipolaris maydis*

A mancha de turcicum (MT), do inglês “Northern Leaf Blight” (NLB), também conhecida como a queima das folhas, é causada pelo fungo *Setosphaeria turcica* (Luttrell) K.J. Leonard & E.G. Suggs (anamorfo: *Exserohilum turcicum* (Pass.) K.J. Leonard & E.G. Suggs, 1974), é uma das principais doenças do milho (*Zea mays* L.) Munkvold e White, (2016). A doença é mais severa em condições de clima úmido Vieira et al, (2014), sendo considerada uma das doenças mais devastadoras da cultura por diminuir o rendimento de grãos de 28

até 91%, conforme as condições ambientais e de cultivo (Carlos, 1997; Kachapur e Hegde, 1988 e Harlapur et al., 2010).

Dentre os fatores que condicionam as epidemias no campo, citam-se: (i) estágio de crescimento do hospedeiro em que a infecção inicia, (ii) o grau de severidade da doença Perkins e Pedersen, (1987), (iii) a folha infectada (iv), nível de resistência da planta hospedeira e (v) agressividade do patógeno Galiano-Carneiro e Miedaner, (2017). Geralmente, as perdas de rendimento são mais altas quando a infecção ocorre antes do florescimento Raymundo e Hooker, (1981) e Ding et al. (2015) e, a folha da espiga é comprometida pelas lesões do patógeno (Welz, 1998).

E. turcicum infecta as plantas do milho do estágio inicial até a maturidade (Razzaq et al., 2019). Os sintomas foliares iniciais são pequenas manchas ovais, de cor verde-acinzentadas, paralelas às margens das folhas. As manchas aumentam de tamanho, tornam-se pardas elípticas ou acinzentadas (Vieira et al., 2014). Com o progresso da doença, as lesões coalescem, tomando grandes áreas, deixando as folhas com aspecto de queimadas (White, 1999). As estações relativamente frias, temperaturas médias de 18 a 27 °C com longos períodos de alta umidade (mais de cinco horas) são mais favoráveis a incidência de NCLB. O plantio direto na palha sem sucessão e sem rotação de cultura é outro sério agravante Wise (2011), tendo em vista que o patógeno sobrevive nos resíduos da cultura, onde produz conídios e ascosporos (Smith et al., 2004).

Outra doença foliar análoga e não menos importante para o milho-pipoca é a mancha de bipolaris (MB), do inglês "Southern Leaf Blight" (SLB), como conhecida nos Estados Unidos da América, causada pelo hifomiceto *Bipolaris maydis* (Y.Nisik. & C.Miyake). A SLB é uma doença fúngica grave do milho, com ocorrência em todo o mundo, com maior incidência em condições quentes e úmidas (White, 1999). Na fase teleomórfica, o patógeno é chamado de *Cochliobolus heterostrophus*, sendo ainda conhecidas três raças, descritas como O, T e C (Smith et al., 1970; Wei et al., 1988; Ali et al., 2013). A raça O é considerada a raça mais comum na maioria das áreas onde ocorre a SLB. A resistência a raça O é controlada por genes nucleares e esta raça infecta todos os tipos de milho. A raça T, responsável pela epidemia da década de 1970 na América do Norte, é específica para genótipos com citoplasma macho-estéril, derivado da linhagem Texas (cms-T), sendo controlada exclusivamente por genes

mitocondriais (herança citoplasmática). A diferença mais sobrestante entre a raça O e T é que a raça O ataca predominantemente as folhas, enquanto a raça T ataca todas as partes das plantas com citoplasma T-macho-estéril. A raça C é uma raça específica do citoplasma cms-C, sendo relatada apenas na China. O desenvolvimento de variedades resistentes é a forma mais eficiente no controle de *B. maydis*, do ponto de vista econômico e de sustentabilidade e segurança ambiental (Noor et al., 2015).

3.4 Influência da adubação nitrogenada na interação planta-patógeno

O aumento da aplicação de fertilizantes nitrogenados nas últimas décadas tem sido um fator importante na melhoria da produtividade das culturas (Kant et al., 2011). O nitrogênio (N) é um macronutriente essencial para o crescimento e desenvolvimento das plantas, cujos teores podem variar de 1,5% a 2% da matéria seca da planta, correspondentes até 16% da matéria seca em proteínas, conforme a espécie vegetal (Scheible et al., 2004).

No entanto, o uso de fertilizantes nitrogenados pode ter efeitos conflitantes nas interações planta-patógeno, a depender da fórmula química aplicada, da dosagem e do patossistema (Huber & Watson, 1974). O status de nitrogênio de uma planta pode ser favorável ou desfavorável ao processo de infecção, dependendo do patossistema (Huber & Thompson, 2007). Esse efeito variável pode ser explicado pelo fato de que a nutrição de plantas por N pode influenciar muitos fatores envolvidos na patogênese, na resposta fisiológica da planta, na nutrição do patógeno e em seus efeitos indiretos sobre fatores epidemiológicos. Tendo em vista que as plantas reconfiguram seu metabolismo primário e secundário em resposta à infecção por patógenos, e pelo fato de ser o N o macroelemento constituinte de aminoácidos e proteínas, é de se esperar alterações nas respostas de plantas a infecções pela adubação com nitrogênio (Ward et al., 2010).

Embora o suprimento de N aumente a defesa das plantas, também aumenta a disponibilidade de compostos nitrogenados disponíveis aos patógenos (Tavernier et al., 2007). A aplicação excessiva de fertilizantes nitrogenados, principalmente nas formas de amônia, tem demonstrado contribuir para o desenvolvimento da doença (Solomon et al., 2003). De acordo com Sun et al.,

(2020), a disponibilidade de N na planta modula a estrutura e a composição celular através de seus efeitos no metabolismo primário e secundário da planta. A adubação de N promove o crescimento das plantas, mas reduz, em geral, o acúmulo de lignina, substâncias fenólicas e reduz a cutícula dentre outros efeitos, aumentando a suscetibilidade a patógenos foliares como, por exemplo, no caso de arroz a brusone, causada por *Piricularia oryzae* (Sun et al., 2020).

A resistência a doenças de plantas é frequentemente influenciada pela adubação de nitrogênio, uma vez que o aumento no suprimento de N pode contribuir para aumentar os níveis de defesa das plantas com o sistema constitutivo ou induzido (Mur et al., 2017). De maneira mais geral, os efeitos da utilização de nitrogênio nas doenças das plantas dependem da combinação planta-patógeno (Dordas, 2008). Por exemplo, é comumente observado que a alta disponibilidade de nitrogênio aumenta a suscetibilidade a patógenos biotróficos e hemibiotróficos, enquanto o reduz no caso de patógenos necrotróficos. Porém, em alguns casos, o desenvolvimento de patógenos considerados hemibiotróficos é reduzido sob nitrogênio alto. É o caso da interação entre trigo e *Fusarium graminearum* onde se observou redução dos sintomas causados pelo fundo quando aumentou a disponibilidade de N para as plantas (Yang et al., 2010).

Existem muitos casos em que a fertilização com N pode aumentar a incidência de doenças nas plantas, como é o caso da ferrugem das folhas em trigo e da explosão brusone do arroz, causada por *Magnaporthe oryzae* (Devadas et al., 2014; Huang et al., 2017). Da mesma forma, os efeitos opostos foram relatados para doenças como a mancha foliar em trigo e para brusone em tomateiro (Krupinsky et al., 2007; Lecompte et al., 2010). Em alguns casos, o aumento no suprimento de N resultou em aumento da resistência do hospedeiro nas interações de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* e *Botrytis cinerea* em tomateiro. Tais resultados, não sugerem generalizações sobre a influência da adubação nitrogenada nas interações planta-patógeno, o que também é dependente da formulação do adubo (Hoffland et al., 2000).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Área experimental

Os experimentos foram realizados no ano de 2019 na Estação Experimental da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), situado no Colégio Agrícola Estadual Antônio Sarlo, (21° 42' 48" S; 41° 20' 38" O; altitude de 14m), no município de Campos dos Goytacazes, estado do Rio de Janeiro, Brasil.

4.2 Material genético

Foram avaliados 95 híbridos *testcrosses*, oriundos do cruzamento entre 6 testadores e 16 linhagens S₇ (Tabela 1). Outros três híbridos (UENF N 03, HS 01 e HS 02), selecionados com base na produtividade, foram utilizados como testemunhas. Os genitores foram avaliados em um experimento a parte com intuito de se obter as estimativas de heterose padrão. Vale destacar que as linhagens S₇ são todas provenientes da população de polinização aberta UENF-14, e os híbridos testemunhas são registrados pelo programa de melhoramento junto ao Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento - MAPA. Todos os genótipos pertencem ao Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF.

Tabela 1 – Agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott (1974) da avaliação *per se* de linhagens S₇ e testadores de milho-pipoca utilizados nos experimentos com (CN) e sem (SN) adubação com nitrogênio em cobertura no solo.

Genitores Linhagem	IBM		SBM		IET		SET	
	CN	SN	CN	SN	CN	SN	CN	SN
L681	53,32b	53,68b	0,90d	0,95d	46,83b	55,12b	1,86d	3,51f
L682	33,30d	49,44c	0,68d	0,89d	13,80d	24,70d	0,18g	1,49h
L683	46,21c	50,51c	0,25f	0,44f	27,84c	34,87c	0,15g	1,40h
L684	39,19d	41,19d	0,45e	0,59e	25,04c	39,99c	1,64d	1,76h
L685	38,35d	53,84b	0,22f	0,34f	0,00e	8,03e	0,04g	0,19i
L686	47,02c	59,86b	1,26c	1,73b	23,92c	34,95c	0,99e	1,25h
L687	59,01b	49,01c	1,18c	1,75b	40,58b	36,47c	1,88d	5,23d
L688	53,60b	55,46b	0,78d	0,90d	6,11e	18,79e	0,04g	0,25i
L689	43,37d	50,17c	0,52e	0,59e	14,48d	10,52e	0,39g	0,13i
L690	38,28d	45,84c	1,17c	0,63e	38,56b	55,02b	3,23c	4,60e
L691	34,10d	41,87d	0,46e	0,56e	23,64c	15,12e	0,33g	0,53i
L692	45,63c	59,25b	1,32c	0,71e	70,45a	71,71a	9,46a	11,78b
L693	49,76c	49,10c	1,72b	1,19c	17,10d	37,49c	0,75f	2,57g
L694	47,99c	48,24c	0,48e	0,43f	66,69a	57,47b	3,29c	5,56d
L695	66,83a	56,79b	1,42c	1,10c	17,12d	28,62d	0,16g	1,51h
Testador								
L54	57,63b	66,16a	1,84b	1,97a	67,54a	68,77a	7,00b	9,74c
L59	45,39c	38,79d	1,17c	0,39f	26,40c	33,61c	1,17e	2,13g
L70	20,56e	36,96d	0,03f	0,26f	74,86a	69,74a	7,09b	13,13a
L75	41,60d	38,33d	0,76d	0,25f	25,64c	26,50d	0,98e	0,82i
L80	55,24b	66,09a	2,64a	2,02a	11,12d	13,66e	0,08g	1,25h
P7	39,78d	39,63d	0,74d	0,46f	44,62b	57,56b	3,51c	10,04c

Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo algoritmo de Scott-Knott (1974), ao nível de 5 % de probabilidade.

A área foi previamente preparada com grade niveladora e sulcada com o auxílio de um sulcador no espaçamento de 0,90m. Foi utilizado sistema de irrigação por aspersão com turno de rega diário, de acordo com a necessidade da cultura. O experimento foi conduzido por aproximadamente 120 dias, com semeio realizado em agosto de 2019 e a colheita efetuada em janeiro de 2020. O solo da Estação Experimental é classificado como Argissolo Amarelo Distrófico Frágipânico Latossólico com teores elevados de silte e demais atributos químicos (Tabela 2).

Tabela 2 - Atributos químicos do solo na área experimental de Campos dos Goytacazes-RJ, nas camadas de 0-10 e 10-20 cm.

Camadas	pH	P	K	Ca	Mg	Al	H+Al	Na	C	MO
	H ₂ O	mg/dm ⁻³	mmol _c /dm ⁻³	g dm ⁻³
0 - 10 cm	5,6	27	6,0	21,4	10,9	0,0	31,40	2,70	12,90	22,24
10 - 20 cm	5,6	15	5,2	16,9	8,9	0,0	30,30	2,20	12,40	21,38

4.3 Delineamento experimental e tratos culturais

Foram realizados dois experimentos, um com híbridos e testemunhas e outro com os genitores, ambos avaliados sob as mesmas condições, porém, em experimentos individuais, em áreas vizinhas e contíguas. Para os híbridos utilizou-se o delineamento experimental de blocos completos arrançados em sets. O experimento com os 95 híbridos e 3 testemunhas foram distribuídos em cinco sets com três repetições. Para o experimento com os 21 genitores foi utilizado delineamento em blocos casualizados com três repetições. Para ambos experimentos, cada unidade experimental foi representada por uma linha de 3,0 m, onde foram semeadas duas ou três sementes em covas espaçadas de 0,20 m, com linhas espaçadas em 0,9 m. Aos 21 dias após a germinação, realizou-se o desbaste, deixando-se apenas uma planta por cova. Com isso, a parcela experimental ficou limitada a 16 plantas.

Os experimentos foram realizados considerando duas condições ambientais contrastantes quanto à adubação de Nitrogênio (N). As duas condições foram determinadas como, ambiente com adubação de nitrogênio em cobertura (CN) e ambiente sem adubação de nitrogênio em cobertura (SN). A adubação basal se deu igualmente para os dois ambientes (CN e SN), utilizando-se 30 kg ha⁻¹ de ureia para cada ambiente, com o formulado NPK 04-14-08. Para a adubação de cobertura, apenas o ambiente (CN) recebeu 150 kg ha⁻¹ de ureia dividida em duas aplicações nos estágios V4 e V6, respectivamente. De modo geral, os dois níveis de N contrastados avaliados foram de 30 kg ha⁻¹ em SN e 180 kg ha⁻¹ em CN (Almeida et al., 2018).

4.4 Avaliações de doenças

Dado ao histórico de ocorrência das doenças mancha de turcicum (MT) e mancha de bipolares (MB) e a disponibilidade de inóculo proveniente de áreas cultivadas com milho nas proximidades dos experimentos, optou-se por não se inocular as plantas artificialmente, ou seja, as plantas foram sujeitas à inoculação natural. Para ambas as doenças causadas por *Bipolaris maydis* e *Exserohilum turcicum* avaliaram-se os sintomas, mediante estimativas da incidência e severidade, em duas avaliações, aos 15 e 25 dias após o início da antese:

- (i) Incidência média de folhas com sintomas de *E. turcicum* (IET) e incidência média de folhas com sintomas de *B. maydis* (IBM). A incidência foi determinada por meio da contagem do número de folhas sintomáticas pelo número total de folhas da planta, individualmente para cada doença.
- (ii) Severidade média da doença causada por *E. turcicum* (SET), foi estimado visualmente a área foliar lesionada na folha da primeira espiga, com o auxílio da escala diagramática de Vieira et al. (2014) (Figura 1).
- (iii) Severidade média da doença causada por *B. maydis* (SBM), foi estimado visualmente a área foliar lesionada na folha da primeira espiga, com o auxílio da escala diagramática proposta por James (1971) (Figura 2).

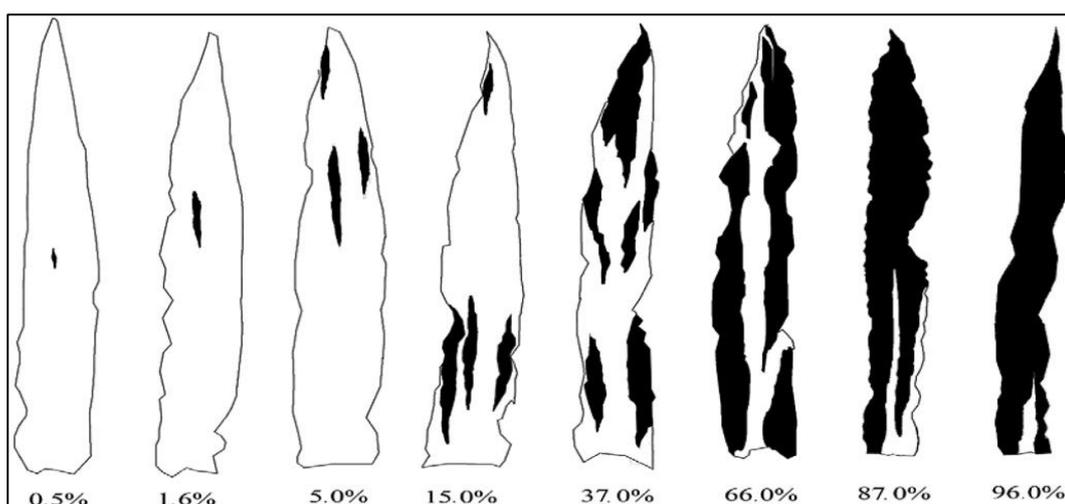


Figura 1 – Escala diagramática para avaliação da severidade da mancha de turcicum causada por *E. turcicum* em folhas de milho, proposta por Vieira et al. (2014).

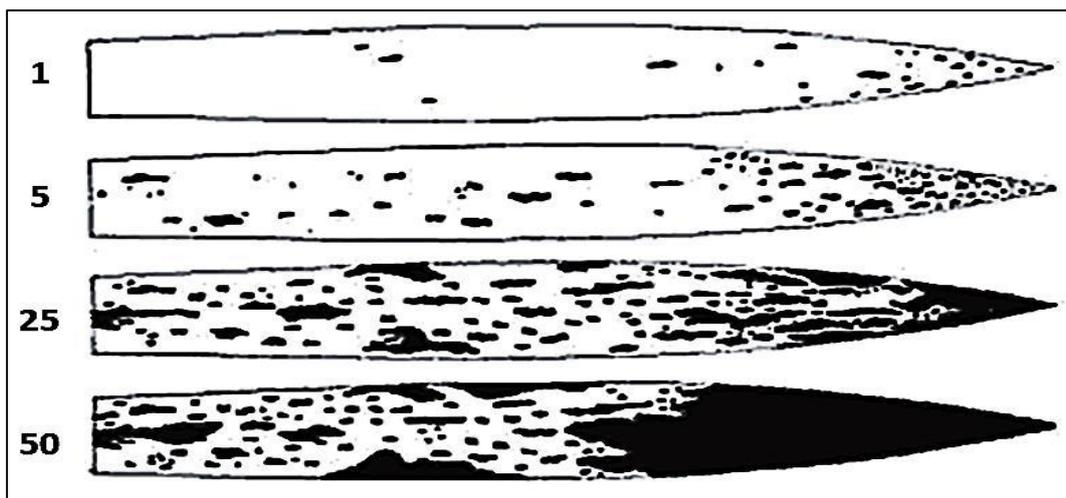


Figura 2 - Escala diagramática para avaliação da severidade de mancha de bipolaris causada por *B. maydis* em folhas de milho, proposta por James (1971).

