

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PARA RECOMENDAÇÃO DE
HÍBRIDOS DE MILHO POTENCIALMENTE RESISTENTES A
MÚLTIPLAS DOENÇAS FOLIARES**

GEFERSON ROCHA SANTOS

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES -RJ
AGOSTO DE 2022**

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PARA RECOMENDAÇÃO DE
HÍBRIDOS DE MILHO POTENCIALMENTE RESISTENTES A
MÚLTIPLAS DOENÇAS FOLIARES

GEFERSON ROCHA SANTOS

“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. Marcelo Vivas

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
AGOSTO DE 2022

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PARA RECOMENDAÇÃO DE
HÍBRIDOS DE MILHO POTENCIALMENTE RESISTENTES A
MÚLTIPLAS DOENÇAS FOLIARES

GEFERSON ROCHA SANTOS

“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”

Aprovado em 04 de agosto de 2022

Comissão Examinadora:



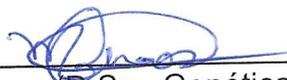
Prof. Messias Pereira Gonzaga (Ph.D., *Plant Breeding*) – UENF



Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., *Produção Vegetal*) – UENF



Profª Ana Paula Cândido Gabriel Berilli (D.Sc., *Genética e Melhoramento*) – IFES



Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., *Genética e Melhoramento*) – UENF
(Orientador)

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S237

Santos, Geferson Rocha.

Adaptabilidade e Estabilidade Para Recomendação de Híbridos de Milho Potencialmente Resistentes a Múltiplas Doenças Foliares / Geferson Rocha Santos. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2022.

60 f. : il.

Bibliografia: 38 - 47.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2022.
Orientador: Marcelo Vivas.

1. Fontes de Resistência. 2. Melhoramento Vegetal. 3. *Bipolaris maydis*. 4. *Exserohilum turcicum*. 5. *Puccinia polysora*. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

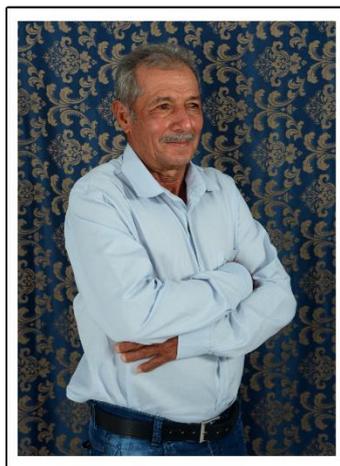
Direi do Senhor

*- Ele é o meu Deus, o meu refúgio, a minha
fortaleza e Nele confiarei. Mil cairão ao teu lado,
dez mil a tua direita, mas tu não serás atingido.*

Salmo 91

DEDICATÓRIA

Gelson de Jesus Santos



Sandra Rocha P. Pereira



Leticia C. de Souza Santos



Alana Vitória Rocha Santos



AGRADECIMENTOS

Primeiramente ao meu Deus, que em todos os meus momentos de aflição, sempre me fortaleceu e me mostrou os motivos pelo qual tanto batalho. Agradeço ainda a Ele, por ter arquitetado toda minha trajetória até aqui, presenteado minha vida com maravilhosas oportunidades e com pessoas mais que especiais;

Aos meus pais, Sandra Rocha e Gelson de Jesus, minhas maiores referências e meus maiores exemplos de vida, por todo carinho, todo apoio e toda confiança depositada em mim, desde o início da minha caminhada;

A minha noiva, Letícia Casseano, por toda compreensão, apoio e parceria, sem dúvidas foi e sempre será meu ponto de refúgio quando precisar desabafar sobre os apertos dos estudos;

A minha amada filha, Alana Vitória, que foi a melhor benção que Deus poderia me conceber, hoje ela é, sem dúvidas, a minha maior e melhor motivação para nunca desistir e sempre progredir;

Aos meus sogros, Cleidomar Casseano e Vandevan Santos, por todo apoio, força e colaboração, principalmente, no momento que eu precisei efetuar as impressões da documentação exigida no ato da inscrição do mestrado;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro UENF, por tornar possível a concretização de mais um passo importantíssimo na minha carreira profissional e acadêmica;

Ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, pela oportunidade de adquirir e compartilhar conhecimentos;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - (CAPES)
– Brasil, código de financiamento 001, pela concessão da bolsa de estudos;

Ao meu orientador e amigo Marcelo Vivas, que desde meu primeiro contato, sempre se mostrou solícito, eficiente e disposto a colaborar em meu trajeto;

Aos meus conselheiros, Messias Gonzaga Pereira e Geraldo de Amaral Gravina pelas suas contribuições de excelência e pelos ensinamentos;

A minha ex-professora Ana Paula Berilli, que me instruiu bem durante a graduação, e me aconselhou a vir cursar pós-graduação na UENF;

Aos meus amigos do Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG), Rafael Nunes, Yure Pequeno, Rysley Fernandes, Luana Vasconcelos, Derivaldo Pureza, Marcelo Serafin, Mayara Cazadini, Juliana Saltires, Helenilson Francelino, Ana Carolina Melo, Ana Lúcia Rangel, Hércules Santos, Gabriel Moreno, Ramon Moraes, Luciana Pereira, Fernanda Valadares e Júlio Saluci;

As minhas amigas do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV), Vivane Lanhellas e Jocarla Ambrosim, pela parceria e por sempre estarem presentes nas jornadas ao campo para coleta de dados;

Aos meus amigos de república, Luan Wutke e Elvânio Monzelli, que me acolheram no início da minha pós-graduação, mesmo sem me conhecer;

Ao secretário do programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, José Daniel, por desempenhar um ótimo trabalho, por toda sua solicitude e eficácia; e

A todos colaboradores que contribuíram de forma direta ou indireta no desenvolvimento desta pesquisa.

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. OBJETIVO GERAL	4
2.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	4
3. REVISÃO DE LITERATURA	5
3.1. ASPECTOS GERAIS SOBRE A CULTURA DO MILHO	5
3.2. ASPECTOS SOCIOECONÔMICOS	6
3.3. DOENÇAS FOLIARES	7
3.3.1. Mancha de helmintosporiose <i>maydis</i> (MHM)	8
3.3.1.1. Etiologia	9
3.3.1.2. Sintomatologia	9
3.3.1.3. Epidemiologia e controle	9
3.3.2. Mancha de helmintosporiose <i>turcicum</i> (MHT)	10
3.3.2.1. Etiologia	10
3.3.2.2. Sintomatologia	10
3.3.2.3. Epidemiologia e controle	11
3.3.3. Ferrugem polissora (FP)	11
3.3.3.1. Etiologia	11
3.3.3.2. Sintomatologia	12
3.3.3.3. Epidemiologia e controle	12

3.4. MELHORAMENTO GENÉTICO VISANDO RESISTÊNCIA	13
3.5. INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE (GxA)	14
3.6. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE	15
3.7. ANÁLISE DE COMPONENTE PRINCIPAL (ACP)	16
4. MATERIAL E MÉTODOS	18
4.1. MATERIAIS VEGETAIS E AMBIENTES EXPERIMENTAIS	18
4.2. DELINEAMENTO EXPERIMENTAL	20
4.3. VARIÁVEIS AVALIADAS NO CAMPO	21
4.4. ANÁLISE ESTATÍSTICA	25
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
5.1. ESTIMATIVAS DE INCIDÊNCIA E DISPERSÃO DAS DOENÇAS	26
5.2. ESTIMATIVA DE SEVERIDADE E METODOLOGIA <i>BILOT</i>	28
5.2.1. Quem ganhou onde?	28
5.2.2. Estabilidade e desempenho médio dos genótipos	30
5.2.3. Discriminação e representatividade	32
5.2.4. <i>Ranking</i> dos ambientes	34
5.2.5. <i>Ranking</i> dos genótipos	35
6. CONCLUSÕES	37
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	38

RESUMO

SANTOS, Geferson Rocha; MSc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; agosto de 2022. Adaptabilidade e estabilidade para recomendação de híbridos de milho potencialmente resistentes a múltiplas doenças foliares. Orientador: DSc. Marcelo Vivas. Conselheiros: DSc. Messias Gonzaga Pereira e DSc. Geraldo de Amaral Gravina.

O milho se destaca principalmente pela sua versatilidade de uso e por apresentar ampla variabilidade genética, que permite cultivá-lo em vários polos agrícolas no mundo. A produtividade da cultura é expressivamente comprometida por doenças foliares, a exemplo: mancha de helmintosporiose *maydis* (MHM), mancha de helmintosporiose *turcicum* (MHT) e ferrugem polissora (FP), as quais, danificam a parte aérea das plantas e comprometem a fotossíntese. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade para a recomendação de híbridos de milho com potencial resistência a múltiplas doenças foliares em diferentes ambientes. Para tal, a intensidade das doenças foi avaliada em oito híbridos de milho, dispostos em delineamento de blocos ao acaso (DBC), com quatro repetições, instalados em cinco ambientes. Com auxílio de escalas diagramáticas, as estimativas de incidência e severidade foram avaliadas na planta e na folha da espiga principal, respectivamente. Os dados de incidência foram utilizados para analisar a dispersão das doenças dentro das áreas experimentais. Os dados de severidade foram utilizados para obter informações sobre o somatório de área não lesionada (SANL). As informações de SANL foram submetidas a análises multivariadas pela metodologia GGE *Biplot*. Embora não tenha sido

efetuada inoculação, a dispersão das doenças dentro das áreas experimentais foi alta, assegurando a recomendação de híbridos com potencial resistência. A partir das análises de componente principal (CP), foi possível observar que os dois primeiros componentes explicaram 96,94%, 98,13% e 99,99% de toda variação existente para as variáveis de SANL por MHM, MHT e FP, respectivamente. Foi possível observar que à medida que os genótipos foram submetidos a diferentes ambientes, a respostas dos mesmos, em relação a SANL, oscilaram. Esta oscilação de resposta tornou possível a indicação de genótipos estáveis e adaptáveis nos diferentes ambientes. Dentre os oito híbridos avaliados, um potencial de resistência à MHM foi observado no híbrido 30F35R, à MHT nos híbridos AG 1051, UENF-506 11 e LG 6036, e não foi possível identificar potencialidade de resistência à FP. Embora exista informações demonstrando que os híbridos desenvolvidos pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) competem com os híbridos de empresas privadas no quesito produtividade, estes por sua vez, ainda não podem ser considerados resistentes a doenças foliares. Portanto é necessário, que o programa de melhoramento da UENF invista em estudos que visem agregar alelos de resistência a doenças foliares, aumentando ainda mais a produtividade de futuras cultivares.

Palavras-chave: Fontes de Resistência; Melhoramento Vegetal; *Bipolaris maydis*; *Exserohilum turcicum*; *Puccinia polysora*.

ABSTRACT

SANTOS, Geferson Rocha; M.Sc.; State University of North Fluminense Darcy Ribeiro; august, 2022. Adaptability and stability for recommendation of corn hybrids potentially resistant on multiple foliar diseases. Advisor: DSc. Marcelo Vivas. Committee members: DSc. Messias Gonzaga Pereira and DSc. Geraldo de Amaral Gravina.