4.5 Análises estatísticas

4.5.1 Análise de variância e teste de média

Foi realizada análise de variância individual e conjunta considerando os respectivos ambientes, com e sem adubação nitrogenada em cobertura. O agrupamento das médias foi obtido por meio do algoritmo Scott-Knott (1974) ao nível de 5 % de probabilidade, quando constatado efeito significativo da fonte de variação genótipo. Todas as análises foram realizadas utilizando-se os recursos computacionais do Programa GENES (Cruz, 2013).

Para análise de variância individual, considerou-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = u + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

Y_{ij} : valor fenotípico da ij -ésima observação referente ao i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco;

u : média geral da característica;

g_i : efeito do i -ésimo genótipo;

b_j : efeito do j -ésimo bloco; e

ε_{ij} : erro experimental associado a cada observação Y_{ij} , NID $(0, \sigma^2)$.

No caso da significância para a interação genótipo x ambiente, foi realizada análise de variância conjunta de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B/A_{jk} + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk},$$

em que:

Y_{ijk} : observação do i-ésimo genótipo na j-ésima disponibilidade de N, no k-ésimo bloco;

μ : constante geral;

G_i : efeito fixo do i-ésimo genótipo;

B/A_{jk} : efeito aleatório do k-ésimo bloco dentro da condição j de N;

A_j : efeito fixo da j-ésima condição de N;

GA_{ij} : efeito fixo da interação entre o i-ésimo genótipo com a j-ésima condição de N; e

ε_{ijk} : erro aleatório experimental médio associado à observação Y_{ijk} , com NID $(0, \sigma^2)$.

4.5.2 Análise dialélica

Inicialmente, a partir das médias dos genótipos foi efetuada uma análise dialélica individual para cada ambiente (ideal e baixo nitrogênio) de acordo com o método 4 de Griffing (1956). O seguinte modelo foi utilizado:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g'_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij},$$

onde: Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida entre a i-ésima linhagem do grupo 1 e j-ésima linhagem do grupo 2; μ : média geral do ensaio; g_i : efeito da capacidade geral de combinação da i-ésima linhagem do grupo 1; g'_j : efeito da capacidade geral de combinação da j-ésima linhagem do grupo 2; s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação entre as linhagens de ordem i e j, dos grupos 1 e 2, respectivamente e ε_{ij} : erro experimental médio.

Foi quantificada a importância relativa dos efeitos de CGC (grupo I e II) e CEC, os quais refletem a expressão dos efeitos aditivos e não-aditivos dos genes,

respectivamente. Assim, a importância da CGC (grupo I + grupo II) e CEC foi estimada como proporção da soma de quadrados de genótipos (cruzamentos) (Baker, 1978).

A fim de determinar possíveis interações entre os efeitos de CGC e CEC com ambiente (ideal e baixo nitrogênio), foi realizada uma análise conjunta, considerando o seguinte modelo genético-estatístico:

$$Y_{ijk} = m + l_k + g_i + g'_j + s_{ij} + gl_{ik} + g'l_{jk} + sl_{ijk} + \bar{e}_{ijk},$$

em que: Y_{ijk} : valor médio observado da combinação híbrida entre i-ésima linhagem do grupo I e a j-ésima linhagem do grupo II no k-ésimo ambiente; m : média geral; l_k : efeito fixo do k-ésimo ambiente (com ou sem inoculação); g_i : efeito da capacidade geral de combinação da i-ésima linhagem do grupo I; g'_j : efeito da capacidade geral de combinação da j-ésima linhagem do grupo II; s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação entre a i-ésima linhagem do grupo I e a j-ésima linhagem do grupo II; gl_{ik} : efeito da interação entre a capacidade geral de combinação da i-ésima linhagem do grupo I e o k-ésimo ambiente; $g'l_{jk}$: efeito da interação entre a capacidade geral de combinação da j-ésima linhagem do grupo II e o k-ésimo ambiente; sl_{ijk} : efeito da interação entre a capacidade específica de combinação entre a i-ésima linhagem do grupo I e a j-ésima linhagem do grupo II com o k-ésimo ambiente; \bar{e}_{ijk} : erro experimental médio, obtido a partir da soma dos quadrados médios dos resíduos, ajustado para o número de observações.

4.5.3 Parâmetros genéticos

A heterose padrão foi calculada a partir das médias de cada tratamento para as características avaliadas. As estimativas foram obtidas usando a expressão apresentada por (Falconer, 1987):

$$H_{\%} = \left(\frac{F_1 - MP}{MP} \right) \times 100,$$

onde: $H_{\%}$: é a heterose padrão; F_1 : é a média do híbrido; MP : é a média dos pais, sendo:

$$MP = \left(\frac{P1 + P2}{2} \right)$$

em que: $P1$: é o pai 1 e $P2$: é o pai 2.

O coeficiente de variação experimental (CV_e), foi obtido por:

$$CV_e = 100 \times \frac{\sqrt{QMr}}{\mu},$$

em que μ representa a média geral e QMr representa o quadrado médio do resíduo.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Reação de milho-pipoca a mancha de bipolaris causada por *Bipolaris maydis*

Na análise de variância conjunta houve significância para as fontes de variação Genótipo, Ambiente e para interação Genótipo x Ambiente, para ambas características, incidência média (IBM) e severidade média (SBM) de *B. maydis* (Tabela 3).

Tabela 3 - Análise de variância conjunta para incidência média (IBM) e severidade média (SBM) de *B. maydis* em 95 híbridos e 3 testemunhas avaliados sob dois níveis contrastantes em disponibilidade de nitrogênio.

FV	GL	Quadrados Médios	
		IBM	SBM
Blocos/E	4	161,13	0,01
Genótipo (G)	97	250,71**	0,45**
Ambiente (E)	1	9107,24**	0,97**
G x A	97	68,90**	0,09**
Resíduo	388	46,91	0,01

FV = Fonte de variação, GL = Graus de liberdade, IBM = Incidência média de *B. maydis*, SBM = Severidade média de *B. maydis*, ** = Significância em $P < 0.01$, pelo teste F.

O ambiente foi significativo a ($p < 0,01$) para IBM e SBM, isso indica que as condições impostas para distinguir os ambientes foram efetivas, resultando em

diferentes respostas dos genótipos nos ambientes com (CN) e sem (SN) adubação de cobertura com nitrogênio. Quanto a interação Genótipo x Ambiente, as duas características IBM e SBM foram significativas a 1% de probabilidade, o que significa que a seleção e inferência sobre genótipos resistentes e suscetíveis variou com a adubação e os resultados devem ser apreciados separadamente por ambiente.

No que se refere a análise de variância individual, houve efeito significativo a 1% de probabilidade para a fonte genótipo, considerando a incidência (IBM) e a severidade (SBM) de *B. maydis* nos ambientes CN e SN (Tabela 4). Observou-se, em geral, que as médias de IBM e SBM foram menores no ambiente com adubação CN (Tabela 4).

Para o grupo de genótipos avaliados nas condições ambientais do presente trabalho, os resultados apresentam uma resposta positiva dos genótipos quando em ambiente com ideal condição de adubação com N. Ainda que alguns genótipos tenham apresentado médias de IBM e SBM iguais ou inferiores no ambiente SN, em geral, a resposta a adubação de cobertura foi positiva aumentando a resistência da maioria dos genótipos avaliados.

Em concordância com os resultados das médias de IBM e SBM, o coeficiente de variação experimental também apresentou valores mais baixos quando se adubou (CN), para as duas características (Tabela 4). Isso pode ocorrer considerando que na condição ideal de nutrição, as plantas são menos influenciadas pelo estresse nutricional e, conseqüentemente, têm menor variação quando reagem aos fatores bióticos.

De modo geral, o coeficiente de variação experimental para as duas características e em ambos os ambientes foi de médio a baixo, uma vez que esse tipo de característica geralmente apresenta variações elevadas (acima de 20%) em comparação as características agrônômicas.

De acordo com Vasconcelos et al. (2012), o coeficiente de determinação do genótipo (H^2) indica a proporção da variação fenotípica que é devida a expressão genética. No processo de melhoramento avançado, o parâmetro H^2 é denominado coeficiente de determinação genotípico, pois considera genótipos fixos e pré-selecionados. Neste experimento, para IBM e SBM, os valores de H^2 foram superiores a 68 %, considerando os dois ambientes. Em comparação entre

as duas características, destaca-se a severidade média com valores de 98.44% e 97.64% em CN e SN, respectivamente.

A superioridade das estimativas de H^2 para SBM em relação a IBM é plausível, uma vez que a severidade mede o desenvolvimento dos sintomas causado pelo patógeno na folha, por outro lado, a incidência gera valores descontínuos em função do número de folhas avaliadas, o que permite maior tendenciosidade nas avaliações e maiores variações. Cabe ressaltar que o estimador H^2 é relacionado e mais dependente do genótipo avaliado do que a característica avaliada sendo, portanto, essa observação estritamente relacionada ao conjunto de genótipos e condições experimentais do presente estudo.

Diante do exposto, as altas estimativas de H^2 são de suma importância, pois indicam a possibilidade de altos ganhos na seleção de genótipos que apresentaram boa performance quanto a resistência a mancha de bipolaris. Neste aspecto, torna-se mais assertiva a escolha da severidade como variável mais promissora para avaliação e escolha de fontes de resistência a *B. maydis*.

Tabela 4 – Análise de variância individual para incidência média (IBM) e severidade média (SBM) de *B. maydis* em 95 híbridos e 3 testemunhas avaliados sob dois níveis contrastantes em disponibilidade de nitrogênio.

FV	GL	Quadrados Médios			
		IBM		SBM	
		CN	SN	CN	SN
Blocos	2	280,33	41,91	0,01	0,01
Genótipo	97	101,41**	218,20**	0,20**	0,32**
Resíduo	194	24,63	69,20	0,00	0,01
Média		36,04	43,91	0,37	0,45
CVe%		13,78	18,95	15,17	19,83
H^2		75,70	68,28	98,44	97,64

FV = Fonte de variação, GL = Graus de liberdade, IBM = Incidência média de *B. maydis*, SBM = Severidade média de *B. maydis*, CN = com nitrogênio em cobertura, SN = sem nitrogênio em cobertura, CVe% = Coeficiente de variação experimental, H^2 = Coeficiente de determinação genotípico, ** = Significativo em $P < 0.01$, pelo teste F.

5.1.1 Comparação de híbridos quanto a resistência a mancha de bipolaris

Quanto às médias de incidência foliar de lesões por *B. maydis* (IBM) no ambiente CN, houve a formação de 4 grupos (Tabela 5). O grupo com as

menores médias de incidência foi formado por 12 híbridos, onde destacam-se com as cinco menores médias, respectivamente, L683xL70 (19,39), L694xL70 (23,30), L691xP7 (24,58), L692xL70 (25,54) e L696xL70 (26,81). Em relação a característica IBM no ambiente SN, houve a formação de apenas dois grupos, sendo o grupo de menores médias formado por 58 híbridos, em que as cinco menores médias foram dos híbridos L685xL59 (25,16), L696xL59 (29,16), L685xP7 (29,26), L684xL70 (29,30) e L692xL59 (30,62).

As cinco melhores combinações híbridas não foram comuns aos dois ambientes. Porém, ao se atentar aos parentais dessas progênies, o testador L70 aparece em quatro das cinco melhores combinações no ambiente CN, enquanto que para o ambiente SN, sobressai-se o testador L59 presente em três combinações das cinco melhores. Vale ressaltar que os testadores foram selecionados com base na resistência a *B. maydis* em avaliação *per se*, de acordo com trabalho realizado por Kurosawa et al. (2018). Nesse contexto, o testador L70, selecionado como resistente representa as menores médias de IBM quando avaliado no ambiente CN, enquanto o testador L59, selecionado como parcialmente susceptível, apresentou as menores médias de IBM no ambiente SN.

No que se refere a severidade média de *B. maydis* (SBM) no ambiente CN, houve a formação de 9 grupos e o grupo de menor média foi composto por 16 híbridos. As combinações L685xL70 (0,01), L683xL70 (0,01), L692xL70 (0,04), L694xL70 (0,04) e L696xL70 (0,04), destacaram-se por apresentar média inferior a 0.05% de severidade, sendo que, no geral, as estimativas de médias variaram entre 0.01% a 1.03 %. A severidade média (SBM) no ambiente SN teve o agrupamento de médias distribuído em 10 grupos, sendo que as menores estimativas foram observadas em 20 híbridos do melhor grupo. Para a característica supracitada, destacaram-se os híbridos L696xL70 (0,05%), L683xL70 (0,05%), L685xL70 (0,07) e L692xL70 (0,07), com médias muito próximo dos valores encontrados no ambiente CN, uma vez que estes híbridos recorrem entre as cinco menores estimativas de severidade nos dois ambientes.

Das 20 melhores combinações híbridas do grupo de menores estimativas de severidade no ambiente SN, o testador L70 é um dos parentais que representa 14 dessas combinações. A observação também é válida para SBM no ambiente CN onde o mesmo testador aparece como genitor em 12 combinações dos 16

híbridos que compõem o grupo de menores estimativas, confirmando a importância desse genitor em reduzir as médias de severidade nos dois ambientes. De igual forma, em relação a IBM no ambiente CN, o testador L70 participa de 9 das 12 menores estimativas de incidência, enquanto que no ambiente SN ele também aparece no grupo de menores estimativas. Porém, as melhores 5 combinações têm prevalência do testador L59 neste ambiente.

Tabela 5 – Agrupamento de médias pelo teste de Scott Knott (1974), ao nível de 5% de probabilidade, para 95 híbridos e 3 testemunhas em ambientes contrastantes para a disponibilidade de nitrogênio.

Híbridos	IBM%		SBM%		Híbridos	IBM%		SBM%	
	CN	SN	CN	SN		CN	SN	CN	SN
L695xL70	32,38c	35,76b	0,14h	0,17j	L687xL80	43,70a	60,55a	0,98a	1,12d
L695x54	45,59a	39,94b	0,92a	0,55g	L696xL70	26,81d	35,91b	0,04i	0,05j
L693xP7	40,75b	34,90b	0,38f	0,41h	L692xL75	46,53a	52,28a	0,66c	0,99e
L691xL70	30,00d	32,52b	0,08i	0,10j	L688xL70	29,43d	31,78b	0,06i	0,07j
L686xL80	40,82b	54,69a	0,74c	0,94e	L683xL70	19,39d	35,52b	0,01i	0,05j
L695xL80	37,23b	51,66a	0,51e	0,98e	L685xL59	29,93d	25,16b	0,20h	0,14j
L685xL80	38,46b	48,93a	0,38f	0,64g	L685xL75	46,14a	50,87a	0,60d	0,27i
L689xP7	31,61c	35,89b	0,28g	0,34i	L691xL80	36,02c	43,04b	0,36f	0,23i
L686xL54	48,16a	51,53a	1,03a	0,81f	L690xL59	30,48c	42,78b	0,35g	0,27i
L688xL80	33,27c	45,54a	0,43f	0,45h	L685xP7	28,85d	29,26b	0,21h	0,22i
L692xL80	35,51c	48,85a	0,62d	0,98e	L693xL75	36,37c	45,36a	0,27g	0,56g
L689xL80	34,99c	42,64b	0,23h	0,20i	L683xL75	32,62c	49,28a	0,13h	0,22i
L693xL59	37,03b	42,65b	0,40f	0,39h	L682xL54	37,92b	47,58a	0,77b	0,63g
L684xL75	32,88c	44,69b	0,37f	0,59g	L691xL59	32,42c	37,27b	0,11i	0,21i
L691xL75	34,70c	33,19b	0,18h	0,20j	L688xL75	38,80b	46,68a	0,30g	0,33i
L695xL59	34,77c	37,51b	0,44f	0,48h	L682xL80	35,86c	56,33a	0,73c	1,42b
L687xL59	37,23b	43,61b	0,34g	0,34i	L691xP7	24,58d	35,91b	0,11i	0,29i
L689xL59	35,41c	43,99b	0,53e	0,22i	L683xL54	32,88c	50,23a	0,33g	0,48h
L688xP7	37,59b	39,08b	0,42f	0,34i	L683xP7	32,69c	41,64b	0,10i	0,46h
L690xL70	32,04c	37,94b	0,16h	0,14j	L684xL70	32,20c	29,30b	0,07i	0,10j
L681xL54	38,80b	47,68a	0,74c	0,55g	L694xP7	34,96c	39,23b	0,41f	0,35i
L686xL70	38,23b	37,03b	0,18h	0,17j	L690xL75	32,54c	38,99b	0,17h	0,32i
L682xL59	35,90c	38,93b	0,33g	0,16j	L682xL70	29,36d	41,30b	0,05i	0,19j
L687xL70	38,93b	42,65b	0,26g	0,19j	L696xL54	38,15b	53,46a	0,23h	0,92e
L695xL75	37,90b	64,23a	0,41f	0,73f	L696xP7	27,32d	37,71b	0,19h	0,13j
L684xP7	35,36c	38,14b	0,21h	0,27i	L694xL54	42,74a	43,33b	0,79b	0,41h
L693xL70	27,28d	38,10b	0,06i	0,20i	L681xL80	32,56c	44,18b	0,23h	0,56g
L682xP7	31,85c	52,02a	0,21h	0,56g	L694xL80	44,24a	60,73a	0,92a	1,11d
L689xL70	33,12c	38,23b	0,11i	0,25i	L684xL54	48,84a	67,75a	0,98a	1,81a
L686xL75	46,12a	55,38a	0,62d	0,72f	L681xL59	33,89c	39,48b	0,18h	0,29i

Tabela 5 – Cont.

Híbridos	IBM%		SBM%		Híbridos	IBM%		SBM%	
	CN	SN	CN	SN		CN	SN	CN	SN
L696xL80	41,72b	39,53b	0,46f	0,31i	L689xL54	35,55c	48,80a	0,21h	0,62g
L692xL59	31,16c	30,62b	0,37f	0,25i	L684xL80	51,90a	55,20a	0,98a	1,52b
L696xL59	35,11c	29,16b	0,21h	0,06j	L686xP7	46,36a	57,05a	0,43f	0,46h
L691xL54	34,72c	49,71a	0,20h	0,44h	L690xL80	33,30c	47,67a	0,30g	0,48h
L695xP7	37,44b	51,76a	0,37f	0,41h	L681xP7	35,62c	47,57a	0,14h	0,47h
L693xL80	39,26b	56,99a	0,39f	1,26c	L692xP7	32,17c	52,51a	0,28g	0,45h
L687xL75	36,49c	41,01b	0,51e	0,22i	L694xL59	37,96b	41,70b	0,29g	0,30i
L683xL59	35,53c	46,23a	0,48f	0,17j	L688xL59	38,55b	39,77b	0,25g	0,45h
L686xL59	33,82c	36,34b	0,42f	0,25i	L683xL80	39,41b	51,24a	0,25g	0,38h
L688xL54	39,28b	41,48b	0,60d	0,49h	L696xL75	35,95c	43,66b	0,12i	0,37h
L681xL70	30,92c	35,27b	0,11i	0,16j	L693xL54	41,53b	62,14a	0,34g	0,73f
L682xL75	44,35a	39,54b	0,58d	0,29i	L690xP7	35,40c	38,29b	0,91a	0,53g
L687xP7	31,75c	36,62b	0,30g	0,21i	L681xL75	38,39b	56,89a	0,14h	0,52g
L684xL59	36,27c	37,85b	0,26g	0,29i	L694xL75	45,20a	46,46a	0,38f	0,45h
L692xL70	25,54d	42,45b	0,04i	0,07j	L692xL54	45,20a	57,74a	0,97a	0,97e
L685xL70	30,91c	31,43b	0,01i	0,07j	L685xL54	40,68b	48,59a	0,51e	0,53g
L695xL54	34,20c	36,82b	0,30g	0,56g	UENFN03	32,71c	42,89b	0,51e	0,41h
L694xL70	23,30d	34,95b	0,04i	0,11j	HS02	30,72c	40,72b	0,13i	0,32i
L689xL75	42,21b	47,70a	0,40f	0,39h	HS01	38,80b	47,72a	0,53e	0,65g

Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo algoritmo de Scott-Knott (1974), ao nível de 5 % de probabilidade.

O híbrido L683xL70 demonstrou potencial de resistência a mancha de bipolaris e também apresentou bom desempenho agrônômico em rendimento de grãos com 3071,81 e 2371,30 (kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão de 31,62 e 29,35 (g.mL⁻¹), nos ambientes CN e SN, respectivamente (Tabela suplementar 1).

5.1.2 Análise dialélica de Griffing (1956) para mancha de bipolaris

As análises dialélicas foram realizadas considerando um conjunto de apenas 90 híbridos, fato este devido a não avaliação do híbrido L687xL54 por problemas na obtenção de sementes. Para simplificar a análise dos dados, todas as progênies oriundas dos cruzamentos em que participou a linhagem L687, foram retiradas da análise dialélica.

A capacidade geral de combinação (CGC) é um indicador da superioridade de um pai em relação a outro, no qual representa principalmente a concentração de genes de efeito aditivo. Enquanto a capacidade específica de

combinação (CEC) é basicamente determinada pela concentração de genes de efeito não-aditivo (Rocha et al., 2014).

A análise dialélica conjunta para os ambientes com (CN) e sem (SN) nitrogênio em cobertura, com relação a incidência média (IBM) e severidade média (SBM) de *B. maydis* mostrou existir efeito significativo ($p < 0,01$ e $0,05$) para as respectivas fontes de variação: Genótipo, CGC-I, CGC-II, CEC, Ambiente, Genótipo x Ambiente, CGC-II x Ambiente e CEC x Ambiente. Em exceção, ausência de efeito significativo para a fonte de variação CGC-I x Ambiente, considerando a característica IBM (Tabela 6).

A significância das interações Genótipo x Ambiente, CGC-I x Ambiente, CGC-II x Ambiente e CEC x Ambiente em relação a SBM, condicionam a performance distinta tanto dos genitores quanto das suas progênies em cada ambiente e, por isso, a análise se deu em separado para cada ambiente. A não significância da fonte CGC-I x Ambiente para IBM, pressupõe que o ranqueamento das 15 linhagens não diferiu significativamente entre os dois ambientes e, ainda indicou ser esta característica menos discriminativa de genótipos, nas condições experimentais.

Tabela 6 – Análise dialélica conjunta para incidência média (IBM) e severidade média (SBM) de *B. maydis* em 90 híbridos de milho-pipoca avaliados sob dois níveis contrastantes em disponibilidade de nitrogênio.

FV	GL	Quadrados Médios	
		IBM	SBM
Genótipo (G)	89	258,61**	0,45**
CGC-I	14	235,65*	0,57**
CGC-II	5	2274,85**	3,97**
CEC	70	119,19**	0,18**
Ambiente (E)	1	8305,15**	1,11**
G x E	89	72,87**	0,09**
CGC-I x E	14	75,20 ^{n,s}	0,11**
CGC-II x E	5	171,05**	0,23**
CEC x E	70	65,39*	0,07**
Resíduo	356	47,66	0,01

FV = Fonte de variação, GL = Graus de liberdade, IBM = Incidência média de *B. maydis*, SBM = Severidade média de *B. maydis*, CGC = Capacidade geral de combinação, CEC = Capacidade específica de combinação, **, * e n.s = Significativo em $P < 0,01$, Significativo em $P < 0,05$ e não-significativo, respectivamente, pelo teste F.

O desdobramento do efeito de genótipos em CGC e CEC, que tiveram efeito significativo, informa que houve diferença entre os genitores e suas progênes híbridas e também revelam a existência de efeitos de ação aditiva e não-aditiva no controle das características avaliadas para resistência a doença (Karimishahri e Sharma, 2017).

No que se refere a análise de variância individual, as características IBM e SBM nos ambientes CN e SN, tiveram efeito significativo em 1 % de probabilidade para a fonte de variação genótipo e, portanto, o desdobramento do efeito de genótipo nas capacidades combinatórias CGC-I, CGC-II e CEC também foi significativo (Tabela 7). Os resultados mostram que há variabilidade entre os genótipos avaliados o que também pressupõe que a variabilidade é o resultado de efeitos aditivos e não-aditivos na expressão da resistência a mancha de bipolaris, Santos et al. (2020), também encontraram resultados similares. Diante desses resultados, a estratégia para se selecionar a melhor fonte para reduzir as estimativas de IBM e SBM, não só o desempenho médio das linhagens na combinação híbrida deve ser enfatizado, mas também a expressão na combinação específica.

Com relação a incidência de *B. maydis* no ambiente CN, as estimativas da importância relativa da capacidade geral de combinação das linhagens (IR:CGC-I) e dos testadores (IR:CGC-II) foi, respectivamente, 17,91 % e 40,13% o que somou 58,04 % da ação dos efeitos gênicos em relação a importância relativa da capacidade específica de combinação (IR:CEC) que somou 41,96 % dos efeitos gênicos (Tabela 7). Para o ambiente SN, as estimativas da IR:CGC-I e IR:CGC-II somaram 55,34% dos efeitos gênicos e a IR:CEC representou 44,66% dos efeitos gênicos envolvidos no controle da variável em estudo.

Assim como para incidência, a severidade média de *B. maydis* (SBM) no ambiente CN teve as estimativas de IR:CGC-I e IR:CGC-II um percentual de 62,70 % e IR:CEC um percentual de 37,30 %, portanto, predomina os efeitos gênicos aditivos. No ambiente SN somam 63,87 % as estimativas de IR:CGC-I e IR:CGC-II e 36,13 % as estimativas de IR:CEC (Tabela 7). Nota-se que para a característica SBM, é mais proeminente a presença da ação dos efeitos gênicos aditivos em comparação com a característica IBM. Esses resultados estão de acordo com os encontrados por Karimishahri e Sharma (2017), em que

predominaram os efeitos gênicos aditivos, tendo em vista que os componentes quadráticos relacionados a CGC foram superiores às estimativas de CEC

Tabela 7 – Análise dialéctica individual para incidência média (IBM) e severidade média (SBM) de *B. maydis* em 90 híbridos de milho-pipoca avaliados sob dois níveis contrastantes em disponibilidade de nitrogênio.

FV	GL	Quadrados Médios			
		IBM		SBM	
		CN	SN	CN	SN
Genótipo	89	106,03**	225,45**	0,19**	0,33**
CGC I	14	120,72**	190,14**	0,28**	0,40**
CGC II	5	757,47**	1688,42**	1,43**	2,75**
CEC	70	56,56**	128,02**	0,08**	0,16**
Resíduo	178	24,99	70,33	0,01	0,00
IR:CGC I		17,91	13,27	21,85	18,46
IR:CGC II		40,13	42,07	40,85	45,41
IR:CEC		41,96	44,66	37,30	36,13

FV = Fonte de variação, GL = Graus de liberdade, IBM = Incidência de *B. maydis*, SBM = Severidade de *B. maydis*, CGC.I = Capacidade geral de combinação das linhagens, CGC.II = Capacidade geral de combinação dos testadores, CEC = Capacidade específica de combinação, IR(CGC-I) = Importância relativa da CGC das linhagens, IR(CGC-II) = Importância relativa da CGC dos testadores, IR (CEC) = Importância relativa da CEC, ** = Significativo em $P < 0.01$ pelo teste F.

5.1.3 Estimativas da capacidade geral de combinação para mancha de bipolaris

Ao estimar os efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i), podem ser obtidas informações sobre a concentração de genes com efeitos aditivos. Assim, o pai com a estimativa CGC mais alta é o pai que dá a maior contribuição para o aumento na expressão do carácter, enquanto o valor mais baixo contribui para a diminuição em seu desempenho (Cruz e Regazzi, 2001). Contudo, no caso do melhoramento visando resistência a doenças, as maiores estimativas negativas de CGC, são potencialmente mais promissoras para aumentar a resistência ao patógeno (Vivas et al., 2012).

Considerando os resultados dos efeitos das estimativas da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i), houve grau de intensidade distintos para incidência média (IBM) e severidade média (SBM) de *B. maydis* nos ambientes CN e SN (Figura 3). De acordo com Nihei e Ferreira (2012), a mudança na performance dos genótipos sob os diferentes ambientes é compreensível, tendo em vista que

na avaliação de resistência a doença, as estimativas de \hat{g}_i são facilmente influenciadas por alguns fatores, tais como: latitude, adubação e temperatura, os quais implicam na expressão do gene que controla a resistência. Em relação a IBM considerando a condição CN, as linhagens L691 (-3,94), L683 (-3,93) e L696 (-1,84) apresentaram as maiores magnitudes negativas.

Enquanto para a condição SN, destacaram-se as linhagens L691 (-5,25), L685 (-4,82), L696 (-3,95) e L688 (3,14) (Figura 3). Nota-se que a disponibilidade de nitrogênio alterou as estimativas dos efeitos de \hat{g}_i para IBM, mostrando que algumas linhagens apresentaram magnitudes negativas quando em condição CN, porém, na condição SN foram positivas. Considerando os dois ambientes, destacaram-se as linhagens: L691, L696 e L690, com maiores magnitudes negativas para IBM, observadas no quadrante inferior esquerdo (Figura 3). Entende-se que, para essas três linhagens existe menor variações de efeito genético para resistência, quando submetidas a condições contrastantes de nitrogênio, considerando a incidência de *B. maydis*.

Com relação as estimativas de \hat{g}_i para SBM, as linhagens L691, L683, e L696 apresentaram, respectivamente, as magnitudes -0,18; -0,17; e -0,15 na condição CN, e -0,20; -0,16 e -0,14 no ambiente com baixa disponibilidade de N (sem adubação de cobertura nitrogenada). A característica SBM apresentou pouca variação nas estimativas de CGC na comparação entre os ambientes CN e SN. Apenas duas linhagens (L690 e L693) tiveram contradição de magnitudes, positiva e negativa de \hat{g}_i para os dois ambientes avaliados, portanto, para a maioria dos genitores é baixa a expectativa de oscilação genética na avaliação de SBM para os ambientes acima considerados.

Na avaliação dos efeitos das estimativas de \hat{g}_j , referente aos testadores, sobressaíram-se com unanimidade os genitores L70, P7 e L59 (Figura 3), sendo os únicos que apresentaram magnitudes negativas de \hat{g}_j para IBM e SBM nos ambientes com e sem adubação de nitrogênio em cobertura, como pode ser visto nos quadrantes inferiores esquerdo de cada variável (Figura 3).

Por apresentarem estimativas negativas para as duas variáveis nos dois ambientes, esses genitores se tornam promissores para serem usados em cruzamentos onde se busca a redução de danos causados por mancha de bipolaris, além de permitir o cultivo em ambientes com baixa disponibilidade de nitrogênio.

Uma combinação híbrida promissora deve ter alta capacidade específica de combinação (CEC), e pelo menos um dos pais ter alta capacidade geral de combinação (CGC) (Cruz et al., 2004). Ao visar o melhoramento genético para resistência a doenças, as estimativas negativas da CEC tornam-se mais interessantes porque o objetivo principal é reduzir as características estudadas, portanto, quanto mais negativa as estimativas negativas, melhor será a combinação híbrida (Vivas et al., 2013).

No tocante aos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{S}_{ij}) para a incidência média (IBM) e severidade média (SBM) de *B. maydis*, houve menor influência dos ambientes contrastantes de nitrogênio sobre as estimativas (Tabela 8). Para IBM no ambiente CN, as combinações híbridas superiores foram L684 x L75, L694 x L70, L686 x L59 e L683 x L70 as quais tiveram estimativas de \hat{S}_{ij} inferiores a -6,07. Considerando o ambiente SN, os pares L695 x L54, L692 x L59, L682 x L75 e L693 x P7 representaram as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} . Para IBM, nenhuma das quatro melhores combinações classificadas foram comuns nos dois ambientes, o que revela a influência dos ambientes sobre as estimativas das combinações híbridas.

Em relação a SBM, sobressaíram-se as combinações L689 x L54, L690 x L80, L690 x L75 e L695 x L54 com magnitudes de \hat{S}_{ij} menores que -0,30 na condição CN. Enquanto para o ambiente SN foram mais promissores os pares L689 x L80, L684 x P7, L684 x L70 e L691 x L80 com valores de \hat{S}_{ij} entre -0,33 e -0,45. Assim como para IBM, nenhuma das quatro combinações superiores foram comuns nas duas condições N-contrastantes.

Considerando as variáveis IBM e SBM, os testadores L54 e L80 participaram, respectivamente, de dois e três cruzamentos das melhores combinações em CN e SN. Quanto as linhagens, destacaram-se a L684, L689 e L690, onde cada uma participou de dois cruzamentos das quatro melhores estimativas \hat{S}_{ij} para os ambientes com e sem adubação de cobertura nitrogenada (Tabela 8). De modo geral, em valores absolutos, o ambiente SN apresentou as maiores estimativas negativas de \hat{S}_{ij} . Por outro lado, a condição CN se destacou com a maior quantidade de cruzamentos que tiveram valores de \hat{S}_{ij} negativos.

Tabela 8 - Estimativas da capacidade específica de combinação (\hat{S}_{ij}) em dialelo parcial de 21 genitores, sob dois níveis contrastantes em disponibilidade de nitrogênio.