Corn stands out mainly for its versatility of use and for presenting a wide genetic variability, which allows it to be cultivated in various agricultural centers in the world. The productivity of the crop is expressively compromised by foliar diseases, for example: southern corn leaf blight (MHM), northern corn leaf blight (MHT) e polysora rust (FP), which damage the plant is surface area and interfere the photosynthesis. In this context, the objective of this work was to evaluate the adaptability and stability for the recommendation of corn hybrids with potential resistance to multiple foliar diseases in different environments. To this end, the intensity of the diseases was evaluated in eight corn hybrids, in randomized block design (RBD), with four replications, installed in five environments. With the support of diagrammatic scales, incidence and severity estimates were evaluated on the plant and on the main ear leaf, respectively. The incidence data was used to analyze the dispersion of diseases inside the experimental areas. The severity data were used to obtain information about the sum of area not lesion (SANL). The SANL information was submitted to multivariate analysis by GGE *Biplot* methodology. Although inoculation was not effected, the dispersion of the diseases inside the experimental areas was high, assuring the recommendation of hybrids with potential resistance. From the

principal component (PC) analyses, it was possible to observe that the first two components explained 96.94%, 98.13% and 99.99% of all existing variation for the SANL variables by MHM, MHT and FP, respectively. It was possible to observe that as the genotypes were submitted to different environments, their responses, in relation to SANL, oscillated. This oscillation of response has made it possible to indicate genotypes that are stable and adaptable in different environments. Among the eight hybrids evaluated, a potential for MHM resistance was observed in hybrid 30F35R, to MHT in hybrids AG 1051, UENF-506 11 and LG 6036, and no potential for resistance to PF could be identified. Although there is information showing that hybrids developed by the State University of North Darcy Ribeiro (UENF) can compete with hybrids from private companies in terms of productivity, these, in turn, cannot yet be considered resistant to leaf diseases. Thus, it is necessary that the UENF breeding program invest in studies that aim to add alleles of resistance to foliar diseases, further increasing the productivity of future cultivars to be developed.

Keywords: Resistance Sources; Plant Breeding; *Bipolaris maidis*; *Exserohilum turcicum*; *Puccinia polysora*.

1. INTRODUÇÃO

Dentro do panorama agrícola atual, o milho (*Zea mays* L.) é uma das principais *commodities* agrícolas e apresenta uma significativa importância socioeconômica, graças a sua ampla variabilidade genética, que permite cultivar este cereal em todas as áreas agricultáveis do planeta. Segundo dados da USDA (2020), a produtividade média mundial de milho foi de aproximadamente 5,8 t.ha⁻¹ em 191 milhões de hectares.

O Brasil é o 3º maior produtor mundial do grão, contribuindo com 8,5% do volume total produzido, sendo superado somente por Estados Unidos (30,89%) e China (22,44%). Dados da CONAB (2020), confirmaram que a produção brasileira de milho ultrapassou pouco mais de 100 milhões de toneladas, cultivadas em 17 milhões de hectares, perfazendo uma produtividade média similar a média mundial de 5,8 t.ha⁻¹. Embora a produtividade brasileira seja considerada proeminente, é baixa frente a outros países, como os Estados Unidos da América que produz em média 11,4 t.ha⁻¹ do grão.

A produção, do milho grão e milho silagem, está sujeita a diversos fatores limitantes, como por exemplo: a ocorrência de plantas espontâneas, intempéries climáticas, infestação de pragas e doenças. No Brasil, diversas doenças fúngicas acarretam prejuízos à cultura do milho, limitando sua produção e contribuindo para a não lucratividade dos cultivos (Pozar et al., 2009). Segundo Casela et al. (2006), doenças fúngicas são as que mais promovem prejuízos ao milho, comprometendo principalmente, as folhas.

As doenças foliares danificam o aparato fotossintético do vegetal, reduz significativamente a síntese de fotossimilados, por conseguinte, a produtividade. Existem relatos onde já foram registradas, perdas superiores a 40% (Wang et al., 1999; Brito et al., 2007; Nihei e Ferreira, 2012). De acordo com Santos et al. (2017), os patógenos *Exserohilum turcicum* (Pass.) K. J. Leonard e E. G. Suggs, *Bipolaris maydis* (Nisik e Miyake) Shoemaker, *Puccinia polysora* Underw, são os principais microrganismos fúngicos causadores de doenças foliares no milho.

Costa et al. (2012), constataram que o método mais utilizado para o controle das doenças foliares, é por intermédio da aplicação de agroquímicos. Ainda que estes recursos proporcionem resultados eficazes no controle e prevenção de doenças em um curto período de tempo, o uso indiscriminado destes, segundo Sartori et al. (2014), agride o meio ambiente, não assegura a saúde do agricultor e do consumidor final, proporcionam maior custo de produção do grão e ainda, promove a resistência do patógeno aos mecanismos de ação dos fungicidas.

Informações contidas no Agroofit (2020), mostraram que atualmente existem cerca de 143 produtos comerciais registrados, que podem ser utilizados como fungicidas na cultura do milho, dentro do território nacional, sendo que deste montante, 35 são indicados para o controle de *E. turcicum*, 69 para o controle de *P. polysora* e apenas 1 produto indicado para o controle de *B. maydis*.

O controle químico de doenças por meio da aplicação de fungicidas com mesmo mecanismo de ação (MoA), garante que o patógeno resistente em meio aos suscetíveis, sejam selecionados, fazendo com que a população do patógeno se torne cada vez mais resistente ao MoA, dificultando ainda mais seu controle em aplicações químicas futuras. Essas informações demonstram que é necessário investigar outras alternativas de controle para doenças foliares.

Silva et al. (2020), apontaram que uma alternativa de contornar o uso indiscriminado de fungicidas é através da recomendação de cultivares resistentes a doenças foliares. Nazareno et al. (2018), asseguraram que a resistência genética é o método mais eficiente de controle, que não onera os custos de produção e ainda garante menores riscos à saúde do produtor, do aplicador e do consumidor. Cunha et al. (2012), reforçaram que a recomendação de cultivares resistentes, reduz consideravelmente, as contaminações ambientais, contribuindo para um desenvolvimento agrícola sustentável.

Mastrodomenico et al. (2018), apontaram que a recomendação de um genótipo para um dado local deve ser efetiva, a fim de assegurar que as condições edafoclimáticas juntamente com os manejos empregados ao cultivo, sejam suficientes à máxima expressão do potencial produtivo, entretanto, o desempenho fenotípico de um genótipo é influenciado diretamente pelo ambiente, dificultando a recomendação de uma mesma cultivar para múltiplos ambientes.

Diante destas informações, nota-se que antes de ocorrer uma recomendação de genótipos para serem cultivados em determinados locais, é imprescindível conduzir ensaios de competição submetendo os genótipos a múltiplos ambientes, com o objetivo de capitalizar o efeito de cada genótipo (G), entender a interação entre genótipos e ambiente (GxA), proporcionando assim, maior confiabilidade quanto sua recomendação (Santos et al., 2016; Teodoro et al., 2016).

Borém et al. (2017), reforçaram que o efeito ambiental é um importante fator para a condução de programas de melhoramento de milho, sendo necessário redes experimentais em multilocais. Desta forma, é possível identificar genótipos que possuam maior adaptabilidade e estabilidade. O termo adaptabilidade refere-se à capacidade de os genótipos aproveitarem vantajosamente o estímulo do ambiente e a estabilidade diz respeito à capacidade de os genótipos mostrarem comportamento altamente previsível em razão do estímulo do ambiente (Cruz et al., 2004).

Nessa perspectiva, estudos que investigam adaptabilidade e estabilidade fenotípica são essenciais para um programa de melhoramento. De acordo com os resultados obtidos por meio da adaptabilidade e estabilidade é possível identificar os efeitos da interação GxA ao nível de genótipo (G) e ambiente (A), permitindo recomendar entre os genótipos avaliados, aqueles que tiveram respostas mais promissoras, com ampla estabilidade e adaptabilidade e também aqueles com adaptabilidade específica a cada ambiente avaliado, garantindo maior lucratividade ao produtor rural (Cruz et al., 2014; Faria et al., 2017; Rosa et al., 2017).

Segundo Cruz et al. (2006), várias metodologias podem ser utilizadas na análise de genótipos a múltiplos ambientes e uma delas é a análise via GGE *Biplot* proposta por Yan et al. (2000). Esse modelo considera o efeito principal do genótipo mais a interação genótipo e ambiente, tendo por base a representação de gráficos *Biplot* por meio de uma matriz de dados coletados a campo.

2. OBJETIVOS

2.1. OBJETIVO GERAL

Avaliar a adaptabilidade e a estabilidade de híbridos de milho, para recomendação de genótipos potencialmente resistentes a múltiplas doenças foliares em diferentes ambientes.

2.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Avaliar oito híbridos de milho nos municípios de Cambuci, Campos dos Goytacazes e Itaocara, ambos na macrorregião norte do Rio de Janeiro;
- Obter as estimativas de incidência e severidade das doenças foliares (*B. maydis*, *P. polyssora* e *E. turcicum*) em oito híbridos de milho cultivados em cinco ambientes;
- Investigar se entre os oito híbridos de milho cultivados durante o estudo, algum desenvolvido pela UENF possui potencial de resistência a doenças foliares;
- Recomendar híbridos que sejam estáveis e adaptáveis, quanto a potencial resistência a múltiplas doenças, nos diferentes ambientes; e
- Desenvolver uma equação que quando associada à metodologia GGE *Biplot*, torne possível utilizar dados de doenças para análises de adaptabilidade e estabilidade.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. ASPECTOS GERAIS SOBRE A CULTURA DO MILHO

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie vegetal, pertencente à família das Poaceae, liliopsida, diploide ($2n = 2x = 20$), que completa seu ciclo em quatro a cinco meses dependendo do fotoperiodismo local, sendo caracterizada como uma planta anual (Siloto, 2002). É um dos vegetais superiores mais estudados, sendo aquele que possui a caracterização genética mais detalhada entre as espécies cultivadas de forma comercial (Borém e Giúdice, 2012).

Existem estudos com evidências de que o milho possui como centro de origem a América Central, mais precisamente no México. Alguns relatos evidenciam que este cereal tem sido desenvolvido e cultivado nos últimos oito a dez mil anos (Paterniani; Nass; Santos, 2000), sendo caracterizado como uma das culturas mais importantes das civilizações asteca, maia e inca. Lineu em sua classificação de gêneros e espécies, atribuiu ao milho o nome científico *Zea mays* L., “Zeia” do grego (grãos, cereal) e “mays” em homenagem a um dos principais povos da América, os maias.

A teoria mais aceita sobre sua origem, é que o milho tenha sido originado a partir do teosinte, sendo este, seu ancestral comum. Ambos possuem 10 cromossomos, os quais são homólogos, com pequenas diferenças gênicas. Há relatos de que o milho seja a espécie que possui maior variabilidade genética entre todas as plantas cultivadas, decorrente de alterações nas frequências gênicas, que

ocorreram durante o processo evolutivo da cultura (Paterniani e Campos, 1999; Magalhães e Souza, 2011).

Os órgãos reprodutivos do milho encontram-se situados em mesma planta, contudo, em inflorescências diferentes, sendo classificado como um vegetal monoico. A polinização não é mais do que a transferência do grão de pólen da antera da flor masculina (pendão) para o estigma da flor feminina (espiga). A autofecundação representa apenas cerca de 2% dos cruzamentos genéticos, sendo dessa forma, considerada uma planta que se reproduz preferencialmente por polinização cruzada, ou seja, alógama (Barros, 2014).