Híbridos	IBM		SBM		Híbridos	IBM		SBM	
	CN	SN	CN	SN		CN	SN	CN	SN
L681xP7	2,43	4,18	-0,07	0,12	L689xL59	1,39	7,01	0,29	0,07
L681xL75	-0,01	7,89	-0,12	0,08	L689xL80	-2,78	-6,19	-0,21	-0,45
L681xL70	2,51	-1,89	0,14	0,06	L689xL54	-4,20	0,00	-0,32	0,03
L681xL59	0,32	0,20	-0,03	0,05	L690xP7	2,35	-0,85	0,49	0,22
L681xL80	-4,76	-6,96	-0,17	-0,18	L690xL75	-5,72	-5,77	-0,30	-0,08
L681xL54	-0,50	-3,43	0,25	-0,13	L690xL70	3,77	5,03	-0,03	0,08
L682xP7	-2,18	7,86	-0,19	0,09	L690xL59	-2,95	7,74	-0,07	0,08
L682xL75	5,11	-10,23	0,14	-0,27	L690xL80	-3,88	0,78	-0,31	-0,22
L682xL70	0,11	3,37	-0,11	-0,03	L690xL54	6,43	-6,92	0,22	-0,08
L682xL59	1,49	-1,13	-0,07	-0,19	L691xP7	-5,65	-0,90	-0,02	0,12
L682xL80	-2,30	4,42	0,14	0,56	L691xL75	-0,74	-9,24	0,02	-0,06
L682xL54	-2,22	-4,30	0,09	-0,16	L691xL70	4,55	1,94	0,19	0,18
L683xP7	2,45	-2,26	-0,04	0,24	L691xL59	1,81	4,56	-0,02	0,15
L683xL75	-2,83	-0,23	-0,06	-0,09	L691xL80	1,66	-1,53	0,04	-0,33
L683xL70	-6,08	-2,15	0,10	0,08	L691xL54	-1,62	5,18	-0,21	-0,06
L683xL59	4,91	6,43	0,17	0,06	L692xP7	-2,01	6,89	-0,17	-0,10
L683xL80	5,03	-0,41	-0,08	-0,23	L692xL75	7,15	1,05	0,20	0,36
L683xL54	-3,48	-1,39	-0,09	-0,06	L692xL70	-3,86	3,07	-0,18	-0,23
L684xP7	-2,37	-5,56	-0,22	-0,42	L692xL59	-3,39	-10,90	-0,08	-0,18
L684xL75	-10,06	-4,62	-0,11	-0,19	L692xL80	-2,80	-4,52	-0,02	0,05
L684xL70	-0,76	-8,17	-0,13	-0,34	L692xL54	4,91	4,40	0,24	0,10
L684xL59	-1,84	-1,75	-0,17	-0,29	L693xP7	5,56	-10,00	0,12	-0,11
L684xL80	10,04	3,75	0,36	0,44	L693xL75	-4,03	-5,15	-0,04	-0,05
L684xL54	5,00	16,33	0,27	0,80	L693xL70	-3,14	-0,57	0,04	-0,07
L685xP7	-5,14	-7,99	-0,06	-0,02	L693xL59	1,46	1,85	0,14	-0,01
L685xL75	6,95	8,01	0,28	-0,06	L693xL80	-0,07	4,34	-0,06	0,35
L685xL70	1,70	0,41	-0,03	0,08	L693xL54	0,22	9,52	-0,20	-0,11
L685xL59	-4,43	-7,99	-0,07	0,02	L694xP7	-1,26	-3,38	-0,01	-0,04
L685xL80	0,34	3,93	-0,08	0,01	L694xL75	3,77	-1,76	-0,09	-0,02
L685xL54	0,58	3,62	-0,04	-0,03	L694xL70	-8,15	-1,43	-0,15	-0,02
L686xP7	5,95	10,17	-0,10	-0,03	L694xL59	1,36	3,19	-0,13	0,03
L686xL75	0,50	2,89	0,05	0,15	L694xL80	3,88	10,37	0,31	0,34
L686xL70	2,60	-3,62	-0,11	-0,07	L694xL54	0,40	-7,00	0,08	-0,30
L686xL59	-6,97	-6,44	-0,10	-0,12	L695xP7	3,63	7,26	0,06	-0,08
L686xL80	-3,72	0,06	0,03	0,07	L695xL75	-1,12	14,12	0,05	0,16
L686xL54	1,64	-3,07	0,23	0,00	L695xL70	3,35	-2,51	0,06	-0,06
L688xP7	3,28	0,15	0,13	0,06	L695xL59	0,58	-2,89	0,13	0,11
L688xL75	-0,72	2,14	-0,04	-0,04	L695xL80	-0,71	-0,59	0,01	0,11
L688xL70	-0,10	-0,92	0,00	0,04	L695xL54	-5,72	-15,40	-0,30	-0,25
L688xL59	3,86	4,94	-0,05	0,28	L696xP7	-5,01	-0,40	0,03	-0,11
L688xL80	-5,17	-1,14	-0,06	-0,22	L696xL75	-1,59	-0,07	-0,09	0,05

Tabela 8 – Cont.

Híbridos	IBM		SBM		Híbridos	IBM		SBM	
	CN	SN	CN	SN		CN	SN	CN	SN
L688xL54	-1,14	-5,17	0,02	-0,12	L696xL70	-0,75	4,03	0,11	0,07
L689xP7	-2,03	-5,19	0,04	0,07	L696xL59	2,40	-4,85	0,05	-0,06
L689xL75	3,36	1,00	0,11	0,04	L696xL80	5,25	-6,33	0,11	-0,31
L689xL70	4,26	3,38	0,10	0,24	L696xL54	-0,30	7,63	-0,21	0,36

5.1.5 Estimativas de heterose para mancha de bipolaris

As estimativas de heterose foram obtidas considerando um conjunto de apenas 84 híbridos. Fato este devido a não avaliação do híbrido L687xL54 e da linhagem L696 por problemas na obtenção de sementes. Para simplificar a análise dos dados, todas as progênies oriundas dos cruzamentos em que participaram as linhagens L687 e L696 foram retiradas da análise de heterose.

A expressão da heterose em um cruzamento é controlada pela existência de genes com grau completo ou parcial de dominância controlando o caráter, assim como também é decorrente da diversidade genética entre os genitores utilizados (Hallauer et al., 2010).

Com relação a IBM, é possível observar que as estimativas de heterose apresentaram magnitudes pouco elevadas, mas existe variação das estimativas dos genótipos entre os dois ambientes estudados. Na condição de adubação CN, os híbridos L695 x L54 (-0,45), L683 x L70 (-0,42) e L681 x L80 (-0,40) apresentaram as estimativas de heterose mais negativas (Tabela 9). Para a condição SN, a variável IBM apresentou valores de heterose análogos aos encontrados no ambiente CN com baixas magnitudes e, as menores estimativas foram dos híbridos L685 x L59 (-0,46) e L695 x L54 (-0,40).

A variável SBM apresentou maior efeito de heterose para maioria dos cruzamentos e também teve superioridade em valores absolutos em comparação a IBM (Tabela 9). No ambiente CN, os híbridos L683 x L70 (-0,95), L685 x L70 (-0,95), L692 x L70 (-0,94) e L693 x L70 (-0,93) apresentaram as menores estimativas de heterose para SBM, apenas o cruzamento L685 x L75 não apresentou estimativa negativa de heterose. Para SBM, no ambiente SN, apenas sete cruzamentos não denotaram estimativas negativas de heterose e, os híbridos L689 x L80 (-0,69), L691 x L80 (-0,67) e L683 x L70 (-0,59) tiveram os menores

valores de heterose e . Esses resultados ratificam a superioridade dos híbridos L689 x L80 e L691 x L80, os quais denotaram as melhores estimativas de \hat{S}_{ij} (Tabela 8).

Tabela 9 – Estimativas da heterose padrão para 84 híbridos avaliados em ambientes contrastantes na disponibilidade de nitrogênio

HETEROSE									
Híbridos	IBM		SBM		Híbridos	IBM		SBM	
	CN	SN	CN	SN		CN	SN	CN	SN
L681 x P7	-0,23	0,02	-0,83	-0,20	L689 x P7	-0,24	-0,20	-0,55	-0,23
L681 x L75	-0,19	0,24	-0,83	-0,07	L689 x L75	-0,01	0,08	-0,38	-0,05
L681 x L70	-0,16	-0,22	-0,76	-0,41	L689 x L70	0,04	-0,12	-0,60	-0,24
L681 x L59	-0,31	-0,15	-0,83	-0,33	L689 x L59	-0,20	-0,01	-0,37	-0,35
L681 x L80	-0,40	-0,26	-0,87	-0,47	L689 x L80	-0,29	-0,27	-0,85	-0,69
L681 x L54	-0,30	-0,20	-0,46	-0,47	L689 x L54	-0,30	-0,16	-0,82	-0,42
L682 x P7	-0,13	0,17	-0,70	-0,10	L690 x P7	-0,09	-0,10	-0,05	-0,01
L682 x L75	0,18	-0,10	-0,20	-0,28	L690 x L75	-0,19	-0,07	-0,83	-0,16
L682 x L70	0,09	-0,04	-0,85	-0,38	L690 x L70	0,09	-0,08	-0,74	-0,40
L682 x L59	-0,09	-0,12	-0,65	-0,44	L690 x L59	-0,27	0,01	-0,70	-0,29
L682 x L80	-0,19	-0,02	-0,56	-0,02	L690 x L80	-0,29	-0,15	-0,84	-0,51
L682 x L54	-0,17	-0,18	-0,39	-0,43	L690 x L54	-0,05	-0,29	-0,39	-0,47
L683 x P7	-0,24	-0,08	-0,80	0,02	L691 x P7	-0,33	-0,12	-0,82	-0,27
L683 x L75	-0,26	0,11	-0,74	-0,22	L691 x L75	-0,08	-0,17	-0,69	-0,31
L683 x L70	-0,42	-0,19	-0,95	-0,52	L691 x L70	0,10	-0,18	-0,67	-0,45
L683 x L59	-0,22	0,04	-0,57	-0,39	L691 x L59	-0,18	-0,08	-0,87	-0,36
L683 x L80	-0,22	-0,12	-0,83	-0,59	L691 x L80	-0,19	-0,20	-0,77	-0,67
L683 x L54	-0,37	-0,14	-0,68	-0,51	L691 x L54	-0,24	-0,08	-0,83	-0,53
L684 x P7	-0,10	-0,06	-0,65	-0,31	L692 x P7	-0,25	0,06	-0,73	-0,14
L684 x L75	-0,19	0,12	-0,39	0,24	L692 x L75	0,07	0,07	-0,33	0,60
L684 x L70	0,08	-0,25	-0,72	-0,45	L692 x L70	-0,23	-0,12	-0,94	-0,49
L684 x L59	-0,14	-0,05	-0,68	-0,25	L692 x L59	-0,32	-0,38	-0,71	-0,34
L684 x L80	0,10	0,03	-0,36	0,13	L692 x L80	-0,30	-0,22	-0,68	-0,22
L684 x L54	0,01	0,26	-0,14	0,34	L692 x L54	-0,12	-0,08	-0,38	-0,22
L685 x P7	-0,26	-0,37	-0,57	-0,31	L693 x P7	-0,09	-0,21	-0,69	-0,29
L685 x L75	0,15	0,10	0,21	-0,06	L693 x L75	-0,20	0,04	-0,78	-0,12
L685 x L70	0,05	-0,31	-0,95	-0,49	L693 x L70	-0,22	-0,11	-0,93	-0,39
L685 x L59	-0,29	-0,46	-0,71	-0,43	L693 x L59	-0,22	-0,03	-0,72	-0,29
L685 x L80	-0,18	-0,18	-0,73	-0,40	L693 x L80	-0,25	-0,01	-0,82	-0,16
L685 x L54	-0,15	-0,19	-0,51	-0,47	L693 x L54	-0,23	0,08	-0,81	-0,39
L686 x P7	0,07	0,15	-0,58	-0,32	L694 x P7	-0,20	-0,11	-0,33	-0,14
L686 x L75	0,04	0,13	-0,39	-0,14	L694 x L75	0,01	0,07	-0,38	0,20
L686 x L70	0,13	-0,24	-0,72	-0,44	L694 x L70	-0,32	-0,18	-0,83	-0,41
L686 x L59	-0,27	-0,26	-0,65	-0,42	L694 x L59	-0,19	-0,04	-0,65	-0,17

Tabela 9 – Cont.

Híbridos	IBM		SBM		Híbridos	IBM		SBM	
	CN	SN	CN	SN		CN	SN	CN	SN
L686 x L80	-0,20	-0,13	-0,62	-0,34	L694 x L80	-0,14	0,06	-0,41	-0,08
L686 x L54	-0,08	-0,18	-0,33	-0,38	L694 x L54	-0,19	-0,24	-0,32	-0,56
L688 x P7	-0,19	-0,18	-0,44	-0,30	L695 x P7	-0,30	0,07	-0,65	-0,28
L688 x L75	-0,18	0,00	-0,62	-0,24	L695 x L75	-0,30	0,35	-0,63	0,05
L688 x L70	-0,21	-0,31	-0,85	-0,49	L695 x L70	-0,26	-0,24	-0,81	-0,41
L688 x L59	-0,22	-0,16	-0,74	-0,18	L695 x L59	-0,38	-0,22	-0,66	-0,21
L688 x L80	-0,39	-0,25	-0,75	-0,53	L695 x L80	-0,39	-0,16	-0,75	-0,27
L688 x L54	-0,29	-0,32	-0,54	-0,50	L695 x L54	-0,45	-0,40	-0,82	-0,47

O testador L70 participou como genitor das quatro menores estimativas de heterose para SBM no ambiente CN, o que está de acordo com os resultados da Figura 3, onde o mesmo testador denotou as menores estimativas de CGC para a mesma variável. No que se refere ao ambiente SN, as três menores estimativas de heterose para SBM foram dos cruzamentos em que o testador L80 foi genitor.

O testador L80 apresentou somente estimativas positivas de CGC para SBM (Figura 3), todavia, as linhagens L683, L689 e L691 tiveram as menores estimativas de CGC, fato este que contribui para as estimativas de heterose negativa para os três cruzamentos oriundos desses genitores.

Com relação a performance dos testadores em combinação com as linhagens, a variável IBM teve como destaque o testador L80 o qual apresentou-se com as menores estimativas de heterose com 8 das 14 linhagens no ambiente CN. Para o ambiente SN, o testador L54 foi superior aos demais testadores nos cruzamentos com 5 linhagens, onde apresentou os menores valores de heterose relativa. No tocante a característica SBM, o testador L70 teve as menores heteroses com 10 linhagens na condição CN, enquanto na condição SN destacaram-se os testadores L70 e L80 com 5 e 6 linhagens, respectivamente, apresentando as estimativas mais negativas de heterose (Tabela 9).

De modo geral, o efeito de heterose negativa foi mais expressivo na condição CN para as duas variáveis estudadas, o que sugere maior resistência dos genótipos na condição ideal de nutrição. Esses resultados concordam com os observados na análise de variância (Tabela 4), onde o ambiente CN teve média geral menor que o ambiente SN para IBM e SBM.

5.2 Reação de milho-pipoca a mancha de turcicum causada por *Exserohilum turcicum*

A análise de variância conjunta para a mancha de turcicum, apresentou efeito significativo ($p < 0,01$) para as fontes de variação Genótipo, Ambiente e interação Genótipo x Ambiente, no que se refere a severidade média (SET), indicando existência de variabilidade entre genótipos e que o ambiente alterou a performance dos genótipos quanto a reação a *E. turcicum* (Tabela 10).

Para incidência média (IET), houve efeito significativo ($p < 0,01$) para a fonte de variação Genótipo, o que indica a existência de variabilidade e a possibilidade de ganhos na seleção de genótipos para melhoria da característica. A interação Genótipo x Ambiente também foi significativa ($p < 0,01$) para IET. Todavia, não se observou significância quanto a IBM para Ambiente, indicando que não houve influência da adubação com nitrogênio sobre essa variável nas condições experimentais (Tabela 10).

O conjunto de linhagens utilizado no presente estudo faz parte da mesma população base (UENF-14), porém, os testadores utilizados nos cruzamentos são de genealogias distintas e não relacionados com essa população. Esse fato contribuiu em diversidade entre suas progênes, o que permite a exploração deste recurso para novos estudos com a obtenção de novos genótipos superiores para as variáveis estudadas. Pois, a manutenção da variabilidade genética é essencial para o sucesso dos programas de melhoramento de plantas, tendo em vista que é uma das principais matérias-primas utilizadas pelo melhorista (Ribeiro et al., 2016).

Tabela 10 – Análise de variância conjunta para incidência média (IET) e severidade média (SET) de *E. turcicum* em 95 híbridos e 3 testemunhas avaliados sob dois níveis contrastantes em disponibilidade de nitrogênio.

FV	GL	Quadrados Médios	
		IET	SET
Blocos/E	4	222,73	0,61
Genótipos (G)	97	1138,24**	41,67**
Ambiente (E)	1	37,67 ^{ns}	35,57**
G x E	97	121,53**	5,11**
Resíduo	388	48,10	0,15

FV = Fonte de variação, GL = Graus de liberdade, IET = Incidência média de *E. turcicum*, SET = Severidade média de *E. turcicum*, ** = Significativo em $P < 0,01$ e ns = Não-significativo, pelo teste F, respectivamente.

A análise de variância individual resultou em efeito significativo ($p < 0,01$) para incidência média (IET) e severidade média (SET), tanto para condição CN (adubação com N em cobertura) e SN (sem adubação com N em cobertura) (Tabela 11). Os efeitos de genótipos foram significativos em ambos ambientes, CN e SN, indicando variabilidade a ser explorada na seleção de possíveis fontes de resistência a *E. turcicum*.

A média geral para SET na condição CN foi de 2,02 % e para a condição SN essa foi de 2,52 %. Apesar do ambiente ter apresentado efeito significativo para essa variável na análise de variância conjunta, a média geral apresenta valores aproximados entre os dois ambientes considerados, não havendo em valores absolutos diferenças justificáveis para se supor que a não adubação com N em cobertura, nas condições experimentais, resulte em maior suscetibilidade a mancha de turcicum, com base na SET.

As estimativas do coeficiente de variação experimental (CVe) em relação a variável IET foram de 24,24 % e 24,16 % para os ambientes CN e SN, respectivamente. Para a variável SET, o ambiente CN apresentou valor de 18,83 % e para o ambiente SN 16,29 %, indicando uma boa precisão dos resultados em ambos os ambientes para essa variável (Tabela 11).

Tabela 11 – Análise de variância individual para incidência média (IET) e severidade média (SET) de *E. turcicum* em 95 híbridos e 3 testemunhas avaliados sob dois níveis contrastantes em disponibilidade de nitrogênio.

FV	GL	Quadrados Médios			
		IET		SET	
		CN	SN	CN	SN
Blocos	2	82,63	362,84	0,20	1,02
Genótipo	97	581,26**	678,51**	16,88**	29,89**
Resíduo	194	49,47	46,73	0,14	0,17
Média		28,81	28,30	2,02	2,52
CV%		24,42	24,16	18,83	16,29
H ²		91,49	93,11	99,14	99,44

FV = Fonte de variação, GL = Graus de liberdade, IET = incidência média de *E. turcicum*, SET = severidade média de *E. turcicum*, CN = com nitrogênio em cobertura, SN = sem nitrogênio em cobertura, CVe(%) = Coeficiente de variação experimental, H² = Coeficiente de determinação genotípico, ** = Significativo em $P < 0,01$, pelo teste F.

As características avaliadas em estudos de resistência a doenças, geralmente apresentam maior variação na reação dos tratamentos devido a interação entre hospedeiro e patógeno e destes com o ambiente. Nesse caso, valores um pouco elevados de CVE são aceitáveis quando se considera esse tipo de variável, como pode ser observado para IET, que apresentou valores superiores a 20 %. O coeficiente de determinação genotípico (H^2), apresentou estimativas acima de 90 % para as duas variáveis nos dois ambientes (Tabela 11). A variável IET no ambiente CN teve H^2 de 91,49 % e para o ambiente SN, 93,11 %. No tocante a variável SET, o ambiente CN teve estimativa de H^2 de 99,14 % e para a condição SN, 99,44%. As duas variáveis apresentaram estimativas muito elevadas de H^2 , o que aumenta a chance de sucesso na seleção de genótipos promissores para redução das características avaliadas.

5.2.1 Comparação de híbridos quanto a resistência a mancha de turcicum

Com relação a incidência média de *E. turcicum* (IET) nas combinações híbridas considerando o ambiente com nitrogênio em cobertura (CN) houve a formação de 5 grupos, sendo o grupo das menores médias composto por 28 combinações híbridas (Tabela 12). As estimativas de médias variaram de 5,64 % a 67,34 %. O grupo mais resistente, com menores valores de IET, compreendeu as combinações L689 x L75 (5,64%), L685 x L59 (6,50 %) e L695 x L75 (6,99 %), com médias abaixo de 7 %. Os testadores L59, L75 e L80 estiveram presentes em 23 cruzamentos de forma equitativa, sendo esses os mais importantes na redução da incidência média.

No tocante a característica IET no ambiente SN, houve a formação de 7 grupos, sendo o grupo mais resistente com 12 combinações híbridas, com incidências entre 0,00 % e 65,30 %. Destacaram-se as combinações L685 x L80 (0,00 %), L695 x L80 (1,73 %), L685 x L75 (4,66 %) e também a combinação L695 x L75 (5,66 %), compreendendo as cinco menores médias nos dois ambientes. No ambiente SN, também predominaram como mais resistentes as combinações nas quais os testadores L59, L75 e L80 participaram como genitores.

Quanto a severidade média de mancha de turcicum (SET), houve a formação de 14 grupos para o ambiente CN, com médias variando de 0,07 % a

14,59 %, já no ambiente SN formaram-se 13 grupos com médias entre 0,00 % e 14,18 % (Tabela 12). No ambiente CN, destacaram-se as combinações híbridas mais resistentes L695 x L75 e L683 x L80 com média de 0,07 % e L685 x L80, L695 x L59 e L685 x P7 com média de 0,08 %, respectivamente, para severidade. No grupo das menores estimativas confirma-se novamente a presença majoritária dos três testadores (L59, L75 e L80) que participaram das melhores combinações para IET e ressalta-se a performance das linhagens genitoras L685 e L695 nas combinações resistentes.

Para o ambiente SN, apresentaram estimativas de SET abaixo de 0,07 % as seguintes combinações híbridas: L685 x L80 (0,00 %), L689 x L80 (0,00 %), L695 x L80 (0,05 %) e com destaque ao híbrido L695 x L75 (0,06 %) que se apresentou entre as cinco melhores combinações para as características IET e SET, nos dois ambientes CN e SN.

Tabela 12 – Agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott (1974), ao nível de 5 % de probabilidade, para 95 híbridos em ambientes contrastantes para a disponibilidade de nitrogênio.

Híbridos	IET		SET		Híbridos	IET		SET	
	CN	SN	CN	SN		CN	SN	CN	SN
L695xL70	19,96d	7,71g	0,91m	0,11m	L687xL80	38,60c	43,87c	1,42l	3,21i
L695x54	58,34a	45,75b	5,21f	4,26h	L696xL70	50,09b	44,89c	5,38f	2,25j
L693xP7	40,46c	47,92b	2,48j	13,32c	L692xL75	41,98c	44,03c	3,03i	6,82e
L691xL70	38,30c	37,48d	2,53j	2,21j	L688xL70	23,62d	19,34e	1,23m	2,08j
L686xL80	28,98d	11,76f	2,15k	0,26m	L683xL70	32,41c	12,81f	0,93m	0,17m
L695xL80	11,32e	1,73g	0,17n	0,05m	L685xL59	6,50e	11,95f	0,11n	0,72m
L685xL80	7,26e	0,00g	0,08n	0,00m	L685xL75	7,73e	4,66g	0,10n	0,13m
L689xP7	19,92d	9,26g	0,50n	0,75m	L691xL80	23,44d	26,39e	0,82m	0,40m
L686xL54	50,50b	36,06d	4,00h	3,43i	L690xL59	32,62c	29,11e	2,18k	1,31l
L688xL80	10,23e	6,44g	0,58n	0,37m	L685xP7	15,77e	14,52f	0,08n	1,14l
L692xL80	25,07d	17,70e	2,83j	0,89l	L693xL75	35,89c	21,53e	2,03k	1,27l
L689xL80	34,05c	6,78g	2,25k	0,00m	L683xL75	10,70e	20,72e	0,28n	0,14m
L693xL59	38,25c	34,57d	5,77f	2,12j	L682xL54	46,64b	27,63e	3,56i	4,37h
L684xL75	16,79e	12,65f	0,56n	0,27m	L691xL59	12,45e	20,67e	0,40n	1,29l
L691xL75	24,47d	10,10g	0,58n	0,24m	L688xL75	7,75e	15,76f	0,23n	0,43m
L695xL59	8,67e	8,01g	0,08n	0,11m	L682xL80	14,11e	16,56f	0,83m	0,15m
L687xL59	34,45c	28,19e	3,45i	2,34j	L691xP7	29,06d	21,92e	1,75k	0,95l
L689xL59	21,41d	9,86g	0,25n	0,32m	L683xL54	26,95d	31,81d	1,15m	1,32l
L688xP7	20,21d	6,62g	0,98m	0,21m	L683xP7	18,03e	17,64e	0,61n	0,55m
L690xL70	31,45c	35,32d	1,56l	2,95i	L684xL70	16,53e	31,89d	0,48n	1,31l

Tabela 12 – Cont.

Híbridos	IET		SET		Híbridos	IET		SET	
	CN	SN	CN	SN		CN	SN	CN	SN
L681xL54	33,94c	48,73b	2,10k	8,49d	L694xP7	36,21c	30,44d	2,74j	3,76i
L686xL70	32,31c	32,15d	1,04m	1,51k	L690xL75	17,57e	38,97c	0,26n	0,69m
L682xL59	15,72e	22,29e	0,80m	0,71m	L682xL70	52,02b	40,05c	3,37i	3,39i
L687xL70	52,00b	55,21b	7,74d	8,73d	L696xL54	41,97c	40,88c	3,79h	4,83h
L695xL75	6,99e	5,66g	0,07n	0,06m	L696xP7	40,19c	50,71b	3,91h	4,44h
L684xP7	30,15d	24,16e	0,84m	0,92l	L694xL54	48,03b	47,36b	2,62j	4,80h
L693xL70	58,05a	57,36a	8,78c	13,00c	L681xL80	17,69e	21,30e	0,43n	0,39m
L682xP7	31,82c	31,66d	2,46j	4,43h	L694xL80	33,31c	36,44d	0,73n	0,64m
L689xL70	21,35d	27,94e	0,61n	2,55j	L684xL54	10,31e	18,88e	0,21n	0,75m
L686xL75	22,08d	28,14e	0,22n	2,21j	L681xL59	40,08c	25,89e	1,13m	0,59m
L696xL80	18,22e	16,65f	0,61n	0,39m	L689xL54	39,38c	42,59c	1,95k	3,12i
L692xL59	29,97d	24,32e	2,73j	1,81k	L684xL80	10,76e	13,73f	0,24n	0,14m
L696xL59	23,32d	26,19e	1,08m	1,75k	L686xP7	29,58d	24,53e	1,45l	1,85k
L691xL54	40,36c	33,15d	1,86k	2,61j	L690xL80	26,92d	22,62e	1,02m	0,38m
L695xP7	14,92e	16,00f	0,48n	1,32l	L681xP7	38,58c	32,82d	1,88k	1,24l
L693xL80	36,08c	39,70c	1,55l	3,23i	L692xP7	42,15c	33,37d	4,90g	2,76j
L687xL75	21,08d	18,98e	1,15m	0,56m	L694xL59	24,34d	38,40c	1,46l	2,90i
L683xL59	22,05d	13,63f	0,50n	0,09m	L688xL59	15,17e	15,68f	0,45n	0,25m
L686xL59	15,87e	24,65e	1,03m	2,45j	L683xL80	14,81e	15,92f	0,07n	0,21m
L688xL54	28,19d	48,21b	0,99m	3,56i	L696xL75	29,63d	34,24d	1,64l	1,23l
L681xL70	45,43b	58,24a	1,28l	4,66h	L693xL54	48,40b	54,31b	8,23c	7,03e
L682xL75	25,35d	21,44e	1,60l	1,61k	L690xP7	28,66d	36,98d	2,18k	2,57j
L687xP7	48,11b	44,19c	4,48g	6,11f	L681xL75	15,70e	26,25e	0,39n	0,44m
L684xL59	18,39e	15,12f	0,57n	0,25m	L694xL75	40,05c	41,01c	2,60j	3,61i
L692xL70	67,34a	64,15a	14,59a	15,80a	L692xL54	40,46c	53,16b	6,54e	7,07e
L685xL70	23,04d	19,20e	0,89m	0,77m	L685xL54	20,76d	28,74e	1,15m	1,82k
L695xL54	24,57d	42,97c	1,37l	5,72g	UENFN03	33,73c	30,91d	2,19k	2,85i
L694xL70	58,48a	65,30a	9,78b	14,96b	HS02	51,58b	53,87b	4,48g	5,57g
L689xL75	5,64e	16,64f	0,12n	0,76m	HS01	33,08c	29,59e	1,52l	2,01k

Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo algoritmo de Scott-Knott (1974), ao nível de 5 % de probabilidade.

O híbrido L695xL80 demonstrou potencial de resistência a mancha de turcicum, estando entre as cinco menores estimativas para as duas variáveis avaliadas e também apresentou bom desempenho agrônômico em rendimento de grãos com 3103,93 e 1926,79 (kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão de 27,29 e 25,94 (g.mL⁻¹), nos ambientes CN e SN, respectivamente (Tabela suplementar 1).

5.2.2 Análise dialéctica de Griffing (1956) para mancha de turcicum

Pela análise dialéctica conjunta, considerando os ambientes com (CN) e sem (SN) adubação com nitrogênio em cobertura, observou-se para severidade média de *E. turcicum* (SET) significância ($p < 0,01$) para todas as fontes de variação (Tabela 13). O efeito significativo da fonte Genótipo, desdobrado em CGC I, CGC II e CEC, evidenciou existência de variabilidade ampla com a possibilidade de se encontrar fontes de resistência para a SET. Esses resultados também revelam a atuação de efeitos gênicos aditivos e não aditivos no controle da característica (Santos et al., 2020; Kurosawa et al., 2020). Assim como as significâncias das fontes CGC e CEC sugerem que os híbridos e seus genitores foram diferentes entre si quanto a SET.

As fontes de variação Ambiente e as interações do Ambiente com Genótipo, CGC I, CGC II e CEC foram significativas e indicam individualmente a comparação dos genótipos em separado, para cada ambiente, como também, os híbridos e seus genitores foram altamente influenciados pela adubação nitrogenada em cobertura, quanto a severidade da mancha de turcicum.

Em se tratando da incidência média (IET) foram significativas as fontes de variação: Genótipo, CGC I, CGC II, CEC, Genótipo x Ambiente, CGC-II x Ambiente e CEC x Ambiente. Assim como visto para SET, observou-se variabilidade entre os genótipos para ser explorada na busca de fontes de resistência, com efeitos gênicos aditivos e não aditivos para esta característica. Os efeitos significativos da interação da CGC II e CEC com o Ambiente, indicam que tanto os híbridos quanto os testadores (representantes da CGC II), apresentaram respostas distintas em função do ambiente N-contrastante. A interação Genótipo x Ambiente é resultado de instabilidade das manifestações genóticas entre ambientes, o que tem merecido especial atenção dos melhoristas por interferir nos processos de seleção (Venkovsky e Barriga, 1992).

Com relação as fontes Ambiente e CGC-I x Ambiente para IET, não houve efeito significativo, o que sugere a não diferenciação de performance entre os híbridos F1's e as linhagens (representantes da CGC I) genitoras, na avaliação dos ambientes CN e SN.

Considerando a existência de interação Genótipo x Ambiente, a seleção deve ser feita para cada ambiente específico, pois os alelos que controlam a

expressão de uma determinada característica sob condição nutricional adversa, são diferentes dos alelos que controlam a mesma característica em condições nutricionais ideais (Souza et al., 2009).

As estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) estão relacionadas com os efeitos gênicos aditivos e com a frequência de alelos favoráveis para a característica de interesse, já as estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) diz respeito ao desvio do comportamento médio do cruzamento em relação ao que seria esperado com base na CGC dos seus genitores em função dos efeitos gênicos não aditivos (dominância e epistasia) (Hallauer et al., 2010b, Rameeh, 2016).

Tabela 13 – Análise dialélica conjunta para incidência média (IET) e severidade média (SET) de *E. turcicum* em 90 híbridos de milho-pipoca avaliados sob dois níveis contrastantes em disponibilidade de nitrogênio.

FV	GL	Quadrados Médios	
		IET	SET
Genótipo (G)	89	1115,43**	40,72**
CGC I	14	3549,33**	110,22**
CGC II	5	6621,53**	171,80**
CEC	70	235,35*	17,46**
Ambiente (E)	1	29,12 ^{n,s}	33,02**
G x E	89	130,49**	5,42**
CGC I x E	14	68,16 ^{ns}	4,00**
CGC II x E	5	152,93**	10,22**
CEC x E	70	141,35**	5,36**
Resíduo	356	48,95	0,27

FV = Fonte de variação, GL = Graus de liberdade, IET = Incidência média de *E. turcicum*, SET = Severidade média de *E. turcicum*, CGC = Capacidade geral de combinação, CEC = Capacidade específica de combinação, **, * e n.s = Significativo em $P < 0,01$, Significativo em $P < 0,05$ e não-significativo, respectivamente, pelo teste F.

Para a análise dialélica individual, as características IET e SET foram significativas a 1 % de probabilidade para todas as fontes de variação, a saber: Genótipo, CGC I, CGC II e CEC, levando em consideração os dois ambientes, CN e SN (Tabela 14). Apesar do ambiente e algumas interações com o ambiente não terem sido significativas na análise conjunta, os resultados da análise individual mostram a alta significância ($p < 0,01$) da fonte Genótipo e do seu desdobramento

em CGC e CEC. Fato esse que indica variabilidade existente entre os híbridos F1's e seus genitores.

Considerando um aspecto genético, os significados dos quadrados médios da CGC e CEC confirmam a importância dos efeitos gênicos aditivos e não aditivos como causas da variação genética observada, para ambas características avaliadas. Diante disso, com o objetivo de uma aproximação da magnitude da presença dos efeitos gênicos que predominam no controle da resistência a mancha de turcicum, foi calculada a importância relativa (IR) dos efeitos das capacidades combinatórias (Baker, 1978).

Em relação a variável IET no ambiente CN, os efeitos gênicos aditivos (IR: CGC I e IR: CGC II) somaram 75,71 % da variação genética, enquanto os efeitos gênicos não aditivos (IR: CEC) apresentaram 24,33 % da variação genética existente. No ambiente SN, a importância relativa dos efeitos gênicos aditivos foi de 76,68 % e a porcentagem referente aos efeitos não aditivos foi de 23,32 %.

Tabela 14 – Análise dialélica individual para incidência média (IET) e severidade média (SET) de *E. turcicum* em 90 híbridos de milho-pipoca avaliados sob dois níveis contrastantes em disponibilidade de nitrogênio.

FV	GL	Quadrados Médios			
		IET		SET	
		CN	SN	CN	SN
Genótipo	89	575,07**	670,85**	15,80**	30,34**
CGC-I	14	1691,35**	1926,14**	45,79**	68,43**
CGC-II	5	3010,17**	3764,29**	53,73**	128,29**
CEC	70	177,87**	198,83**	7,09**	15,72**
Resíduo	178	50,41	47,48	0,37	0,17
IR (CGC-I)		46,26	45,16	45,59	35,48
IR (CGC-II)		29,41	31,52	19,10	23,76
IR (CEC)		24,33	23,32	35,31	40,76

FV = Fonte de variação, GL = Graus de liberdade, IET = Incidência média de *E. turcicum*, SET = Severidade média de *E. turcicum*, CGC.I = Capacidade geral de combinação das linhagens, CGC.II = Capacidade geral de combinação dos testadores, CEC = Capacidade específica de combinação, IR(CGCI) = Importância relativa da CGC das linhagens, IR(CGCI) = Importância relativa da CGC dos testadores, IR (CEC) = Importância relativa da CEC, ** = Significativo em $P < 0,01$ pelo teste F.

Levando em consideração a variável SET, observou-se menor discrepância entre efeitos gênicos aditivo e não-aditivo no controle da variável. No

ambiente com N em cobertura, os efeitos gênicos aditivos representaram 64,69 % da variação total. Para o ambiente sem N em cobertura, os efeitos aditivos retrataram 59,24 % contra 40,76 % de efeitos gênicos não-aditivos sobre o controle da severidade de *E. turcicum*. Portanto, na comparação entre as duas variáveis, SET apresentou maior equilíbrio na atuação de efeitos gênicos aditivos e não-aditivos.

Esses resultados são similares aos encontrados por Vieira et al. (2011), trabalhando com análise dialélica de Griffing (1956) na avaliação das doenças fúngicas helmintosporiose e cercosporiose em híbridos de milho-pipoca, os autores concluíram que a variabilidade genética fora de natureza aditiva e não-aditiva para a resistência a mancha de turcicum, contudo, os genes de efeitos aditivos sobressaíram-se em relação aos efeitos não-aditivos. Resultados análogos também foram observados no trabalho de Vivek et al. (2010) avaliando sete doenças em 12 linhagens de milho, observaram os efeitos gênicos aditivos responsáveis por 67 % da resistência às doenças, incluindo *E. turcicum*.

Neste trabalho, similarmente, no que tange a resistência a mancha de turcicum, os efeitos gênicos aditivos tiveram maior contribuição no controle das variáveis analisadas, indicando que para esse grupo de genótipos, nas condições experimentais propostas, os métodos de melhoramento intrapopulacionais são mais indicados para se obter ganhos de seleção e maior controle da doença.

5.2.3 Estimativas da capacidade geral de combinação para mancha de turcicum

De acordo com Cruz e Vencovsky (1989), o genitor que apresenta as menores estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) possui menor frequência de alelos favoráveis com efeitos aditivos para a característica estudada. Neste estudo, estimativas negativas de \hat{g}_i são desejáveis para resistência a doenças, uma vez que se busca a redução dessa característica, o inverso do que se deseja no caso da maioria das características agrônômicas associadas a produção.