3.2. ASPECTOS SOCIOECONÔMICOS

Apresentando importância socioeconômica significativa, o milho é cultivado em praticamente todas as regiões agrícolas do mundo, desempenhando forte impacto na dieta humana, em consequência de que em seu endosperma, existe uma composição química de altos teores de nutrientes, proteínas essenciais e vitaminas, como as do complexo C, que asseguram a prevenção do escorbuto. O milho é também utilizado como matéria prima para a síntese de biocombustíveis, polímeros industriais, bebidas, artesanatos e inúmeros fins (Santos et al., 2015).

Para Miranda (2018), o milho se destaca principalmente pela sua versatilidade de uso e por atuar de forma direta e indireta na alimentação humana.

A forma pelo qual a população mais consome o milho, é indiretamente pela ingestão de produtos de origem animal como carne, leite e ovos. É possível produzir uma infinidade de produtos com esta matéria prima, Lima (2001), assegura que o milho apresenta mais de 500 derivados na utilização de alimentos. Morô e Fritshe-Neto (2015), ainda reforçaram que o milho possui centenas formas de utilização, sendo considerado indispensável para a humanidade.

De acordo com Galvão et al. (2015), para produzir milho em larga escala, é necessário a utilização de algumas tecnologias, sendo elas: o uso de cultivares transgênicas, sementes híbridas, investimentos em estudos fitotécnicos, programas de melhoramento e a utilização de insumos e defensivos agrícolas. Segundo o mesmo autor, estas tecnologias foram fundamentais para que o Brasil alcançasse a terceira posição no *ranking* mundial de produção de milho (Figura 01).

Informações da USDA (2020), mostraram que a produção de milho em larga escala, no Brasil, se concentra principalmente na região centro-oeste, tendo

como principais produtores o estado do Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás e parte da produção nacional ocorre também na região sudeste e sul, mais precisamente nos estados de Minas Gerais e Paraná, respectivamente (Figura 01).

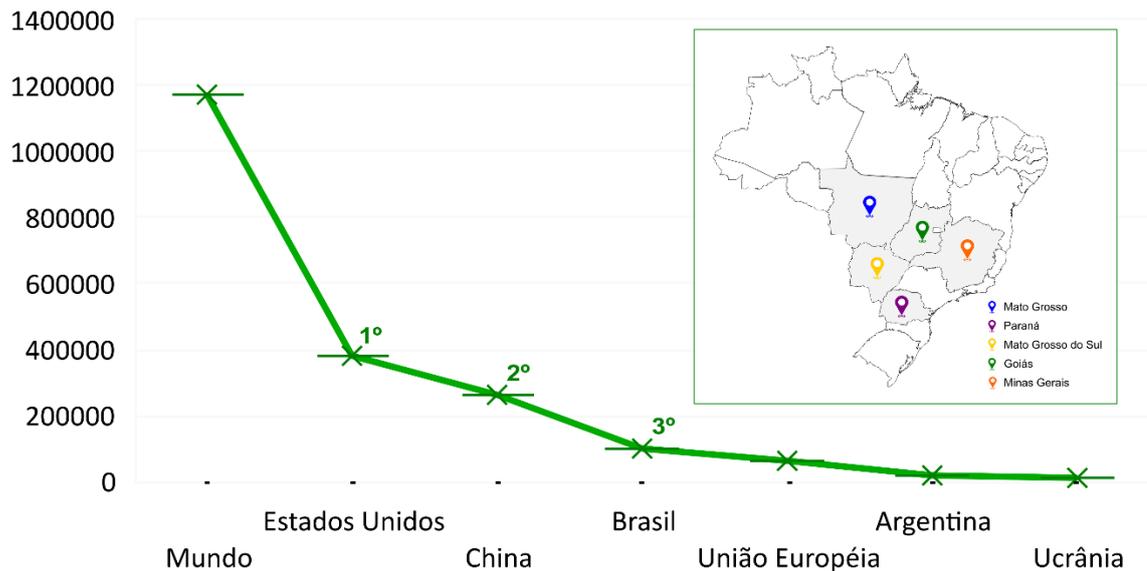


Figura 01. Representação gráfica dos principais países produtores de milho grão, com suas respectivas produções comparadas com a produção mundial (x1000 ton). Informações adaptada da USDA (2020).

Com a finalidade de suprir a alta demanda das indústrias para a fabricação de rações fornecidas a animais, usinas que produzem o biodiesel, fazendas que estocam silagem, indústria alimentícia que produzem derivados, bebidas e entre outros, o cultivo de milho aumenta a cada ano, fazendo com que a espécie se torne a principal cultura agrícola do mundo (Araújo 2008; Marchi 2008).

3.3. DOENÇAS FOLIARES

Doenças foliares ocasionam graves prejuízos econômicos em espécies vegetais comercialmente cultiváveis, acarretando reduções acima de 50% no rendimento dos cereais por unidade de área útil, como por exemplo, o milho (Cunha et al., 2020).

De acordo com Wordell Filho et al. (2016), a ocorrência de doenças foliares no Brasil tem crescido principalmente devido ao aumento das fontes de inóculos aliadas a condições ambientais favoráveis. Reis et al. (2011), reforçaram que as doenças foliares são favorecidas por altas temperaturas e alta umidade, plantio em mais de uma safra, adoção de plantio direto e cultivares suscetíveis.

A ausência da rotação de culturas e o cultivo de milho na segunda safra, são fatores que proporcionam condições favoráveis às doenças foliares, as quais apresentaram maior expressão, devido ao aumento de inóculo dentro das áreas de cultivo (Vieira et al., 2009).

As doenças fúngicas tem relação direta com o clima, sendo que temperaturas elevadas e alta umidade são fatores que favorecem a proliferação dos fungos.

A mancha de helmintosporiose *turcicum* (MHT), a mancha de helmintosporiose *maydis* (MHM) e a ferrugem polissora (FP) merecem destaque entre as doenças que afetam diretamente a produtividade da cultura do milho, pois estas, são as de maior importância para o cereal no Brasil (Amaral Júnior et al., 2016; Kurosawa et al., 2017).

Para o controle destas doenças, a opção mais sustentável é com uso de cultivares que apresentem resistência aos patógenos (Casela et al., 2006; Costa et al., 2011). Entretanto, o controle químico é a forma mais usual de controle para estas doenças, pois garante a integridade da lavoura e está associado a altas produtividades, todavia, acarreta vários malefícios para o meio ambiente e para o homem (Alves et al., 2016; Kluge, 2016).

3.3.1. Mancha de helmintosporiose *maydis* (MHM)

A mancha de helmintosporiose *maydis*, também conhecida como *Southern Corn Leaf Blight* (SCLB), ocorre na cultura do milho em diferentes intensidades, dependendo principalmente do grau de resistência das cultivares, do sistema de manejo e ainda das condições edafoclimáticas da região de cultivo. De acordo com Altaf et al. (2016), a doença apresenta forte ameaça para todos cultivos de milho do mundo.

3.3.1.1. Etiologia

A MHM é uma doença ocasionada pelo patógeno fúngico *Bipolaris maydis* (Nisik e Miyake) Shoemaker e existem relatos de que há três diferentes raças (C, O e T). Costa et al. (2018) apontaram que a distribuição da doença acontece em todo território brasileiro, devido ao seu alto grau de ocorrência em todas as regiões produtoras de milho. Sua infecção apresenta média a baixa severidade, não havendo histórico de grandes epidemias no Brasil.

3.3.1.2. Sintomatologia

Os conídios do fungo *B. maydis* colonizam a parte aérea do hospedeiro e em curto período após a infecção, é possível observar pequenas lesões irregulares no limbo foliar que podem ser ovaladas ou elípticas de coloração palha (Figura 02-A), que quando não controladas, progridem e passam a ser retangulares, de coloração marrom e limitadas pelas nervuras (Camargo et al., 2005).



Figura 02: Folhas de milho com sinais de infecção por mancha de helmintosporiose *maydis* (A), mancha de helmintosporiose *turcicum* (B) e ferrugem polissora (C).

Fonte: Próprio autor.

3.3.1.3. Epidemiologia e controle

A temperatura ideal para o desenvolvimento do patógeno *B. maydis*, oscila entre 22 a 30 graus centígrados. A doença progride quando existe alta umidade relativa do ar no ambiente de cultivo. A ocorrência de longos períodos de seca e de

dias de muito sol entre dias chuvosos, são condições desfavoráveis ao progresso da doença (Casela et al., 2006).

Esta doença apresenta potencial para reduzir o rendimento de grãos em até 70% para genótipos suscetíveis (Hussain et al., 2016). Alguns trabalhos têm demonstrado que esta doença tem ocorrido sistematicamente em países como Brasil, Índia, Paquistão, Estados Unidos, entre outros (Casela et al. 2006; Altaf et al., 2016; Singh et al., 2018), e foi apresentado como forma de manejo, a utilização de materiais genéticos resistentes, rotação de cultura para quebrar um dos pilares do triângulo do patógeno-hospedeiro ou aplicação de fungicidas (Costa et al., 2014).

3.3.2. Mancha de helmintosporiose *turcicum* (MHT)

No Brasil, a mancha de helmintosporiose *turcicum* é uma das doenças mais antigas e mais importantes na cultura do milho, visto que a sua ocorrência é em todas as principais regiões produtoras. Quando altas estimativas de severidade desta doença ocorre antes do florescimento, as perdas em produção dos grãos podem ser superiores a 70%, causando um grande prejuízo nas lavouras produtoras. Plantas com sintomas severos, são mais suscetíveis às podridões do colmo (Oliveira et al., 2004).

3.3.2.1. Etiologia

A MHT, é provocada pelo patógeno fúngico *Exserohilum turcicum* (Pass.) K. J. Leonard e E. G. Suggs, e também é conhecida como *North Corn Leaf Blight* (NCLB). Yousuf et al. (2018), apontaram que a helmintosporiose acomete plantios de milho em todo o mundo. Existem relatos que em todas regiões brasileiras produtoras de milho, há perdas decorrentes da presença deste patógeno dentro das áreas de cultivo.

3.3.2.2. Sintomatologia

O patógeno é caracterizado pela baixa produção de esporos, mas, quando existem condições ideais para multiplicação, as lesões formam grandes manchas

de coloração marrom escura (Figura 02-B) que quando não controladas, progridem e afetam os tecidos fotossintéticos, podendo causar necrose em toda área foliar. De acordo com Sartori et al. 2017, a necrose ocasiona a morte prematura das folhas, diminuindo a captação de energia luminosa e conseqüentemente a translocação dos fotossimilados necessários para o enchimento dos grãos das espigas.

3.3.2.3. Epidemiologia e controle

Ahangar et al. (2016), relataram que a doença progride normalmente em regiões tropicais de média altitude com umidade relativa oscilando entre 70 e 95% e temperatura média de 17 a 28 graus centígrados. Segundo Couretot (2011), são vários fatores que influenciam a progressão da doença, tais como: atraso no plantio, expansão da área sob reduzida mobilização do solo e a precipitação intensa e frequente durante os meses de verão que favorece o microclima para a multiplicação da doença.

De Rossi et al. (2010), informaram que os cultivos de híbridos de milho suscetíveis a doença, podem apresentar perdas de até 40% no rendimento de grãos, quando os valores da severidade atingem 60%, sendo recomendado a utilização de cultivares resistentes.