IET, as linhagens L683, L684, L685, L688, L689 e L695 apresentaram estimativas negativas de \hat{g}_i tanto para o ambiente CN quanto para SN, como pode ser observado no quadrante inferior esquerdo (Figura 4). Entre as seis genitoras supracitadas destacaram-se L685 e L695 que tiveram as maiores estimativas negativas, o que lhes confere maior chance de contribuir para redução da incidência quando utilizadas em combinações híbridas.

Para SET, sobressaíram-se novamente as mesmas seis linhagens superiores citadas para IET, considerando as duas condições contrastantes de adubação com nitrogênio em cobertura. As linhagens L684 e L685 tiveram as melhores estimativas de \hat{g}_i , conseqüentemente, são mais promissoras para serem usadas em cruzamentos com o intuito de reduzir a severidade de *B. maydis*.

Quanto à capacidade geral de combinação dos testadores (\hat{g}_j), assim como para os efeitos de \hat{g}_i nas linhagens, observou-se que os genitores apresentaram pouca oscilação das estimativas quando feito a comparação entre os ambientes CN e SN. Os testadores L80, L75 e L59 foram os três melhores genitores, pois apresentaram estimativas de \hat{g}_j negativas para IET e SET nos dois ambientes, assim demonstrado nos dois quadrantes inferiores do lado esquerdo de cada variável (Figura 4). Dessa forma, tornam-se genitores promissores para redução de mancha de turcicum, uma vez que apresentam maior probabilidade de transmitir aos híbridos alelos favoráveis na redução da característica.

5.2.4 Estimativas da capacidade específica de combinação para mancha de turcicum

A capacidade específica de combinação (CEC) é entendida como o desvio do desempenho do híbrido em relação ao seus pais ao realizar a análise de capacidade geral de combinação (CGC). Todavia, um valor absoluto baixo de \hat{S}_{ij} indica que não há muita diferença entre o comportamento do híbrido e de seus pais. Em contrapartida, um valor absoluto mais alto de \hat{S}_{ij} indica que uma combinação híbrida específica tem desempenho melhor ou pior do que o desempenho esperado com base no CGC de seus genitores (Cruz et al., 2012).

Com relação aos efeitos da capacidade específica de combinação de (\hat{S}_{ij}), foi observado desvios positivos e negativos para IET e SET nos ambientes com (CN) e sem (SN) nitrogênio em cobertura (Tabela 15). Considerando a

variável IET na condição CN, as melhores combinações híbridas foram: L684 x L54, L689 x L70 e L690 x L70. As três melhores combinações apresentaram estimativas de \hat{S}_{ij} negativas inferiores a -10,00 se destacando dos demais genótipos. Em relação as estimativas de \hat{S}_{ij} para IET na condição SN, sobressaíram-se as combinações híbridas L693 x L75, L695 x L70, L683 x L70 e L684 x L54 por apresentarem estimativas de \hat{S}_{ij} com magnitudes menores que -13,00.

No tocante a variável SET, para as duas condições contrastantes de nitrogênio, também se observa desvios positivos e negativos das estimativas de \hat{S}_{ij} (Tabela 15). Porém, as magnitudes das estimativas são bem inferiores quando comparadas com os valores encontrados para IET. Com a adubação de nitrogênio em cobertura, as combinações L693 x L80, L693 x P7, L686 x L70, L692 x L59 e L690 x L70 apresentaram valores de \hat{S}_{ij} inferiores a -2,08, sendo estas as melhores cinco estimativas para SET. Para a condição sem nitrogênio em cobertura, se destacaram como superiores os pares L693 x L75, L692 x P7, L693 x L59, L695 x L70 e L692 x L80, com as cinco menores estimativas de \hat{S}_{ij} para a variável SET.

Para IET e SET, é possível observar que as melhores combinações encontradas no ambiente CN, apresentaram valores pouco negativos ou até mesmo positivos para o ambiente SN. O recíproco também é verdadeiro considerando as melhores combinações encontradas na condição SN.

Tabela 15 - Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{S}_{ij}), avaliadas em um dialelo parcial de Griffing (1956), com 21 genitores, considerando ambientes contrastantes para a disponibilidade de nitrogênio.

Estimativas dos Efeitos de CEC									
Híbridos	IET		SET		Híbridos	IET		SET	
	CN	SN	CN	SN		CN	SN	CN	SN
L681xP7	5,52	-1,86	0,76	-1,69	L689xL59	4,02	-2,91	-0,03	0,35
L681xL75	-8,87	-4,65	0,17	-1,13	L689xL80	17,50	-1,55	2,24	0,64
L681xL70	3,39	13,21	-1,51	-0,10	L689xL54	6,39	11,16	-0,08	0,05
L681xL59	14,42	-3,58	0,59	-0,77	L690xP7	-5,09	3,05	0,19	0,25
L681xL80	-7,14	-3,73	0,17	-0,35	L690xL75	-7,69	8,82	-0,83	-0,27
L681xL54	-7,33	0,60	-0,18	4,03	L690xL70	-11,28	-8,97	-2,09	-1,20
L682xP7	-0,28	5,91	0,44	1,70	L690xL59	6,27	0,39	0,77	0,56
L682xL75	1,74	-0,52	0,48	0,23	L690xL80	1,40	-1,66	-0,11	0,24

Tabela 15 – Cont.

Estimativas dos Efeitos de CEC									
Híbridos	IET		SET		Híbridos	IET		SET	
	CN	SN	CN	SN		CN	SN	CN	SN
L682xL70	10,94	3,95	-0,32	-1,18	L690xL54	16,39	-1,63	2,06	0,41
L682xL59	-8,99	1,76	-0,64	-0,45	L691xP7	-0,11	-2,17	0,51	-0,62
L682xL80	-9,76	0,47	-0,33	-0,40	L691xL75	3,79	-10,21	0,24	0,02
L682xL54	6,34	-11,56	0,38	0,11	L691xL70	0,15	3,03	-0,38	-1,20
L683xP7	-3,95	-0,26	0,10	-0,15	L691xL59	-9,33	1,79	-0,26	1,29
L683xL75	-2,79	6,61	0,67	0,79	L691xL80	2,50	11,95	0,44	1,01
L683xL70	1,45	-15,44	-1,25	-2,37	L691xL54	2,99	-4,39	-0,54	-0,49
L683xL59	7,46	0,95	0,57	0,96	L692xP7	-0,17	-5,23	-0,59	-3,39
L683xL80	1,06	7,68	0,42	1,69	L692xL75	8,16	9,22	-1,55	2,03
L683xL54	-3,24	0,47	-0,52	-0,91	L692xL70	16,05	15,20	6,21	7,82
L684xP7	11,84	5,61	0,44	0,02	L692xL59	-4,95	-9,06	-2,17	-2,77
L684xL75	6,97	-2,11	1,06	0,73	L692xL80	-9,02	-11,24	-1,80	-3,08
L684xL70	-10,76	2,99	-1,59	-1,42	L692xL54	-10,06	1,12	-0,11	-0,61
L684xL59	7,47	1,79	0,75	0,92	L693xP7	-3,55	6,21	-2,22	6,37
L684xL80	0,68	4,84	0,70	1,42	L693xL75	0,37	-16,39	-1,77	-4,33
L684xL54	-16,21	-13,11	-1,35	-1,68	L693xL70	5,06	5,30	2,42	4,22
L685xP7	1,11	2,20	-0,24	0,09	L693xL59	1,63	-1,92	1,62	-3,26
L685xL75	1,56	-3,88	0,68	0,43	L693xL80	0,30	7,65	-2,29	-1,54
L685xL70	-0,60	-3,47	-1,10	-2,12	L693xL54	-3,82	-0,84	2,23	-1,45
L685xL59	-0,77	4,84	0,37	1,24	L694xP7	-5,02	-11,86	-0,56	-1,64
L685xL80	0,83	-2,67	0,62	1,13	L694xL75	7,32	2,49	0,21	-0,44
L685xL54	-2,11	2,97	-0,33	-0,76	L694xL70	8,28	12,65	5,15	7,73
L686xP7	-1,46	-0,83	-0,13	-0,39	L694xL59	-9,49	1,31	-1,25	-0,93
L686xL75	-0,47	6,57	-0,45	1,32	L694xL80	0,32	3,80	-1,71	-2,58
L686xL70	-7,71	-3,56	-2,20	-2,57	L694xL54	-1,40	-8,39	-1,84	-2,13
L686xL59	-7,78	4,51	0,04	1,78	L695xP7	-0,64	3,18	0,05	-0,20
L686xL80	6,17	-3,94	1,43	0,20	L695xL75	-0,08	-3,38	0,54	-0,11
L686xL54	11,25	-2,74	1,31	-0,34	L695xL70	-4,58	-15,47	-1,19	-3,24
L688xP7	1,53	-11,20	0,32	-1,23	L695xL59	0,50	0,40	0,23	0,16
L688xL75	-2,44	1,73	0,47	0,34	L695xL80	3,99	-1,44	0,60	0,71
L688xL70	-4,04	-8,83	-1,10	-1,19	L695xL54	0,80	16,70	-0,22	2,67
L688xL59	3,88	3,08	0,37	0,38	L696xP7	5,13	15,97	1,30	1,67
L688xL80	-0,22	-1,72	0,78	1,11	L696xL75	3,06	3,29	-0,07	-0,19
L688xL54	1,30	16,95	-0,83	0,59	L696xL70	6,05	-0,20	0,86	-2,36
L689xP7	-4,86	-8,73	-0,37	-0,79	L696xL59	-4,35	-3,33	-0,95	0,55
L689xL75	-10,65	2,44	0,16	0,57	L696xL80	-8,61	-8,43	-1,15	-0,20
L689xL70	-12,41	-0,40	-1,92	-0,82	L696xL54	-1,30	-7,30	0,02	0,53

Na avaliação da IET cabe destacar que a combinação L684 x L54, a qual ocupa a primeira posição no ambiente CN com estimativa \hat{S}_{ij} de -16,21, no

ambiente SN ficou na quarta posição, com estimativa \hat{S}_{ij} de -13,11, portanto, está entre as quatro melhores combinações, considerando os dois ambientes. Essa observação permite deduzir que, para algumas combinações híbridas, os dois ambientes N-contrastantes não alteraram drasticamente a reação à mancha de turcicum dos genótipos avaliados. Isso pode ser mais facilmente compreendido quando se observa combinações híbridas com estimativas de \hat{S}_{ij} intermediárias, onde os genótipos tiverem estimativas positiva ou negativas e próximas a zero, sem apresentar muitas variações.

Nenhuma das combinações híbridas conseguiu se destacar entre as cinco melhores estimativas de \hat{S}_{ij} para incidência e severidade nos ambientes CN e SN. Contudo, os pares L684 x L54, L692 x L80 e L690 x L70 apresentaram, em geral, estimativas negativas para as duas características nos dois ambientes, sendo portanto, possíveis fontes de resistência a mancha de turcicum.

5.2.5 Estimativas de heterose para mancha de turcicum

A manifestação da heterose em um cruzamento é controlada pela existência de genes com grau parcial a completo de dominância controlando o caráter, o que pode ser função da diversidade genética entre progenitores (Hallauer et al., 2010a).

As estimativas de heterose para a incidência média (IET) e severidade média (SET) de mancha de turcicum foram de baixas magnitudes negativas, nas duas condições N-contrastantes, o que pode ser explicado também pelas baixas estimativas observadas de CEC para essas variáveis (Tabela 15).

No que se refere a característica IET, no ambiente CN, a maioria dos cruzamentos tiveram expressão da heterose negativa e as menores estimativas foram denotadas pelos híbridos L684 x L54 (-0,78), L689 x L75 (-0,72), L684 x L70 (-0,67) e L695 x L75 (-0,67).

Considerando a condição SN, os híbridos L685 x L80 (-1,00) e L695 x L80 (-0,92), L695 x L70 (-0,84) e L688 x P7 (-0,83) tiveram as quatro maiores magnitudes negativas de heterose. Para esta variável, o ambiente SN apresentou maior número de cruzamentos com heterose negativa e também teve as menores estimativas em valores absolutos em comparação com o ambiente CN.

Tabela 16 – Estimativas da heterose padrão para 84 híbridos avaliados em ambientes contrastantes para a disponibilidade de nitrogênio.

HETEROSE									
Híbridos	IET		SET		Híbridos	IET		SET	
	CN	SN	CN	SN		CN	SN	CN	SN
L681 x P7	-0,16	-0,42	-0,30	-0,82	L689 x P7	-0,33	-0,73	-0,75	-0,85
L681 x L75	-0,57	-0,36	-0,73	-0,80	L689 x L75	-0,72	-0,10	-0,83	0,61
L681 x L70	-0,25	-0,07	-0,71	-0,44	L689 x L70	-0,52	-0,30	-0,84	-0,62
L681 x L59	0,09	-0,42	-0,25	-0,79	L689 x L59	0,05	-0,55	-0,68	-0,72
L681 x L80	-0,39	-0,38	-0,55	-0,83	L689 x L80	1,66	-0,44	8,49	-1,00
L681 x L54	-0,41	-0,21	-0,53	0,28	L689 x L54	-0,04	0,07	-0,47	-0,37
L682 x P7	0,09	-0,23	0,33	-0,23	L690 x P7	-0,31	-0,34	-0,35	-0,65
L682 x L75	0,29	-0,16	1,75	0,39	L690 x L75	-0,45	-0,04	-0,88	-0,75
L682 x L70	0,17	-0,15	-0,07	-0,54	L690 x L70	-0,45	-0,43	-0,70	-0,67
L682 x L59	-0,22	-0,24	0,18	-0,61	L690 x L59	0,00	-0,34	-0,01	-0,61
L682 x L80	0,13	-0,14	5,33	-0,89	L690 x L80	0,08	-0,34	-0,38	-0,87
L682 x L54	0,15	-0,41	-0,01	-0,22	L690 x L54	0,10	-0,26	0,02	-0,41
L683 x P7	-0,50	-0,62	-0,67	-0,90	L691 x P7	-0,15	-0,40	-0,09	-0,82
L683 x L75	-0,60	-0,32	-0,50	-0,87	L691 x L75	-0,01	-0,51	-0,11	-0,64
L683 x L70	-0,37	-0,76	-0,74	-0,98	L691 x L70	-0,22	-0,12	-0,32	-0,68
L683 x L59	-0,19	-0,60	-0,25	-0,95	L691 x L59	-0,50	-0,15	-0,47	-0,03
L683 x L80	-0,24	-0,34	-0,39	-0,84	L691 x L80	0,35	0,83	3,02	-0,55
L683 x L54	-0,43	-0,39	-0,68	-0,76	L691 x L54	-0,11	-0,21	-0,49	-0,49
L684 x P7	-0,13	-0,50	-0,68	-0,84	L692 x P7	-0,27	-0,48	-0,24	-0,75
L684 x L75	-0,34	-0,62	-0,57	-0,79	L692 x L75	-0,13	-0,10	-0,42	0,08
L684 x L70	-0,67	-0,42	-0,89	-0,82	L692 x L70	-0,07	-0,09	0,61	0,27
L684 x L59	-0,29	-0,59	-0,60	-0,87	L692 x L59	-0,38	-0,54	-0,49	-0,74
L684 x L80	-0,41	-0,49	-0,72	-0,90	L692 x L80	-0,39	-0,59	-0,41	-0,86
L684 x L54	-0,78	-0,65	-0,95	-0,87	L692 x L54	-0,41	-0,24	-0,21	-0,34
L685 x P7	-0,29	-0,56	-0,95	-0,78	L693 x P7	0,31	0,01	0,16	1,11
L685 x L75	-0,40	-0,73	-0,81	-0,75	L693 x L75	0,68	-0,33	1,34	-0,25
L685 x L70	-0,38	-0,51	-0,75	-0,88	L693 x L70	0,26	0,07	1,24	0,66
L685 x L59	-0,51	-0,43	-0,81	-0,38	L693 x L59	0,76	-0,03	4,97	-0,10
L685 x L80	0,31	-1,00	0,39	-1,00	L693 x L80	1,56	0,55	2,71	0,70
L685 x L54	-0,39	-0,25	-0,67	-0,63	L693 x L54	0,14	0,02	1,09	0,14
L686 x P7	-0,14	-0,47	-0,36	-0,67	L694 x P7	-0,35	-0,47	-0,19	-0,52
L686 x L75	-0,11	-0,08	-0,78	1,14	L694 x L75	-0,13	-0,02	0,22	0,13
L686 x L70	-0,35	-0,39	-0,74	-0,79	L694 x L70	-0,17	0,03	0,95	0,60
L686 x L59	-0,37	-0,28	-0,04	0,45	L694 x L59	-0,48	-0,16	-0,35	-0,24
L686 x L80	0,65	-0,52	3,01	-0,79	L694 x L80	-0,14	0,02	-0,57	-0,81
L686 x L54	0,10	-0,30	0,01	-0,38	L694 x L54	-0,28	-0,25	-0,49	-0,37
L688 x P7	-0,20	-0,83	-0,45	-0,96	L695 x P7	-0,52	-0,63	-0,74	-0,77
L688 x L75	-0,51	-0,30	-0,55	-0,20	L695 x L75	-0,67	-0,79	-0,87	-0,95
L688 x L70	-0,42	-0,56	-0,66	-0,69	L695 x L70	-0,57	-0,84	-0,75	-0,99
L688 x L59	-0,07	-0,40	-0,26	-0,79	L695 x L59	-0,60	-0,74	-0,87	-0,94
L688 x L80	0,19	-0,60	8,67	-0,50	L695 x L80	-0,20	-0,92	0,39	-0,96
L688 x L54	-0,23	0,10	-0,72	-0,29	L695 x L54	-0,42	-0,12	-0,62	0,02

A proeminência do ambiente SN pode estar relacionada e concordando com as estimativas de CGC (Figura 4), as quais também foram superiores para a maioria dos genitores, contribuindo para aumentar os efeitos de heterose negativa, para esta variável.

No tocante a variável SET, o ambiente CN teve os híbridos L684 x L54 (-0,95) e L685 x P7 (-0,95) com as estimativas de heterose mais negativas. Enquanto no ambiente SN, as menores magnitudes de heterose foram observadas nos híbridos L685 x L80 (-1,00) e L689 x L80 (-1,00). Análogo ao notado na variável IET, a condição SN também externou ligeira superioridade em quantidade e valores absolutos para as estimativas de heterose negativa para SET (Tabela 16).