3.3.3. Ferrugem polissora (FP)

Atualmente, a ferrugem polissora é uma das mais importantes doenças do milho no Brasil, sendo considerada a mais agressiva das ferrugens que ocorrem nessa cultura. Essa doença adquiriu maior importância no Brasil a partir da década de 1990, associada a diversos fatores, como a suscetibilidade de cultivares, o plantio contínuo de milho sem rotação de cultura, o aumento da área cultivada e o plantio de safrinha (Oliveira et al., 2004).

3.3.3.1. Etiologia

Segundo Dudienas et al. (2013), a ferrugem polissora, causada pelo fungo *Puccinia polysora* Underw, é uma das doenças mais destrutivas da cultura do

milho comum. Este fungo é um patógeno biotrófico e produz uredósporo binucleados e de formato ovalado, com bordas irregulares.

O patógeno *P. pollyssora* apresenta variabilidade genética, tendo já sido identificadas diversas raças fisiológicas desse patógeno. Cerca de dezesseis raças já foram identificadas ao redor do mundo, sendo denominadas de EA1 a EA3 e PP3 a PP15 (Oliveira et al., 2004).

A permanência do fungo nas áreas de cultivo é inevitável sob condições adequadas para sua colonização e pode ser explicada pelo fato de seus esporos serem facilmente disseminados por longas distâncias pelo vento e por existir cultivos de milho quase todo o ano, mesmo em áreas diferentes.

3.3.3.2. Sintomatologia

O sintoma típico da infecção da ferrugem nas folhas de milho, é a formação de pequenas pústulas, que compõem uma massa pulverulenta de coloração amarelo alaranjada, apresentando formatos circulares ou elípticos, que podem ocorrer tanto na face abaxial quanto na adaxial (Figura 02-C). De acordo com Juliatti (2016), estes quadros sintomatológicos podem oscilar dependendo da intensidade luminosa do sol da manhã.

Do mesmo modo que as outras doenças foliares, a planta infectada pela ferrugem polissora possui uma redução da sua área foliar, ocasionando a redução do vigor das plantas e peso dos grãos, antecipando a senescências das plantas, ou seja, maturação precoce das mesmas (Costa et al., 2015).

3.3.3.3. Epidemiologia e controle

A progressão da doença é favorecida quando há condições ambientais favoráveis, onde a temperatura oscile entre 26 a 30°C e que a umidade relativa do ar seja alta (Casela; Ferreira, 2002). Segundo Pinho (1999), a doença possui a capacidade de reduzir em até 50% a produtividade da cultura. Dudienas et al. (2013) estudando a severidade de ferrugem polissora em cultivares de milho e seu efeito na produtividade, concluíram que o volume produzido reduziu cerca de 20% em alguns cultivares, mas a perda de rendimento já foi relatada superior a 50% em híbridos suscetíveis (Rezende et al., 1994).

Para contornar os efeitos adversos decorrentes da infecção de ferrugem no milharal, a utilização da resistência genética tem se tornado a medida cada vez mais usual. De acordo com Melching (1975), a resistência do tipo HR (hipersensitiva) tem sido identificada em genótipos de milho, a qual é efetiva em reduzir as perdas na produtividade e, essencialmente, reduz a disseminação secundária do inóculo dentro e entre as áreas de cultivo.

Agrios (2004), menciona que dentre as principais características HR, estão o rápido e localizado colapso do tecido vegetal ao redor do sítio de infecção, ocasionado pela liberação de compostos tóxicos, os quais também atuam, em alguns casos, diretamente sobre o patógeno, causando sua morte. Mesmo que a resistência HR seja eficiente no controle do patógeno, o seu uso é limitado devido a ocorrência da elevada variabilidade genética na população do fungo (Melching, 1975; Ullstrup, 1965).

3.4. MELHORAMENTO GENÉTICO VISANDO RESISTÊNCIA

O melhoramento genético associado às técnicas no manejo cultural, irrigação e nutrição de plantas tem sido responsável por um incremento de 50% na produção de milho no Brasil. Embora o objetivo principal do melhoramento seja o aumento da produtividade, segundo Borém e Miranda (2013), a avaliação de outras características tais como tolerância a estresses abióticos e a resistência aos bióticos é muito importante para que se obtenha sucesso nos programas de melhoramento.

As doenças na cultura do milho estão entre os estresses bióticos que mais afetam a produtividade e a qualidade do grão. No Brasil, existem pelo menos 20 doenças que ocorrem na cultura e que podem causar prejuízos expressivos. Os prejuízos causados pelas doenças oscilam de ano para ano e de região para região, e de acordo com as condições edafoclimáticas local, nível de suscetibilidade dos híbridos e o sistema de plantio (Cota; Costa; Silva, 2015; Juliatti, 2016).

A resistência genética é a forma mais eficiente de controle de doenças na cultura do milho (Balmer; Pereira, 1987; Futrell, 1975), contribuindo para isso a disponibilidade de diversidade genética. Em um programa de melhoramento visando resistência genética a doenças é muito importante seguir as seguintes etapas: i) identificar fontes de resistência; ii) incorporar estes genes em cultivares

comercial por meio dos métodos de melhoramento; iii) traçar a melhor estratégia para que a resistência seja durável face à natureza dinâmica das populações patogênicas (Borém e Miranda, 2013).

No melhoramento para resistência a doenças, é dada ênfase na escolha específica dos parentais, que devem ter a fonte de resistência à doença que se deseja controlar e a avaliação da reação das progênies frente aos patógenos, por meio de inoculações artificiais ou submetendo-as a ambientes onde os patógenos ocorrem naturalmente. Geralmente, os testes para reação às principais doenças na cultura são realizados simultaneamente com o avanço das gerações (Yorinori e Kiihl, 2001). Nas avaliações das gerações mais avançadas é importante usar nos ensaios juntamente com os germoplasmas melhorados, os germoplasmas padrão, ou seja, materiais suscetíveis e resistentes para fins comparativo e indicativo, pois o aparecimento dos sintomas nas plantas suscetíveis indica a existência do patógeno no local avaliado.

Existem vários métodos de melhoramento visando resistência a fitopatógenos e a escolha do melhor método depende dos objetivos e métodos de inoculação a serem utilizados para avaliar a expressão dos sintomas que permitam diferenciar a reação dos genótipos em estudo.

Desta forma, para doenças cuja resistência é oligogênica e controlada por genes dominantes, os métodos mais simples de combinação ou transferência de genes permitem rápido avanço de gerações e obtenção de novos híbridos. Por outro lado, para doenças em que a herança de resistência é mais complexa como resistência horizontal, poligênica, como a grande parte das doenças foliares no milho, os cruzamentos são complexos e os avanços de gerações dependem de seleções dentro de populações de progênies, do tipo de seleção de plantas e seleção massal (Yorinori e Kiihl, 2001).

3.5. INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE (GxA)

Quando se cultiva um híbrido em um ambiente (A) qualquer que seja, a expressão fenotípica deste híbrido é o resultado da ação do genótipo (G) sob influência do meio. No entanto, quando se leva em consideração o cultivo de um mesmo híbrido em diversos ambientes, é possível detectar além dos efeitos genéticos e ambientais, um efeito adicional proporcionado pela interação dos

mesmos (Cruz e Regazzi, 1997). Essa interação denominada interação genótipo por ambiente (GxA) é o comportamento diferenciado de genótipos quando cultivados em vários ambientes, isto é, quando o desempenho fenotípico relativo dos genótipos é inconstante de um ambiente para outro (Chaves, 2001).

De acordo com Rosado et al. (2012), antes de ocorrer a recomendação de um híbrido como cultivar para algum local é necessário que estes híbridos sejam testados em redes multilocais, de preferência em ambientes contrastantes por safras distintas, para assegurar a confiabilidade quanto a sua recomendação de genótipos para determinada localidade ou grupo de ambientes.

Segundo Cruz e Regazzi (2014), a interação GxA é classificada de acordo com a resposta dos genótipos nos ambientes, como: ausência de interação, interação simples e interação complexa. Para identificar estas manifestações distintas nos ambientes a decomposição da interação em partes simples e complexas foi proposta por Cruz e Castoldi (1991), onde a interação simples evidencia a diferença da variabilidade entre os genótipos, já a interação complexa demonstra a inconsistência da superioridade e do comportamento do genótipo com as variações nos ambientes.

Estudos visando investigar a interação GxA no milho tem sido realizado por diversos autores (Faria et al., 2017; Rosa et al., 2017; Olivoto et al., 2018; Bicalho et al., 2018). Todavia, apesar de sua importância, a simples análise da interação GxA não proporciona informações completas e exatas sobre o comportamento de cada genótipo em várias condições ambientais. Assim, a avaliação da adaptabilidade e estabilidade de variedades é uma alternativa para identificar os efeitos da interação GxA e identificar genótipos com comportamento previsível e responsivos a mudança de ambiente (Cruz et al., 2012).

3.6. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE

Programas de melhoramento de plantas visam à obtenção de genótipos com alta produtividade, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes da região para a qual são recomendados. As análises de adaptabilidade e estabilidade propiciam informações detalhadas sobre a resposta dos genótipos dentro das variações ambientais, tornando possível a identificação de cultivares de comportamento previsível, e que sejam capazes de aproveitar

vantajosamente as variações ambientais, sejam em condições específicas ou amplas (Cruz e Regazzi, 2001).

Cruz (2006), aponta que é necessário a condução de experimentos em maior número possíveis de locais e anos, a fim de se avaliar a magnitude da interação, seu possível impacto sobre a seleção e a recomendação de cultivares. Estes experimentos em multilocalis torna a recomendação da nova cultivar, a mais segura possível. Amaral e Môro (2017), definem adaptabilidade como: resposta dos genótipos frente às variações ambientais, onde os genótipos mais adaptados são os mais responsivos; e estabilidade como: capacidade do genótipo em se manter constante, ou seja, com pequenas variações de resposta frente às diversas variações ambientais.

As análises de adaptabilidade e estabilidade são, portanto, procedimentos estatísticos que permitem, de algum modo, identificar as cultivares de comportamento mais estável e que respondem previsivelmente às variações ambientais. Algumas dessas análises permitem, também, dividir os efeitos da interação GxA em efeitos de genótipos e de ambientes, revelando a contribuição relativa de cada um para a interação total (Rocha, 2002).

Atualmente existem na literatura inúmeras metodologias capazes de analisar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos, como: Annichiarico, 1992; Eberhart e Russell, 1966; Lin e Binns, 1988, e de acordo com os dados experimentais, principalmente o número de ambientes disponíveis, é que se escolhem os métodos de análise mais apropriados (Cruz e Regazzi, 2001). Dentre as metodologias existentes, as análises multivariadas são muito usuais, visto que promovem uma facilidade na discussão e interpretação dos resultados.

3.7. ANÁLISE DE COMPONENTE PRINCIPAL (ACP)

A análise de componente principal (ACP) é uma técnica estatística multivariada que transforma linearmente um conjunto de variáveis originais, inicialmente correlacionadas entre si, em outro conjunto menor de variáveis não correlacionadas de mesma dimensão, dispostas em ordem decrescente de variância, e que contém a maior parte das informações do conjunto original (Barshan et al., 2011; Prieto-Moreno et al., 2015).

Segundo Hongyu (2015), a análise visa partilhar a variação observada nos eixos originais de forma a se obter um conjunto de eixos ortogonais não correlacionados. Com isso, reduz-se as variáveis dependentes que são pouco informativas e estuda as relações entre essas variáveis e as possíveis combinações que expliquem a maior fração da variância dos dados (Yang et al., 2008). Desta forma, os componentes principais (CP) apresentam o mínimo de perda de informação, preservando ao máximo as informações originais.

De acordo com Sena et al. (2002), a ACP conduzida em conjunto com a análise gráfica pode facilitar nas observações relativas às interações complexas que envolvem os dados obtidos em pesquisas, possibilitando uma interpretação confiável e sintetizando informações. Dentre as inúmeras metodologias utilizadas para ACP, destaca-se a análise GGE *Biplot* (*genotype and genotype-by-environment*), que permite fazer inferências em relação ao desempenho de genótipos e de ambientes (Yan et al., 2000; Yan, 2002; Hassanpanah, 2010).

De acordo com as informações mencionadas, a análise de componentes principais e a abordagem GGE *Biplot* constituem metodologias multivariadas que auxiliam na seleção criteriosa de indivíduos superiores para as características desejáveis, bem como estudo de adaptabilidade e estabilidade de maneira fácil e eficiente (Oliveira et al., 2019; Cruz et al., 2020).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. DESCRIÇÃO DOS MATERIAIS VEGETAIS

Para realização do estudo, foram utilizados oito híbridos de milho, sendo: UENF 506-11, UENF 506-16, UENF MSV-2210, UENF MS-2208, BM 207, LG 6036, 30F35R e AG 1051; destes, os quatro primeiros são de procedência do Programa de Melhoramento Genético da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, mais precisamente do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV) e os quatro últimos são materiais genéticos de procedência comercial, conforme (Tabela 01).

Tabela 01. Descrição dos oito híbridos utilizados no experimento em DBC, com suas respectivas genealogias e aptidões para cultivos

Tipo *	Híbridos	Parentais	Procedência	Aptidão
HI	UENF 506-11	Piranão 11 x Cimmyt 11	UENF	Silagem e grãos
HI	UENF 506-16	Piranão 16 x Cimmyt 16	UENF	Grãos
HI	UENF MSV-2210	Fortaleza x Piranão 12	UENF	Silagem
HLP	UENF MS-2208	Caiano de Alegre L 283 x Piranão 12	UENF	Silagem
Comercial	BM 207	-	Biomatrix	Silagem e grãos
Comercial	LG 6036	-	LG	Silagem e grãos
Comercial	30F35R	-	Pionner	Silagem
Comercial	AG 1051	-	Agroceres	Silagem, milho-verde e grãos

* Natureza dos híbridos: HI - Híbrido Interpopulacional e HLP - Híbrido de Linhagem x População

Os híbridos UENF 506-11 e UENF 506-16, foram obtidos nos ciclos 11º e 16º, respectivamente, pelo método de Seleção Recorrente Recíproca (SRR), conforme preconizado por Hallauer e Eberhart (1970). Os cinco primeiros ciclos de SRR foram conduzidos pelo Programa de Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa. Os 11 ciclos seguintes, foram conduzidos pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

Os híbridos UENF MS-2208 e UENF MSV-2210, foram obtidos pelo método de cruzamento *topcross*, utilizando genótipos do grupo heterótico 'dentado' que foram cruzados com um único testador, o Piranão 12, que apresenta base genética ampla e pertence ao mesmo grupo heterótico. Todos os acessos genéticos compõem a coleção do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

O híbrido AG 1051 possui adaptabilidade de cultivo em todas as regiões brasileiras. Possui aptidão para silagem, milho-verde e produção de grãos. Além disso, o AG-1051 é diferenciado por ser líder na produção de milho-verde para fabricação de pamonha. Possui também excelente sistema radicular, que permite grande amplitude de época de plantio (Sementes Agrocere, 2020). Os híbridos BM 207, LG 6036 e 30F35R foram selecionados para compor o experimento, por serem os mais cultivados pelos produtores da referida região.

Para diminuir o erro experimental e conferir uma maior precisão das análises de adaptabilidade e estabilidade, permitindo segurança quanto a recomendação dos híbridos, os oito genótipos foram cultivados em cinco ambientes (Tabela 02).

Tabela 02. Descrição dos cinco ambientes utilizados na implantação dos experimentos em DBC para avaliação dos oito híbridos de milho, com suas respectivas coordenadas geográficas e altitude

Ambientes	Locais de Condução Experimental	Municípios	Anos	Altitude (m)	Latitude (Sul)	Longitude (Oeste)
A1	Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba Instituto Federal	Itaocara	2021	76	21° 40' 33"	42° 4' 54"
A2	Fluminense Campus Avançado Cambuci	Cambuci	2021	104	21° 34' 22"	41° 54' 35"
A3	Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo	Campos	2021	11	21° 45' 16"	41° 19' 28"
A4	Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo Instituto Federal	Campos	2022	11	21° 45' 16"	41° 19' 28"
A5	Fluminense Campus Avançado Cambuci	Cambuci	2022	104	21° 34' 22"	41° 54' 35"

Para facilitar a visualização da macrorregião Fluminense, um gráfico do estado do Rio de Janeiro foi plotado, permitindo observar a posição geográfica dos três municípios onde os experimentos foram instalados, onde Campos dos Goytacazes e Cambuci se localizam na região Norte e Itaocara na região Noroeste (Figura 03).

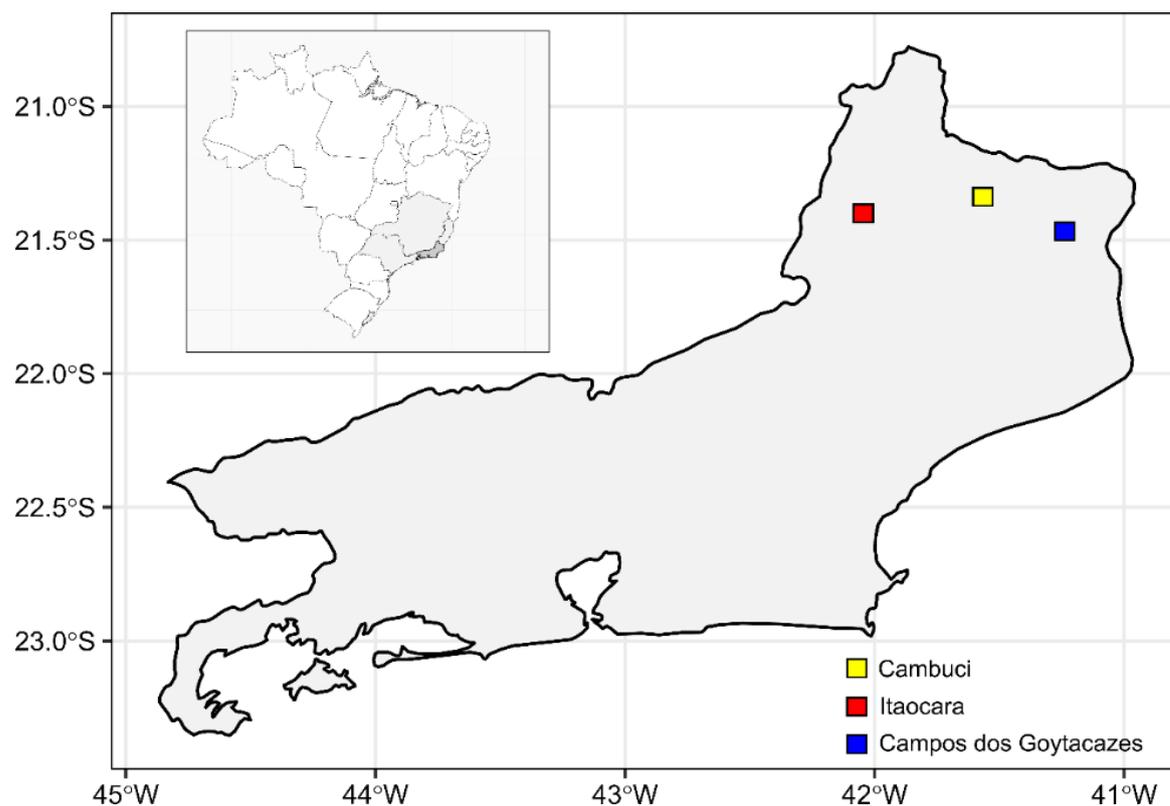


Figura 03. Mapa do estado do Rio de Janeiro, evidenciando a localização geográfica, por pontos, dos três municípios de Cambuci, Itaocara e Campos dos Goytacazes, no qual os experimentos foram instalados.

4.2. DELINEAMENTO EXPERIMENTAL

Em cada um dos ambientes, um ensaio foi conduzido em delineamento em blocos casualizados (DBC) com quatro repetições e oito tratamentos, perfazendo um total de 32 parcelas experimentais (Figura 04). Cada parcela experimental foi composta por quatro linhas de plantio que apresentaram 4 metros de comprimento cada e espaçadas 0,70 metros entre linhas. A área útil de cada planta foi de 0,14

m² representando um *stand* de 71.428 plantas por hectare, ou seja, o espaçamento entre plantas foi de 0,20 metros.

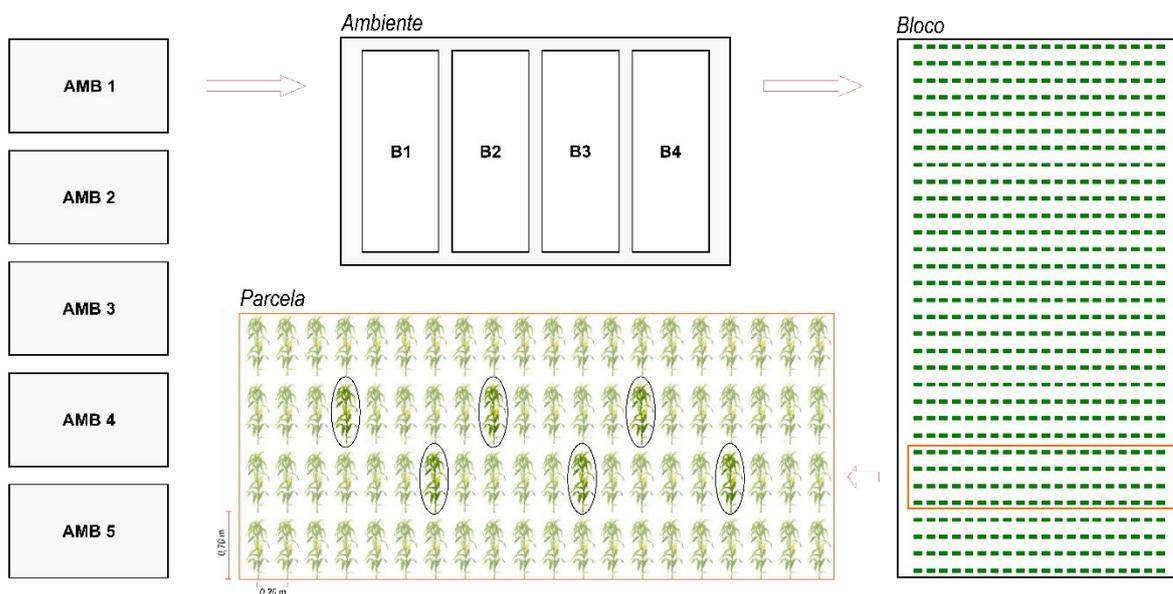


Figura 04. Ilustração esquemática do delineamento experimental em blocos causalizados (DBC) e disposição das plantas de milho previamente identificadas para monitoramento das estimativas de doenças foliares.