Analisando a performance dos testadores em combinação com cada uma das 14 linhagens, na condição CN, o testador L75 foi superior aos demais, onde teve as menores estimativas de heterose com 6 linhagens para IET e com 5 linhagens para SET. Enquanto para o ambiente SN, sobressaiu-se o testador L80, que obteve as melhores heteroses com 4 linhagens para a variável IET e com 10 linhagens para SET.

6. CONCLUSÕES

O fator adubação com nitrogênio alterou as estimativas das capacidades combinatórias dos genótipos, principalmente, da capacidade específica de combinação.

Os efeitos gênicos aditivos e não-aditivos atuam no controle das doenças avaliadas, porém, os efeitos gênicos aditivos foram predominantes no controle da resistência a *B. maydis* e *E. turcicum* em ambos ambientes N-contrastantes.

A severidade se mostrou mais eficiente na avaliação e seleção das possíveis fontes de resistência, uma vez que se observou um padrão mais definido na performance dos genótipos, além de maior coeficiente de determinação genotípico (H^2), o que garante maiores chances de ganhos com essa variável.

Para a mancha de bipolaris, o híbrido L683xL70 e os genitores L70 e L80 apresentaram respostas positivas de resistência em ambas condições de N-contrastantes. Enquanto para a mancha de turcicum, o híbrido L695xL80 e os genitores L75 e L80 representaram as melhores estimativas de resistência nas duas condições de adubação com nitrogênio.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ali, F., Pan, Q., Chen, G., Zahid, K. R., & Yan, J. (2013). Evidence of multiple disease resistance (MDR) and implication of meta-analysis in marker assisted selection. *Plos One*, 8(7), e68150.
- Almeida, V. C., Viana, J. M. S., DeOliveira, H. M., Risso, L. A., Ribeiro, A. F. S., & DeLima, R. O. (2018). Genetic diversity and path analysis for nitrogen use efficiency of tropical popcorn (*Zea mays* ssp. *everta*) inbred lines in adult stage. *Plant Breeding*, 137(6), 839-847.
- Amaral Júnior, A. T. D., Gonçalves, L. S. A., Freitas Júnior, S. D. P., Candido, L. S., Vittorazzi, C., Pena, G. F., ... & Carvalho, G. F. D. (2013). UENF 14: a new popcorn cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 13(3), 218-220.
- Amaral Júnior, A. T., Dos Santos, A., Gerhardt, I. F. S., Kurosawa, R. N. F., Moreira, N. F., & Pereira, M. G. (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., Poltronieri, T.P.S., Santos, P.H.D., Vivas, M., Gerhardt, I.F.S., Carvalho, B.M., Freitas, C.S., Silveira, S.F. (2019). Reaction of popcorn lines (s7) cultivated in distinct phosphorus levels to *Bipolaris maydis* infection. *Summa Phytopathol.* 45:18-22.

- Baker, R. J. (1978). Issues in diallel analysis. *Crop science*, 18(4), 533-536.
- Beadle, G. W. (1978). Teosinte and the origin of maize. *Maize breeding and genetics*, 8, 113-141.
- Bellincampi, D., Cervone, F., & Lionetti, V. (2014). Plant cell wall dynamics and wall-related susceptibility in plant–pathogen interactions. *Frontiers in plant science*, 5, 228.
- Blecher, B. (2019). Brasil já é segundo maior produtor de milho pipoca do mundo. Disponível em >
<https://revistagloborural.globo.com/Colunas/brunoblecher/noticia/2019/05/brasil-ja-e-segundo-maior-produtor-de-milho-pipocado-mundo.html>< Acesso em 28 de março de 2020.
- Brasil (2021). Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Registro Nacional de Cultivares – RNC. Disponível em:<
<http://www.agricultura.gov.br/>>. Acesso em janeiro de 2021.
- Carlos, D. L. (1997). Diseases of maize in South-east Asia relevance and management. In *International conference on integrated plant disease management for sustainable agriculture*, 22.
- Coan, M. M. D., Pinto, R. J. B., Scapim, C. A. (2018). Melhoramento de Milho Especiais. In: De LIMA, R.O, Borém, A. *Melhoramento de Milho*, 396.
- Cruz, C. D. (2013). Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35(3), 271-276.
- Cruz, C. D., & Vencovsky, R. (1989). Comparação de alguns métodos de análise dialélica. *Revista Brasileira de Genética*, 12(2), 425-438.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J. (2001). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed. rev. Viçosa: Editora UFV, 390.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2004). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3.ed. Viçosa: Editora UFV, 480.

- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4.ed. Viçosa: Editora UFV,1, 514.
- Dawande, R. Popcorn Market by Type (Microwave Popcorn and Ready-to-eat Popcorn) and End User (Household and Commercial) - Global Opportunity Analysis and Industry Forecast, 2017-2023. Allied Market Research, (2018). Disponível em: <https://www.alliedmarketresearch.com/popcornmarket>. Acesso em: 05 dez. 2020.
- de Vasconcelos, E. S., Reis, M. S., Sedyama, T., & Cruz, C. D. (2012). Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. *Semina: Ciências Agrárias*, 33(1), 65-76.
- Devadas, R., Simpfendorfer, S., Backhouse, D., & Lamb, D. W. (2014). Effect of stripe rust on the yield response of wheat to nitrogen. *The Crop Journal*, 2(4), 201-206.
- Ding, J., Ali, F., Chen, G., Li, H., Mahuku, G., Yang, N., ... & Yan, J. (2015). Genome-wide association mapping reveals novel sources of resistance to northern corn leaf blight in maize. *BMC plant biology*, 15(1), 1-11.
- Dordas, C. (2008). Role of nutrients in controlling plant diseases in sustainable agriculture. A review. *Agronomy for sustainable development*, 28(1), 33-46.
- Ematné, H. J., Souza, J. C. D., Biudes, G. B., Nunes, J. A. R., & Guedes, F. L. (2012). Genetic progress of phenotypic recurrent selection in popcorn. *Ciência e Agrotecnologia*, 36(1), 25-30.
- Fagard, M., Launay, A., Clément, G., Courtial, J., Dellagi, A., Farjad, M., ... & Masclaux-Daubresse, C. (2014). Nitrogen metabolism meets phytopathology. *Journal of experimental botany*, 65(19), 5643-5656.
- Falconer, D. S. (1987). *Introduction to quantitative genetics*. 3.ed. Harlon: Longman Scientific and Technical, 279.

- 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, Jaboticabal*, 17(2), 90-99.
- Freitas Júnior, S. D. P., do Amaral Júnior, A. T., Rangel, R. M., & Viana, A. P. (2009). Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9(1), 1-7.
- Galiano-Carneiro, A. L., & Miedaner, T. (2017). Genetics of resistance and pathogenicity in the maize/*Setosphaeria turcica* pathosystem and implications for breeding. *Frontiers in plant science*, 8, 1490.
- Galinat, W. C. (1973). Intergenomic mapping of maize, teosinte and *Tripsacum*. *Evolution*, 644-655.
- Galinat, W. C. (1977). The origin of corn. In: Sprague, G.F. (ed.) *Corn and corn improvement*. New York: Academic Press, 48p.
- Galinat, W. C. (1979). Maize. Basle, Switzerland: *Ciba Gergy Agrochemicals*, 105.
- Germani, R., Pacheco, C. A. P., & Carvalho, C. W. P. D. (1997). Características físicas e químicas dos principais cultivares de milho pipoca plantados no Brasil. *Arquivo de Biologia e Tecnologia*, 40(1), 19-27.
- Goodman, M. M., Smith, J. S. C. (1987). Botânica In: Paterniani, E., Viegas, G. P. Melhoria e produção de milho. Campinas: *Fundação Cargil*, cap.1, 41-78p.
- Griffing, B. R. U. C. E. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian journal of biological sciences*, 9(4), 463-493.
- Hallauer, A. R., & Darrah, L. L. (1985). Compendium of recurrent selection methods and their application. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 3(1), 1-33.
- Hallauer, A. R., Carena, M. J., Miranda Filho, J. B (2010a). "Testers and combining ability." *Quantitative genetics in maize breeding*. Springer, New York, NY, 383-423.

- Hallauer, A. R., Miranda Filho, J. B., & Carena, M. J. (2010b). Inbreeding. In *Quantitative Genetics in Maize Breeding* (pp.). Springer, New York, NY. 425-475
- Harlapur, S. I., Kulkarni, M. S., Wali, M. C., & Kulkarni, S. (2010). Evaluation of plant extracts, bio-agents and fungicides against *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard and Suggs. causing Turcicum leaf blight of Maize. *Karnataka Journal of Agricultural Sciences*, 20(3), 541-544.
- Hoffland, E., Jeger, M. J., & van Beusichem, M. L. (2000). Effect of nitrogen supply rate on disease resistance in tomato depends on the pathogen. *Plant and Soil*, 218(1), 239-247.
- Hoseney, R. C., Zeleznak, K., & Abdelrahman, A. (1983). Mechanism of popcorn popping. *Journal of Cereal Science*, 1(1), 43-52.
- Huang, H., Nguyen Thi Thu, T., He, X., Gravot, A., Bernillon, S., Ballini, E., & Morel, J. B. (2017). Increase of fungal pathogenicity and role of plant glutamine in nitrogen-induced susceptibility (NIS) to rice blast. *Frontiers in plant science*, 8, 265.
- Huber, D. M., & Thompson, I. A. (2007). Nitrogen and plant disease. Mineral nutrition in Minnesota. *Soil Tillage Res*, 55, 127-142.
- Huber, D. M., & Watson, R. D. (1974). Nitrogen form and plant disease. *Annual review of phytopathology*, 12(1), 139-165.
- James, W. C. (1971). A manual of disease assessment keys for plant diseases. *Canada. Department of Agriculture Publication*, 1458, 80.
- Kachapur, M. R., & Hegde, R. K. (1988). Studies on turcicum blight of maize (*Zea mays* L.) caused by *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs with special reference to crop loss assessment. *Plant Pathology Newsletter*, 6(1-2), 33-35.
- Kant, S., Bi, Y. M., & Rothstein, S. J. (2011). Understanding plant response to nitrogen limitation for the improvement of crop nitrogen use efficiency. *Journal of experimental botany*, 62(4), 1499-1509.

- Karimishahri, M. R., Sharma, R. C. (2017). Inheritance of resistance to maydis leaf blight in maize. *Agriculture & Forestry*, 63(1), 261-275.
- Kist, B.B., Carvalho, C., Beling, R.R (2019) Anuário brasileiro do milho - Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz, 48.
- Krupinsky, J. M., Halvorson, A. D., Tanaka, D. L., & Merrill, S. D. (2007). Nitrogen and tillage effects on wheat leaf spot diseases in the northern Great Plains. *Agronomy Journal*, 99(2), 562-569.
- Kurosawa, R. D. N. F., do Amaral Júnior, A. T., Vivas, J. M. S., Vivas, M., Kamphorst, S. H., de Lima, V. J., & de Almeida, R. N. (2020). Selection of popcorn hybrids resistant to southern corn leaf blight grown in distinct N availability. *European Journal of Plant Pathology*, 158(2), 485-493.
- Kurosawa, R. D. N. F., Vivas, M., Amaral, A. T. D., Ribeiro, R. M., Miranda, S. B., Pena, G. F., Mora, F. (2018). Popcorn germplasm resistance to fungal diseases caused by *Exserohilum turcicum* and *Bipolaris maydis*. *Bragantia*, 77(1), 36-47.
- Kurosawa, R. N., Vivas, M., Júnior, A. T. A., dos Santos, A., Mafra, G. S., Guimarães, A. G., & Schwantes, I. A. (2016). Reaction of popcorn germplasm to polysora rust under field conditions and natural inoculation. *Tropical Plant Pathology*, 41(6), 415-422.
- Kurosawa, R.N.F., Fernando, I., Gerhardt, S., Neto, R.F. (2017). GGE Biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. *Ciência e Agrotecnologia*, 41(1):22-3
- Larish, L. L. B., & Brewbaker, J. L. (1999). Diallel analyses of temperate and tropical popcorns. *Maydica*, 44(4), 279-284.
- Lecompte, F., Abro, M. A., & Nicot, P. C. (2010). Contrasted responses of *Botrytis cinerea* isolates developing on tomato plants grown under different nitrogen nutrition regimes. *Plant pathology*, 59(5), 891-899.
- Lima, V. J., do Amaral Junior, A. T., Kamphorst, S. H., Pena, G. F., Leite, J. T., Schmitt, K. F., ... & Mora, F. (2016). Combining ability of S3 progenies for key

- agronomic traits in popcorn: comparison of testers in top-crosses. *Genetics and Molecular Research: GMR*, 15(4).
- Manarini, T. (2012) Pipoca: ela arrebenta!: Disponível em < <http://liessin.com.br/documentos/materias/Pipoca.pdf>>. Acesso em maio de 2020.
- Mangesdorf, P. C. (1974). Corn its origin, evolution and improvement. Cambridge: *Harvard University Press*, 262.
- Manoza, F. S., Mushongi, A. A., Harvey, J., Wainaina, J., Wanjuki, I., Ngeno, R., ... & Massomo, S. M. (2017). Potential of using host plant resistance, nitrogen and phosphorus fertilizers for reduction of *Aspergillus flavus* colonization and aflatoxin accumulation in maize in Tanzania. *Crop protection*, 93, 98-105.
- Munkvold, G. P., & White, D. G. (Eds.). (2016). *Compendium of corn diseases*. St. Paul, MN: *American Phytopathological Society Press*, 165, 659.
- Mur, L. A., Simpson, C., Kumari, A., Gupta, A. K., & Gupta, K. J. (2017). Moving nitrogen to the centre of plant defence against pathogens. *Annals of botany*, 119(5), 703-709.
- Nihei, T. H., & Ferreira, J. M. (2012). Análise dialélica de linhagens de milho com ênfase na resistência a doenças foliares. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47(3), 369-377.
- Noor, M., ur Rahman, H., & Iqbal, M. (2015). Evaluation of Popcorn inbred lines for disease severity. *Pure and Applied Biology*, 4(3), 288.
- Oliveira, N. C. D., Suzukawa, A. K., Pereira, C. B., Santos, H. V., Hanel, A., Albuquerque, F. A. D., & Scapim, C. A. (2018). Popcorn genotypes resistance to fall armyworm. *Ciência Rural*, 48(2).
- Ortega, I. S., & Pérez-Urria Carril, E. (2014). Maíz I (*Zea mays*). *REDUCA Biología*, 7(2), 151-171.
- Pena, G. F., Amaral Júnior, A. D., Gonçalves, L. S. A., Candido, L. S., Vittorazzi, C., Ribeiro, R. M., & Freitas Júnior, S. P. (2012). Stability and adaptability of

- popcorn genotypes in the State of Rio de Janeiro, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 11(3), 3042-3050.
- Perkins, J. M., & Pedersen, W. L. (1987). Disease development and yield losses associated with northern leaf blight on corn. *Plant Disease*, 71(10), 940-943.
- Rameeh, V. (2016). Combining ability analysis of rapeseed genotypes under restricted nitrogen application. *Journal of oilseed brassica*, 1(1), 7-12.
- Raymundo, A. D., Perkins, J. M., and Hooker, A. L. (1981). Effect of gene *HtN* on the development of northern corn leaf blight epidemics. *Plant Disease*, 65, 327–330.
- Razzaq, T., Khan, M. F., Awan, S. I., Tariq, H., & Ilyas, M. (2019). Screening of maize genotypes under northern corn leaf blight (NCLB) epiphytotic at rawlakot azad kashmir. *Pak. J. Bot*, 51(5), 1865-1875.
- Reis, E. M., Casa, T., Bresolin, A. R. (2004). Manual de diagnose e controle de doenças do milho. Passo Fundo, 141.
- Resh, F. S., Scapim, C. A., Mangolin, C. A., Machado, M. F. P. S., Amaral Junior, A. T., Ramos, H., & Vivas, M. (2015). Genetic diversity of popcorn genotypes using molecular analysis. *Genetics and Molecular Research*, 14(3), 9829-9840.
- Ribeiro, R. M., Amaral Júnior, A.T., Pena, G. F., Vivas, M., Kurosawa, R. N., Gonçalves, L. S. A. (2016). Effect of recurrent selection on the variability of the UENF-14 popcorn population. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 16(2): 123-131.
- Rocha, F. D., Stinghen, J. C., Gemeli, M. S., ColBMra, J. L. M., & Guidolin, A. F. (2014). Análise dialélica como ferramenta na seleção de genitores em feijão. *Revista Ciência Agronômica*, 45(1), 74-81.
- Santos, J. S., de Souza, Y. P., Vivas, M., do Amaral Junior, A. T., de Almeida Filho, J. E., Mafra, G. S., ... & Ferreira, F. R. A. (2020). Genetic merit of popcorn lines and hybrids for multiple foliar diseases and agronomic properties. *Functional Plant Breeding Journal*, 2(2).

- 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, 157.
- Sawazaki, E. (2001). A cultura do milho pipoca no Brasil. *O agrônomo*, 53(2), 11-13.
- Scapim, C. A., do Amaral Júnior, A. T., Vieira, R. A., Moterle, L. M., Texeira, L. R., Viganó, J., & Júnior, G. B. S. (2010). Novos compostos de milho-pipoca para o Brasil. *Semina: Ciências Agrárias*, 31(2), 321-329.
- Scheible, W. R., Morcuende, R., Czechowski, T., Fritz, C., Osuna, D., Palacios-Rojas, N., ... & Stitt, M. (2004). Genome-wide reprogramming of primary and secondary metabolism, protein synthesis, cellular growth processes, and the regulatory infrastructure of *Arabidopsis* in response to nitrogen. *Plant physiology*, 136(1), 2483-2499.
- Schwantes, I. A., Amaral Júnior, A. T. D., Vivas, M., Almeida Filho, J. E. D., Kamphorst, S. H., Guimarães, A. G., & Khan, S. (2018). Inheritance of resistance to *Fusarium* ear rot in popcorn. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18(1), 81-88.
- Scott, A. J., & Knott, M. (1974). A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 507-512.
- Seifert, A. L., Carpentieri-Pípolo, V., Ferreira, J. M., & Gerage, A. C. (2006). Análise combinatória de populações de milho pipoca em topcrosses. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41(5), 771-778
- Senhorinho, H. J. C., Coan, M. M. D., Marino, T. P., Kuki, M. C., Pinto, R. J. B., Scapim, C. A., & Holland, J. B. (2019). Genomic-wide association study of popping expansion in tropical popcorn and field corn germplasm. *Crop Science*, 59(5), 2007-2019.
- Silva, W. J., Vidal, B. C., Martins, M. E. Q., Vargas, H., Pereira, C., Zerbetto, M., & Miranda, L. C. (1993). What makes popcorn pop. *Nature*, 362(6419), 417-417.