Em cada um dos ambientes de cultivo, as áreas experimentais foram previamente preparadas com gradagem e sulcadas com auxílio de implemento agrícola, mais precisamente, sulcador. No momento da semeadura, foi realizada a adubação de plantio, com a aplicação de 40,00 g/mL do formulado NPK (04-14-08). Aos 30 dias após a semeadura, foi realizada a primeira adubação de cobertura, com aplicação de 52,00 g/mL do formulado NPK (20-00-20) e aos 45 dias após a semeadura foi realizada a segunda adubação de cobertura, com aplicação de 35,00 g/mL de ureia.

No decorrer do desenvolvimento das plantas, os tratos culturais foram realizados conforme o recomendado para a cultura (Fancelli e Dourado Neto, 2000). Vale ressaltar, que nenhuma aplicação de fungicidas foi efetuada durante a condução experimental e que o sistema de irrigação adotado foi o de aspersão.

4.3. VARIÁVEIS AVALIADAS NO CAMPO

No campo, seis variáveis foram avaliadas, no qual obteve-se as estimativas de: Incidência de *Bipolaris maydis* de (IBm); Incidência de *Exserohilum turcicum*

(IEt); Incidência de *Puccinia polysora* (IPp); Severidade de *Bipolaris maydis* (SBm); Severidade de *Exserohilum turcicum* (SEt) e Severidade de *Puccinia polysora* (SPp).

Para garantir que o monitoramento das estimativas de incidência e severidade dos sintomas das doenças, fossem efetuados nas mesmas plantas durante três quinzenas consecutivas, foi necessário realizar, de preferência antes das plantas atingirem a completa maturação reprodutiva, uma identificação sistemática de seis plantas dentro da parcela, utilizando-se somente as duas linhas centrais de cada parcela experimental, respeitando a seguinte ordem de identificação: 4^a, 9^a e 14^a planta para as linhas pares e 7^a, 12^a e 17^a planta para as linhas ímpares (Figura 04).

Com o auxílio da escala diagramática proposta pela Agroceres (1996), as estimativas das variáveis IBm, IEt e IPp, foram quantificadas, levando em consideração o nível de incidência em proporção da planta por inteira (Figura 05).

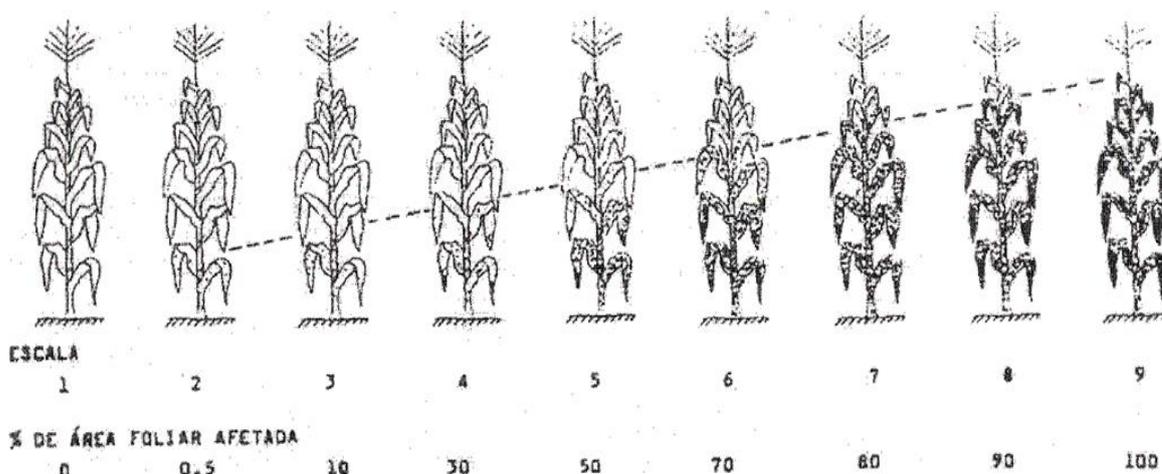


Figura 05. Escala diagramática proposta pela Agroceres (1996), utilizada para quantificar a incidência de *B. maydis*, *E. turcicum* e *P. polysora*.

A estimativa das variáveis SBm, SEt e SPp, foi realizada através do monitoramento da folha que precede a primeira espiga, sendo esta a espiga mais alta das plantas de milho que foram devidamente identificadas conforme apresentado na Figura 04. O nível de severidade foi quantificado com auxílio de escalas diagramáticas distintas, uma escala para cada uma das doenças.

Para o patógeno *B. maydis* a severidade foi estimada com a utilização da escala diagramática proposta por James (1971), onde os valores percentuais são 1, 5, 25 e 50% de área foliar lesionada (Figura 06).



Figura 06. Escala diagramática proposta por James (1971), para estimar a severidade de *B. maydis* na folha da espiga mais alta.

Para o patógeno *E. turcicum* a severidade foi estimada com a utilização da escala diagramática proposta por Vieira et al. (2014), onde os valores percentuais são 0,5; 1,6; 5,0; 15; 37; 66; 87; 96% de área foliar lesionada (Figura 07).

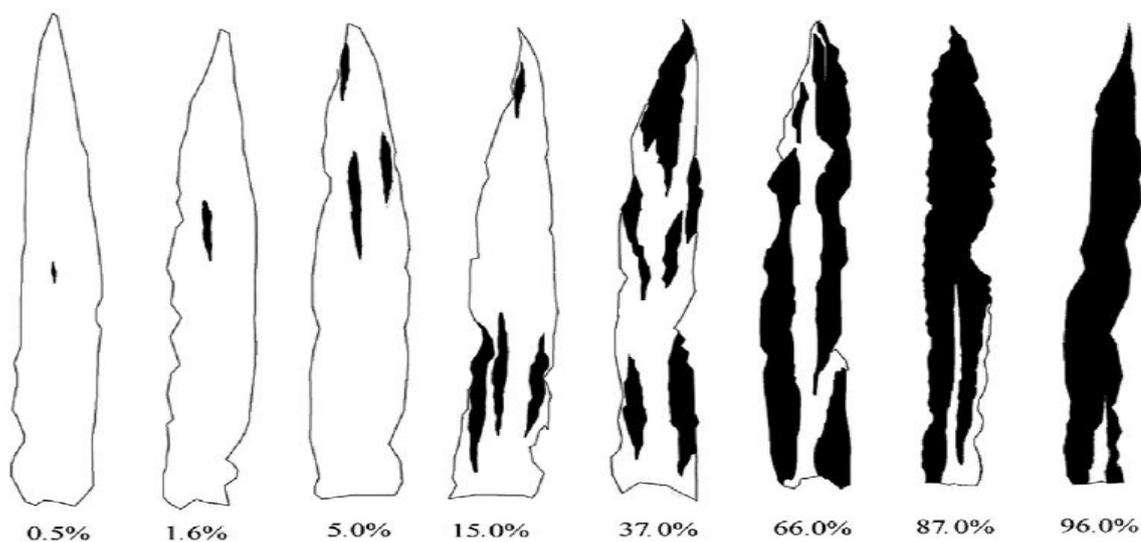


Figura 07. Escala diagramática proposta por Vieira et al. (2014), para estimar a severidade de *E. turcicum* na folha da espiga mais alta.

Para o patógeno *P. polysora* a severidade foi estimada com a utilização da escala diagramática proposta por Chester (1950), onde os valores percentuais oscilam entre 5 e 100%, (Figura 08).

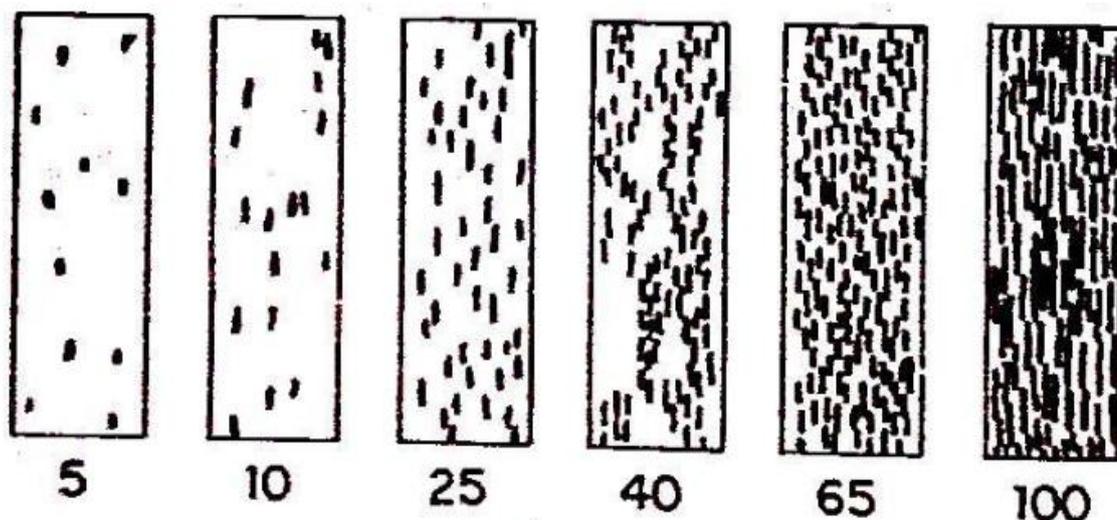


Figura 08. Escala diagramática modificada por Chester (1950), para estimar a severidade de *P. polyssora* na folha da espiga mais alta.

Os dados referentes às estimativas de incidência e severidade das doenças foram tabulados com auxílio da ferramenta de planilhas do micro *software* Excel 2016. Para uma melhor visualização da dispersão das doenças dentro das áreas experimentais, para cada uma das doenças mapas *heatmap* de dispersão foi criado com base nos dados das médias das estimativas de incidência. Os dados referentes às estimativas de severidade, de cada uma das doenças, foram utilizados para obter informações, correspondente a interação entre a proporção de doenças em relação ao tempo, sobre o somatório de área foliar não lesionada por doença (SANL), através da equação:

$$SANL = \sum_{i=1}^{n-1} \left[\left[100 - \left(\frac{S_{i+1} + S_i}{2} \right) \right] \cdot (T_{i+1} - T_i) \right]$$

Em que:

SANL somatório da área foliar não lesionada por doença;

n número de monitoramentos;

S_i severidade inicial da doença no *i*ésimo monitoramento; e

T_i tempo em dias no *i*ésimo monitoramento.

4.4. ANÁLISE ESTATÍSTICA

A média fenotípica referente ao somatório da área foliar não lesionada (SANL), de cada um dos oito híbridos cultivados em cada um dos cinco ambientes, foi utilizada para construir uma planilha de dupla entrada para cada uma das doenças. A partir disto, foram obtidos os componentes principais, tendo os ambientes como variáveis classificatórias. A posteriori, os gráficos GGE *Biplot* foram plotados de acordo com o preconizado por Yan et al. (2000), seguindo o seguinte modelo estatístico:

$$\bar{Y}_{ij} - \bar{y}_j = y_1 \varepsilon_{i1} p_{j1} + y_2 \varepsilon_{i2} p_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

\bar{Y}_{ij} refere-se a produtividade média de grãos do genótipo i no ambiente j ; \bar{y}_j é a média geral dos genótipos no ambiente j ; $y_1 \varepsilon_{i1} p_{j1}$ é o primeiro componente principal (PC1); $y_2 \varepsilon_{i2} p_{j2}$ é o segundo componente principal (PC2); y_1 e y_2 são os valores próprios associados a IPCA1 e IPCA2, respectivamente; ε_{i1} e ε_{i2} são os valores do PC1 e PC2, respectivamente, do genótipo i ; p_{j1} e p_{j2} são os valores do PC1 e PC2, respectivamente, para o ambiente j ; e ε_{ij} é o erro associado com o modelo do i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente (Yan et al., 2000).