- Smith, C. W., Betrán, J., & Runge, E. C. (Eds.). (2004). *Corn: origin, history, technology, and production* (Vol. 4). John Wiley & Sons.
- Smith, D. R., Hooker, A. L., & Lim, S. M. (1970). Physiologic races of *Helminthosporium maydis*. *Plant Disease Reporter*, *54*, 819-22.
- Snoeiijers, S. S., Pérez-García, A., Joosten, M. H., & De Wit, P. J. (2000). The effect of nitrogen on disease development and gene expression in bacterial and fungal plant pathogens. *European Journal of Plant Pathology*, *106*(6), 493-506.
- Solomon, P. S., Tan, K. C., & Oliver, R. P. (2003). The nutrient supply of pathogenic fungi; a fertile field for study. *Molecular Plant Pathology*, *4*(3), 203-210.
- Souza, L. V. D., Miranda, G. V., Galvão, J. C. C., Guimarães, L. J. M., & Santos, I. C. D. (2009). Combining ability of maize grain yield under different levels of environmental stress. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, *44*(10), 1297-1303.
- Sun, Y., Wang, M., Mur, L. A. J., Shen, Q., & Guo, S. (2020). Unravelling the Roles of Nitrogen Nutrition in Plant Disease Defences. *International Journal of Molecular Sciences*, *21*(2), 572.
- Tavernier, V., Cadiou, S., Pageau, K., Laugé, R., Reisdorf-Cren, M., Langin, T., & Masclaux-Daubresse, C. (2007). The plant nitrogen mobilization promoted by *Colletotrichum lindemuthianum* in *Phaseolus* leaves depends on fungus pathogenicity. *Journal of experimental botany*, *58*(12), 3351-3360.
- Tenaillon, M. I., U'Ren, J., Tenaillon, O., & Gaut, B. S. (2004). Selection versus demography: a multilocus investigation of the domestication process in maize. *Molecular Biology and Evolution*, *21*(7), 1214-1225.
- Vavilov, N. (1951). The origin, variation, immunity and breeding of cultivated plants. *Chronicle Botany*, *13*, 1-366.
- Vencovsky, R., & Barriga, P. (1992). Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto. *Revista Brasileira de Genética*, 496.

- Vieira, R. A., Mesquini, R. M., Silva, C. N., Hata, F. T., Tessmann, D. J., & Scapim, C. A. (2014). A new diagrammatic scale for the assessment of northern corn leaf blight. *Crop Protection*, 56, 55-57.
- Vieira, R. A., Scapim, C. A., Tessmann, D. J., & Hata, F. T. (2011). Diallel analysis of yield, popping expansion, and southern rust resistance in popcorn lines. *Revista Ciência Agronômica*, 42(3), 774-780.
- Vieira, R. A., Tessmann, D. J., Hata, F. T., Souto, E. R., & Mesquini, R. M. (2009). Resistência de híbridos de milho-pipoca a *Exserohilum turcicum*, agente causal da helmintosporiose do milho. *Scientia Agraria*, 10(5), 391-395.
- Vivas, M., Silveira, S. F. D., Amaral Junior, A. T. D., Cardoso, D. L., & Pereira, M. G. (2013). Herança da resistência do mamoeiro a doenças fúngicas com base em análise dialélica de Hayman. *Bragantia*, 72(4), 332-337.
- Vivas, M., Silveira, S. F. D., Cardoso, D. L., Pereira, M. G., Vivas, J. M. S., & Ferregueti, G. A. (2012). Capacidade combinatória em mamoeiro para resistência a oídio. *Bragantia*, 71(4), 455-459.
- Vivek, B. S., Odongo, O., Njuguna, J., Imanywoha, J., Bigirwa, G., & Pixley, K. (2010). Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of 12 African maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Euphytica*, 172(3), 329-340.
- Walters, D., & Heil, M. (2007). Costs and trade-offs associated with induced resistance. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 71(1-3), 3-17.
- Ward, J. L., Forcat, S., Beckmann, M., Bennett, M., Miller, S. J., Baker, J. M., ... & Grant, M. (2010). The metabolic transition during disease following infection of *Arabidopsis thaliana* by *Pseudomonas syringae* pv. tomato. *The Plant Journal*, 63(3), 443-457.
- Weatherwax, P. (1954). Indian corn in old America. New York, USA: *The Mac Milan Co*, 253.
- Wei, J. K., Liu, K. M., Chen, J. P., Luo, P. C., & Stadelmann, O. Y. L. (1988). Pathological and physiological identification of race C of *Bipolaris maydis* in China. *Phytopathology*, 78(5), 550-554.

- Welz, H. G. (1998). *Genetics and Epidemiology of the Pathosystem Zea mays/Setosphaeria turcica*. Habilitation thesis, University of Hohenheim, Stuttgart.
- White, D. G. (1999). *Compendium of Corn Diseases*, third ed. *American Phytopathological Society*, St. Paul, MN, USA.
- Wise, K. (2011). "Diseases of Corn: Northern Corn Leaf Blight". *Purdue University Extension Publication*. Purdue University.
- Yang, F., Jensen, J. D., Spliid, N. H., Svensson, B., Jacobsen, S., Jørgensen, L. N., ... & Finnie, C. (2010). Investigation of the effect of nitrogen on severity of Fusarium head blight in barley. *Journal of Proteomics*, 73(4), 743-752.
- Zinsly, J. R., Machado, J. A. (1978). Milho-pipoca. In: Fundação Cargil. *Melhoramento e produção do milho no Brasil*. Piracicaba, Esalq, 339-347.

APÊNDICE

Tabela suplementar 1. Estimativas de médias de rendimento de grãos (RG, kg.ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, g.mL⁻¹) de 90 híbridos *topcrosses* de milho-pipoca cultivados em ambientes com (CN) e sem (SN) adubação de nitrogênio em cobertura.

Híbrido	RG (kg.ha ⁻¹)		CE (g.mL ⁻¹)				
	CN	Híbrido	SN	Híbrido	CN	Híbrido	SN
L688xL70	3.629,37 a	L688xL70	3136.84 a	L688xP7	37,58 a	UENF N2	33.33 a
L686xL80	3.526,11 a	L686xL70	3119.54 a	L694xP70	35,93 a	L696xP7	32.52 a
L682xL59	3.500,74 a	L686xL59	3066.72 a	L689xP7	35,84 a	L681x70	32.27 a
L696xL70	3.496,74 a	L682xL75	3033.39 a	UENF x02	35,36 a	L690x80	32.20 a
L682xL70	3.430,73 a	L681xL70	2936.83 a	L688xL54	35,19 a	L690xP7	31.44 a
L691xP7	3.399,30 a	L684xL59	2903.50 a	L690xL80	34,13 b	L688xP7	31.36 a
L682xL75	3.359,51 a	L688xL80	2873.42 a	L683xP7	34,03 b	L691xP7	31.20 a
L686xL75	3.358,99 a	L685xL59	2852.92 a	L696xP7	33,80 b	L683xP7	30.93 a
L689xL59	3.343,07 a	L694xL70	2810.40 a	L681xL70	33,74 b	L681x54	30.86 a
L688xL80	3.339,40 a	L682xL59	2749.99 a	L681xP7	33,67 b	L694xP7	30.82 a
L691xL70	3.290,74 a	L684xL70	2747.49 a	L681xL54	33,53 b	L691x70	30.80 a
L684xL70	3.219,55 a	L692xL70	2718.44 a	L690xP7	33,46 b	L688x54	30.67 b
L695xL70	3.209,77 a	L693xL70	2680.51 a	UENF HS	33,31 b	L689xP7	30.55 b
L686xL70	3.181,53 a	L688xL54	2641.42 a	L690xL54	33,29 b	L694x70	30.54 b
L686xL59	3.177,29 a	L685xL70	2629.93 a	L689xL54	33,00 b	L688x70	30.52 b
L685xL70	3.153,07 a	L695xL54	2612.69 b	L681xL75	32,91 b	L681xP7	30.42 b
L692xL75	3.125,16 b	L685xL75	2604.64 b	L694xL80	32,83 b	L685x70	30.37 b
L689xL70	3.122,37 b	L696xL70	2575.91 b	L681xL59	32,83 b	L681x80	30.18 b
L691xL75	3.118,37 b	L684xP7	2566.44 b	L681xL80	32,75 b	L685xP7	30.15 b
L696xL59	3.108,45 b	L695xL59	2549.99 b	L689xL59	32,62 b	L691x80	30.12 b
L695xL80	3.103,93 b	L696xL59	2523.42 b	L689xL70	32,46 b	L684x54	30.03 b
L696xL75	3.090,04 b	L690xL54	2513.50 b	L691xP7	32,42 b	L681x59	29.90 b
L692xL80	3.077,84 b	L694xL80	2495.24 b	L688xL70	32,38 b	L681x75	29.68 b
L683xL70	3.071,18 b	L686xL75	2475.09 b	L690xL70	32,19 b	L689x54	29.59 b
L692xL70	3.061,74 b	L696xL75	2471.57 b	L689xL80	31,76 c	L694x80	29.56 b
L693xL70	3.021,46 b	L688xL75	2437.56 b	L683xL70	31,62 c	L696x54	29.46 b
L685xL75	3.001,54 b	L693xL59	2411.94 b	L688xL80	31,42 c	L690x70	29.35 b
L685xL59	2.982,38 b	L688xL59	2407.46 b	L694xL54	31,36 c	L691x75	29.25 b
L695xL59	2.954,08 b	L691xL70	2390.24 b	L688xL59	31,34 c	L683x70	29.24 b
L695xP7	2.943,95 b	L685xL54	2385.77 b	L690xL59	31,08 c	L688x59	29.18 b
L688xP7	2.935,30 b	L683xL70	2371.30 b	L685xP7	30,97 c	L688x80	29.04 b
L693xL59	2.935,06 b	L689xL70	2362.31 b	L696xL54	30,97 c	L685x54	28.95 b
L684xL75	2.932,58 b	L686xL80	2339.96 b	L694xP7	30,95 c	L690x59	28.90 b
L682xP7	2.923,68 b	L683xL80	2339.41 b	L684xL54	30,87 c	L690x75	28.70 c
L682xL80	2.921,93 b	L682xL70	2310.05 b	L689xL75	30,87 c	L689x80	28.36 c
L688xL59	2.919,98 b	L690xL80	2307.85 b	L685xL54	30,56 c	L694x54	28.10 c
L691xL59	2.913,52 b	L695xL70	2306.43 b	L691xL80	30,52 c	L689x70	27.79 c
L684xL59	2.910,66 b	L686xL54	2302.48 b	L684xP7	30,33 c	L685x80	27.74 c
L685xL80	2.881,54 b	L684xL75	2291.64 b	L685xL70	30,12 d	L683x54	26.98 c
L684xP7	2.865,33 b	L692xL75	2289.69 b	L693xP7	30,11 d	L695x70	26.97 c
L688xL54	2.856,67 b	L689xL75	2287.40 b	L691xL75	30,06 d	L692x54	26.94 c
L693xL75	2.849,81 b	L691xL59	2265.38 b	L690xL75	29,86 d	L684x80	26.91 c
L694xL70	2.833,64 b	L688xP7	2227.54 b	L691xL70	29,83 d	L696x80	26.85 c

Tabela suplementar 1. Cont.

Híbrido	RG (kg.ha ⁻¹)		CE (g.mL ⁻¹)				
	CN	Híbrido	SN	Híbrido	CN	Híbrido	SN
L688xL75	2.829,99 b	L686xP7	2208.24 b	L695xP7	29,76 d	L692xP7	26.82 c
L681xL70	2.819,55 b	L689xP7	2196.97 b	L685xL59	29,42 d	L694x75	26.70 c
L689xL80	2.816,13 b	UENF HS	2189.68 b	L695xL70	29,41 d	L689x75	26.66 c
L694xL80	2.793,88 b	L682xL54	2181.61 b	L694xL59	28,94 d	L693x70	26.32 c
L681xL75	2.783,47 b	L694xL59	2125.39 c	L685xL80	28,81 d	L688x75	25.97 d
L684xL80	2.770,74 b	L690xL70	2123.66 c	L683xL54	28,75 d	L695x80	25.94 d
L695xL75	2.757,01 b	L691xL75	2119.08 c	L692xP7	28,51 e	L695xP7	25.82 d
L683xL59	2.725,39 b	L693xL75	2092.26 c	L692xL54	28,43 e	L682x70	25.74 d
L683xL75	2.687,66 c	L692xL59	2083.39 c	L693xL80	28,37 e	L683x80	25.67 d
L686xP7	2.687,44 c	L681xL75	2070.16 c	L691xL54	28,31 e	L683x59	25.65 d
L695xL54	2.659,46 c	L684xL54	2052.41 c	L684xL75	28,25 e	L696x70	25.58 d
L692xL59	2.612,03 c	L683xL59	2032.03 c	L683xL59	28,20 e	L696x75	25.28 d
L696xP7	2.606,36 c	L689xL59	2007.65 c	L696xL75	28,11 e	L691x54	25.28 d
L690xL70	2.594,63 c	L681xL54	2003.84 c	UENF N	27,97 e	L690x54	25.21 d
UENFHS 01	2.574,97 c	UENFN 03	1995.58 c	L695xL59	27,86 e	L684x75	24.84 d
L696xL54	2.555,54 c	L689xL80	1980.04 c	L693xL54	27,65 e	L682xP7	24.84 d
L681xL80	2548,76 c	L693xP7	1980.04 c	L694xL75	27,65 e	L685x75	24.71 d
L682xL54	2.541,99 c	L682xL80	1969.87 c	L695xL80	27,29 e	L686x70	24.70 d
L689xP7	2.535,47 c	L682xP7	1964.57 c	L683xL80	27,13 e	L692x80	24.53 d
L694xL59	2.528,95 c	L691xL80	1956.35 c	L696xL80	27,00 e	L692x70	24.48 d
L691xL54	2.526,20 c	L692xL80	1936.65 c	L682xP7	26,94 e	L693x80	24.44 d
L685xP7	2.494,56 c	L695xL80	1926.79 c	L693xL70	26,83 e	L693x7	24.37 d
L689xL75	2.494,54 c	L681xL59	1921.23 c	L696xL70	26,75 e	L689x59	24.37 d
L696xL80	2.489,08 c	L681xP7	1904.47 c	L692xL70	26,71 e	L696x59	24.32 d
L693xP7	2.484,33 c	L690xP7	1867.98 c	L693xL59	26,56 e	L686x80	23.48 e
L681xL59	2.482,75 c	L696xL54	1864.24 c	L696xL59	26,56 e	L682x54	23.36 e
L683xL54	2.476,49 c	L689xL54	1849.24 c	L684xL80	26,39 f	L693x59	23.31 e
L685xL54	2.466,48 c	L684xL80	1848.25 c	L684xL59	26,08 f	L682x80	23.21 e
L686xL54	2.459,36 c	UENF N 02	1827.53 c	L683xL75	25,81 f	L686xP7	23.14 e
L691xL80	2.393,06 c	L696xL80	1804.46 c	L691xL59	25,81 f	L695x59	23.10 e
L681xP7	2.388,97 c	L685xP7	1801.88 c	L685xL75	25,72 f	L693x54	22.93 e
L681xL54	2.381,22 c	L694xL75	1785.13 c	L692xL80	25,70 f	UENF HS	22.83 e
L684xL54	2.361,85 c	L685xL80	1768.03 c	L688xL75	25,42 f	L684x70	22.61 e
L683xL80	2.353,10 c	L693xL80	1764.18 c	L686xP7	25,01 f	L691x59	22.32 e
L694xP7	2.350,01 c	L683xP7	1705.09 c	L682xL80	24,64 f	L692x59	21.84 f
L690xL80	2.314,93 c	L692xP7	1702.10 c	L684xL70	24,53 f	L682x59	21.52 f
L683xP7	2.291,29 c	L691xP7	1701.36 c	L682xL70	24,42 f	UENFN03	21.51 f
L689xL54	2.288,32 c	L695xP7	1675.57 c	L686xL80	23,91 g	L683x75	20.95 f
L692xP7	2.220,36 c	L683xL75	1615.74 c	L693xL75	23,87 g	L684x59	20.94 f
L693xL80	2.189,83 c	L681xL80	1610.15 c	L682xL54	23,70 g	L685x59	20.76 f
L694xL75	2.184,20 c	L696xP7	1608.29 c	L692xL59	23,17 g	L693x75	20.45 f
L692xL54	2.182,75 c	L695xL75	1607.10 c	L695xL54	23,08 g	L686x54	19.80 g
L690xL59	2.173,85 c	L690xL59	1594.33 c	L695xL75	23,06 g	L695x75	19.61 g
L694xL54	2.170,46 c	L691xL54	1588.97 c	L682xL59	21,48 h	L684xP7	19.16 g
L690xP7	2.126,35 c	L694xP7	1578.33 c	L692xL75	21,18 h	L686x59	19.11 g
L693xL54	2.125,20 c	L694xL54	1463.09 c	L686xL70	21,16 h	L682x75	19.10 g
UENF N 03	2.057,85 c	L693xL54	1404.44 c	L686xL59	20,99 h	L695x54	19.10 g

Tabela suplementar 1 – Cont.

RG (kg.ha ⁻¹)				CE (g.mL ⁻¹)			
Híbrido	CN	Híbrido	SN	Híbrido	CN	Híbrido	SN
L690xL54	1.978,90 c	L692xL54	1273.26 c	L686xL54	20,72 h	L694x59	18.56 g
L690xL75	1.938,96 c	L683xL54	1260.20 c	L682xL75	19,01 i	L692x75	17.51 g
UENF N 02	1.659,47 c	L690xL75	1171.78 c	L686xL75	18,36 i	L686x75	17.28 g

Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo algoritmo de Scott-Knott (1974), ao nível de 5 % de probabilidade.