Todas as análises estatísticas dos dados foram realizadas por intermédio do programa R (R Core Team, 2021).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. ESTIMATIVAS DE INCIDÊNCIA E DISPERSÃO DAS DOENÇAS

Embora não tenha sido realizada alguma metodologia de inoculação artificial dos patógenos fúngicos nos oito híbridos de milho, é possível observar nos mapas de dispersão, que as doenças foliares se espalharam dentro das áreas experimentais e atingiram todas as parcelas, com exceção, dos experimentos conduzidos na safra de inverno, onde observa-se que o patógeno *P. polyssora*, foi capaz de infectar somente um único híbrido no ambiente de Itaocara, sendo este, o híbrido 30F35R. Em Cambuci na safra de inverno não houve ocorrência da doença e em Campos dos Goytacazes, a maior estimativa de incidência foi de 20,125% no híbrido 30F35R (Figura 09).

A baixa incidência de ferrugem polissora nos cultivos de inverno pode ser explicada pelas condições edafoclimáticas não favoráveis à intensidade do inóculo. Para os demais ambientes observa-se que a maior parte das parcelas tiveram contato com o patógeno. De acordo com Almeida (2022), a elevada incidência de doenças dentro das áreas experimentais possibilita maior segurança na comparação dos genótipos, quanto ao potencial de resistência e assegura sua recomendação.

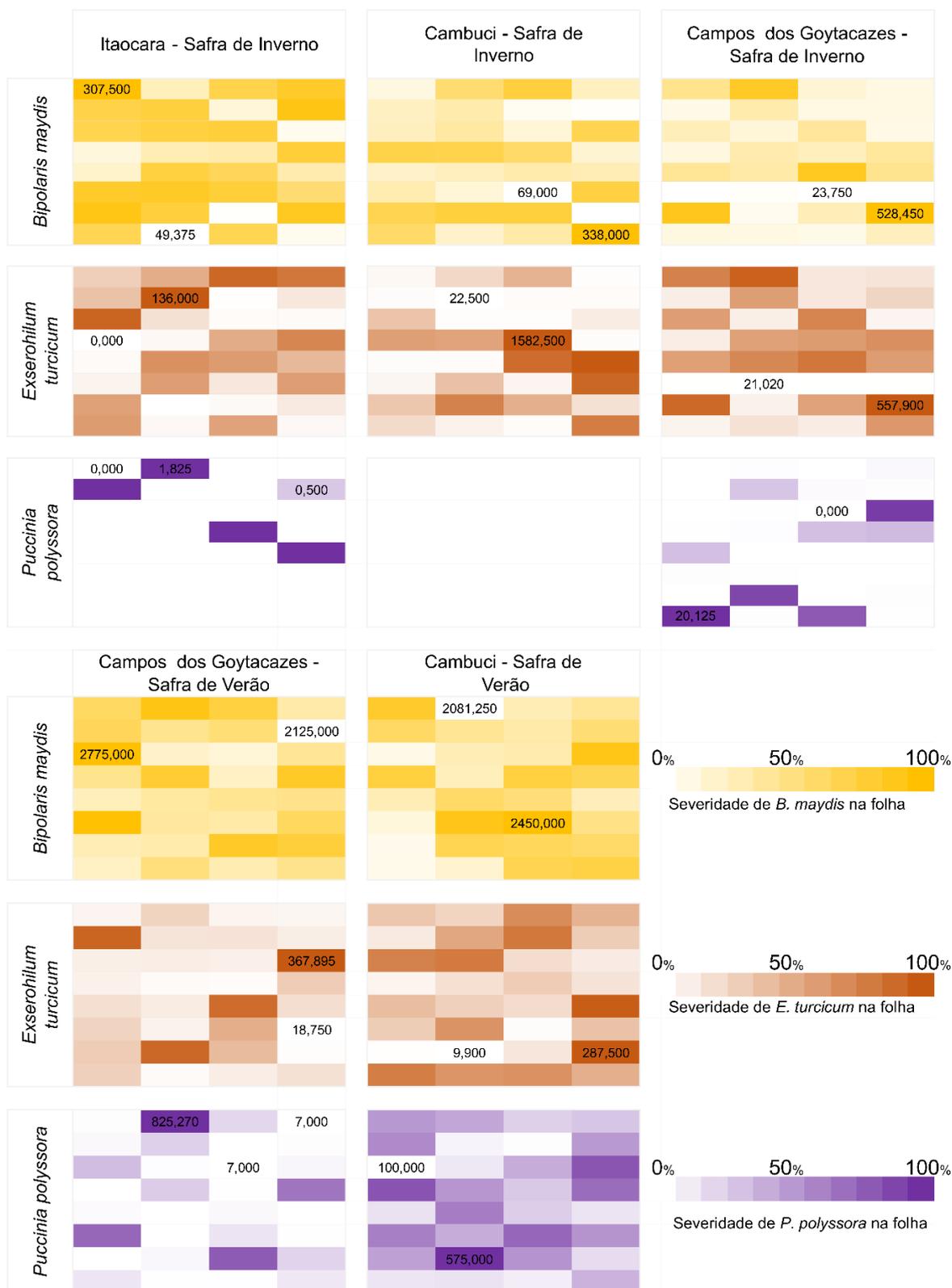


Figura 09. Mapa *heatmap* da dispersão das doenças foliares dentro das parcelas experimentais devidamente casualizadas, apresentando as médias das parcelas mais incididas e menos incididas.

De acordo com Almeida et al. (2021), em ambientes onde a infecção de doenças ocorreu de forma natural nas plantas, as análises de severidade, são suficientes para discriminar os materiais genéticos, desde que, tenha sido observada elevada pressão de inóculo dentro das áreas experimentais, quanto à incidência.

Com o intuito de cumprir as exigências do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA) quanto ao registro de cultivares, as etapas finais de programas de melhoramento, visam submeter as variedades em estudos à múltiplos ambientes. Tais exigências de acordo com Silva e colaboradores (2007), dificultam os estudos de resistência a doenças fúngicas com inoculação artificial no campo, visto que, há uma demanda de alto volume de solução com inóculo e garantia que todos os genótipos estejam em mesmo estágio fenológico.

Nestas circunstâncias, as áreas experimentais utilizadas para o cultivo dos materiais genéticos do presente estudo, apresentaram elevada pressão de inóculo, sendo possível discriminar os genótipos via metodologia GGE *Biplot*.

5.2. ESTIMATIVA DE SEVERIDADE E METODOLOGIA *BILOT*

A partir das análises de componente principal (Figura 10), foi possível observar que os dois primeiros componentes, representaram 96,94%, 98,13% e 99,99% da variação total existente para as variáveis do somatório de área foliar não lesionada por *B. maydis* (ABm), *E. turcicum* (AEt) e *P. polysora* (APp), respectivamente. Segundo Yan e Holland (2010), o primeiro componente principal (CP1), está correlacionado ao efeito principal dos genótipos e o segundo componente principal (CP2), representando a variável associada à interação genótipo ambiente (GxA).

5.2.1. Quem ganhou onde?

Por estarem alocados aos vértices no polígono do *Biplot* A, os híbridos UENF-506 11, UENF-506 16, LG-6036, 30F35R e AG-1051, foram os genótipos que apresentaram maiores desempenhos e adaptações para a área foliar não lesionada por *B. maydis* (ABm). Na safra de inverno em Itaocara (AMB 1), os híbridos LG-6036 e AG-1051 foram os que menos sofreram com a intensidade de

B. maydis, entretanto na safra de verão em Cambuci (AMB 5), estes mesmos híbridos não tiveram *performance* favoráveis para resistência à doença. É possível observar ainda que, o híbrido UENF-506 16 obteve maior valor médio para SANL na safra de verão em Campos dos Goytacazes (AMB 4), porém, as condições edafoclimáticas na safra de inverno em Cambuci (AMB 2), proporcionaram maior intensidade de inóculo do patógeno, aumentando a severidade de *B. maydis*.

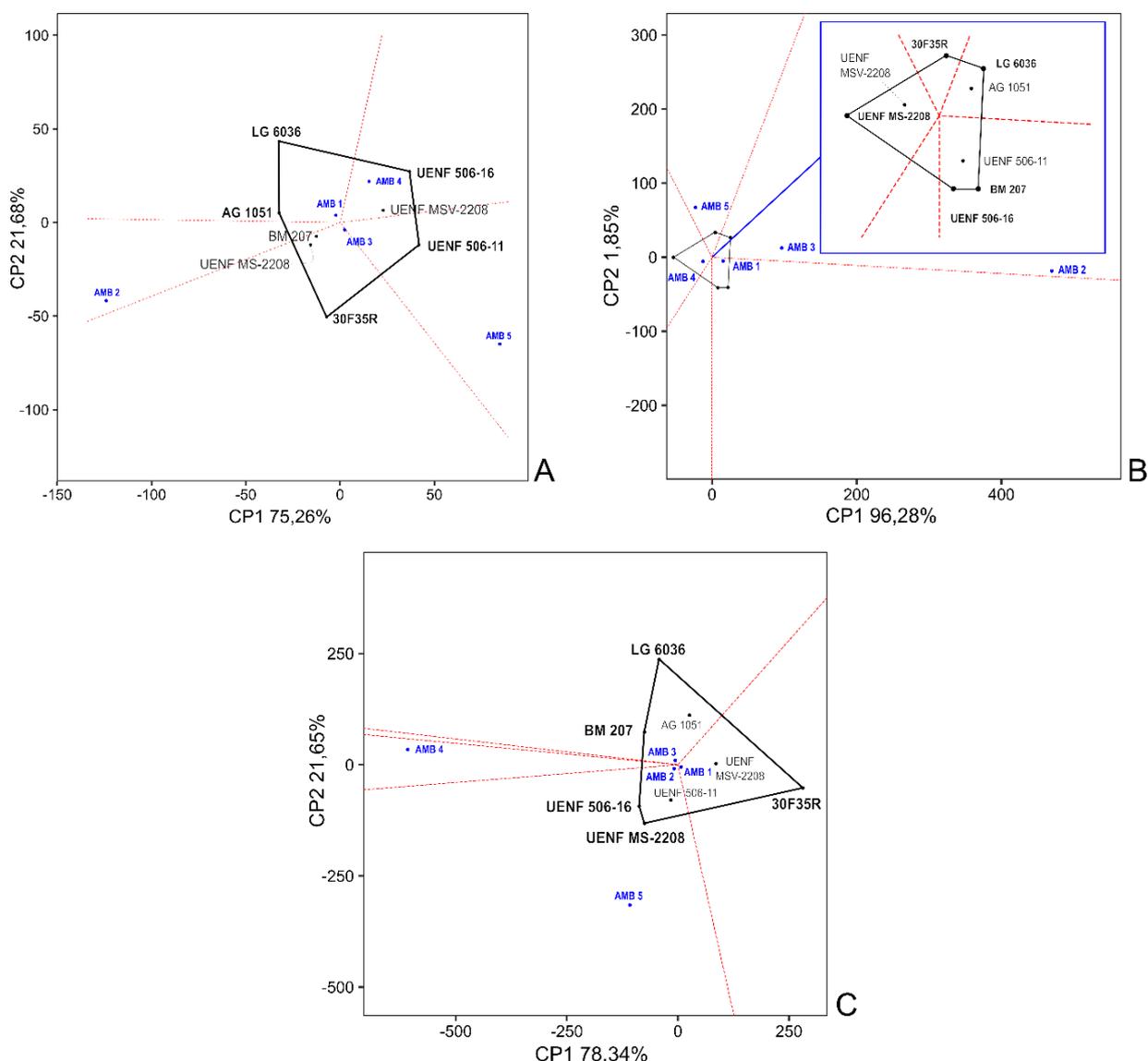


Figura 10: Gráficos *Biplot* “which-won-where” (A), (B) e (C) formados a partir dos dois primeiros componentes principais para área foliar não lesionada pela severidade de *B. maydis*, *E. turcicum* e *P. polyspora*, respectivamente, em oito híbridos de milho comum na região Noroeste Fluminense.

No *Biplot* B, híbridos UENF-506 16, UENF-MSV 2210, BM 207, LG 6036 e 30F35R ficaram alocados nos vértices do polígono, sendo estes, os genótipos que apresentaram maiores desempenhos e adaptações para uma possível resistência a *E. turcicum* em seus ambientes relacionados.

É possível observar que na safra de inverno houve a formação de um mega-ambiente compreendido pelos locais: Cambuci (AMB 2) e Campos dos Goytacazes (AMB 3). Neste mega-ambiente, o híbrido LG 6036 obteve melhor resposta para potencial resistência a *E. turcicum*, entretanto na safra de verão em Campos dos Goytacazes (AMB 4) este mesmo híbrido não se mostrou promissor. Na safra de verão em Cambuci (AMB 5), o híbrido 30F35R obteve resultados satisfatórios para área foliar não lesionada, entretanto na mesma safra, os híbridos UENF-506 16 e BM 207 apresentaram menores valores para área foliar não lesionada, sendo estes, suscetíveis nas condições edafoclimáticas locais.

A formação de mega-ambientes e a relação entre ambientes auxiliam os melhoristas de plantas na identificação de genótipos que possuam adaptação ampla ou específica a determinados ambientes ou grupos de ambientes, no estudo da representatividade e na seleção de locais de teste (Yan e Kang, 2003; Silva e Benin, 2012).

Para SANL por severidade de *P. polyssora* (APp), os híbridos UENF-506 16, UENF-MS 2208, BM-207, LG-6036 e 30F35R, foram os que tiveram respostas mais promissoras em seus ambientes relacionados. Os híbridos UENF-506 16 e UENF-MS 2208 obtiveram maiores valores de SANL em duas safras distintas, sendo elas: safra de inverno em Itaocara (AMB 1) e pela safra de verão em Cambuci (AMB 5). Em Campos dos Goytacazes na safra de inverno (AMB 3), os híbridos BM 207 e LG 6036 apresentaram boas respostas à resistência. É possível observar ainda no *Biplot* C que a mudança de safras interfere significativamente na severidade da ferrugem, visto que nas safras de inverno a resposta do híbrido 30F35R foram similares, apresentando baixa severidade, enquanto nas safras de verão a resposta do mesmo genótipo também foram similares, apresentando alta severidade.

De acordo com Yan e Rajcan (2002), o comprimento do vetor de cada genótipo, partindo do centro do *Biplot*, diz respeito à sua magnitude de resposta aos ambientes testados. Dessa forma, todos os híbridos que se encontram alocados dentro dos polígonos, dotados de vetores curtos, são considerados pouco responsivos às interações com seus ambientes relacionados, sendo estes, pouco adaptáveis (Figura 10).

5.2.2. Estabilidade e desempenho médio dos genótipos

De acordo com Olivoto e Giacomini (2021), a visualização da média e da estabilidade dos genótipos é obtida desenhando uma coordenada média de ambiente (AEC) no *Biplot* obtido com ‘*row metric preserving*’. Primeiro, um ambiente médio, representado pela ponta da seta, é definido pelas médias dos *scores* dos componentes PC1 e PC2 dos ambientes. A linha que passa pela origem do *Biplot* e pelo AEC pode ser chamada de média. As projeções de marcadores genotípicos nesse eixo devem, portanto, aproximar o rendimento médio dos genótipos. De tal modo, o híbrido 30F35F, em média foi claramente o genótipo de maior área foliar não lesionada por *B. maydis*, por estar alocado a frente da ponta da seta, diferentemente dos demais híbridos (Figura10-A).

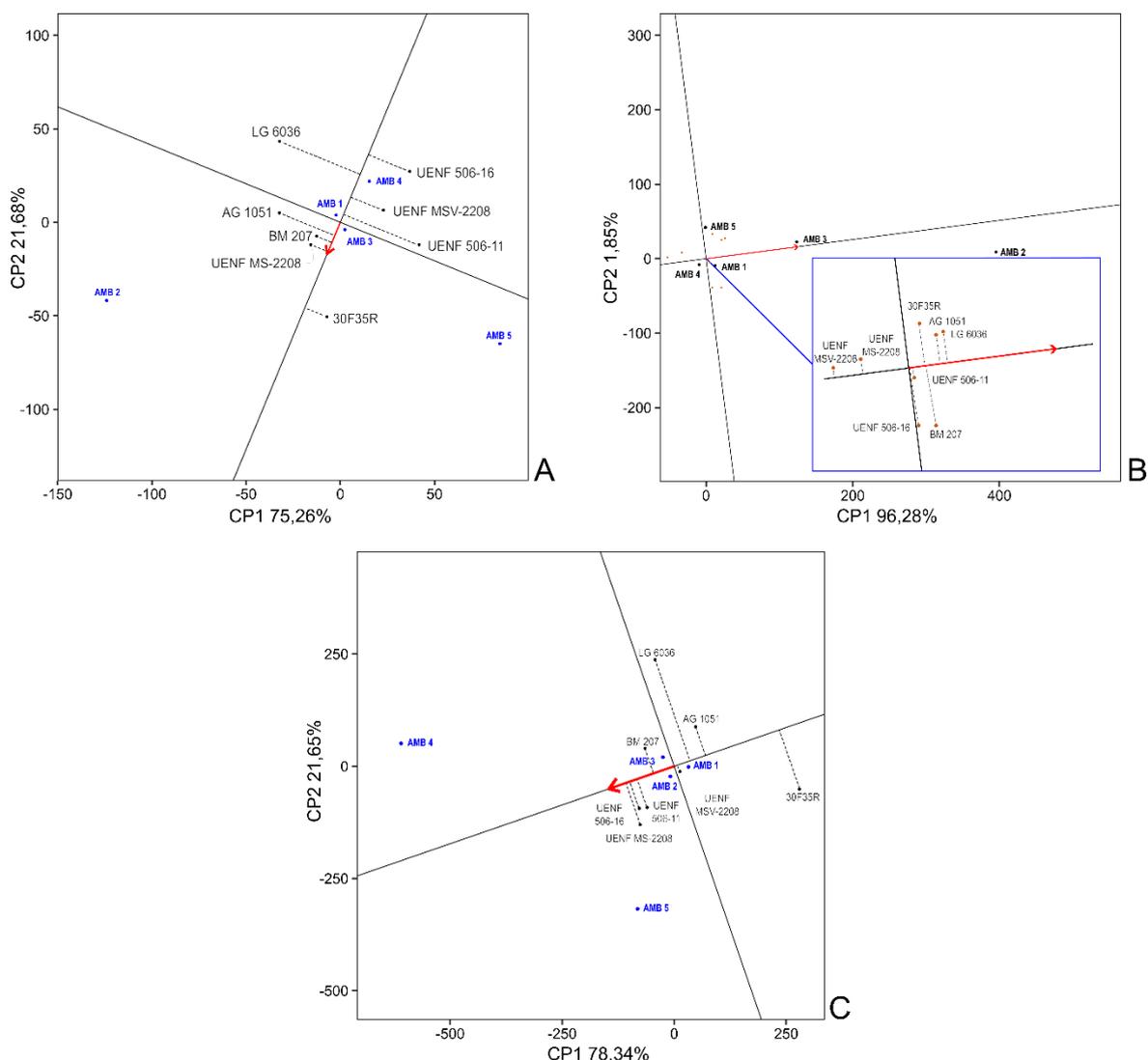


Figura 11. Gráficos *Biplot* da estabilidade para área foliar não lesionada pela severidade de *B. maydis* (A), *E. turcicum* (B) e *P. polysora* (C), em oito híbridos de milho comum na região Noroeste Fluminense.

A ordenada de AEC é a linha que passa pela origem do *Biplot* e é perpendicular à abscissa do AEC. Portanto, de acordo com informações de Yan et al. (2007), se a abscissa AEC representa o G, a ordenada AEC deve aproximar o GEI associado a cada genótipo, que é uma medida de variabilidade ou instabilidade dos genótipos.

Uma projeção maior na ordenada AEC, independentemente da direção, significa maior instabilidade. Neste sentido, em relação a área foliar não lesionada por *B. maydis* (ABm), nota-se que os híbridos 30F35R, UENF MS-2208, BM 207 e UENF MSV-2208 foram os mais estáveis nos diferentes ambientes, entretanto, somente os híbridos UENF MS-2208 e BM 207 ficaram alocados dentro da média geral. Os demais híbridos, AG 1051, UENF 506-11, LG 6036 e UENF 506-16 apresentaram baixa estabilidade (Figura 11-A).

Para uma melhor visualização da estabilidade dos híbridos para a área foliar não lesionada por *E. turcicum* (AEt), um *zoom* foi efetuado (Figura 11-B). É possível observar que os híbridos UENF MSV-2208, UENF MS-2208 e UENF 506-11 foram os mais estáveis.

Para avaliação da estabilidade dos genótipos em relação a área foliar não lesionada por *P. polyssora* (APp), nota-se que os híbridos UENF-506 16, UENF-506 11, UENF-MS 2208 e BM-207 tiveram respostas estáveis nos diferentes ambientes. Embora o híbrido AG-1051 tenha apresentado uma baixa instabilidade, este não se encontra alocado dentro da média geral. Os demais híbridos, LG-1051 e 30F35R tiveram baixa estabilidade nos diferentes ambientes.

5.2.3. Discriminação e representatividade

A discriminação e representatividade dos ambientes em relação aos genótipos refere-se ao comprimento do vetor e o tipo de ângulo formado, respectivamente. Em contrapartida, segundo Yan (2010), os ambientes que possuem menores ângulos com o eixo do ambiente-média, são mais representativos em relação aos que formam ângulos maiores.

É possível observar que o local Cambuci em ambas as safras (AMB 2 e AMB 5), permitiu maior poder de discriminação dos genótipos quanto a AFNL por *B. maydis* (Figura 12-A). Para *E. turcicum*, os ambientes que promoveram maior poder

de discriminação de genótipos foram Cambuci (AMB 2), seguido por Campos dos Goytacazes (AMB 3), ambos na safra de inverno.

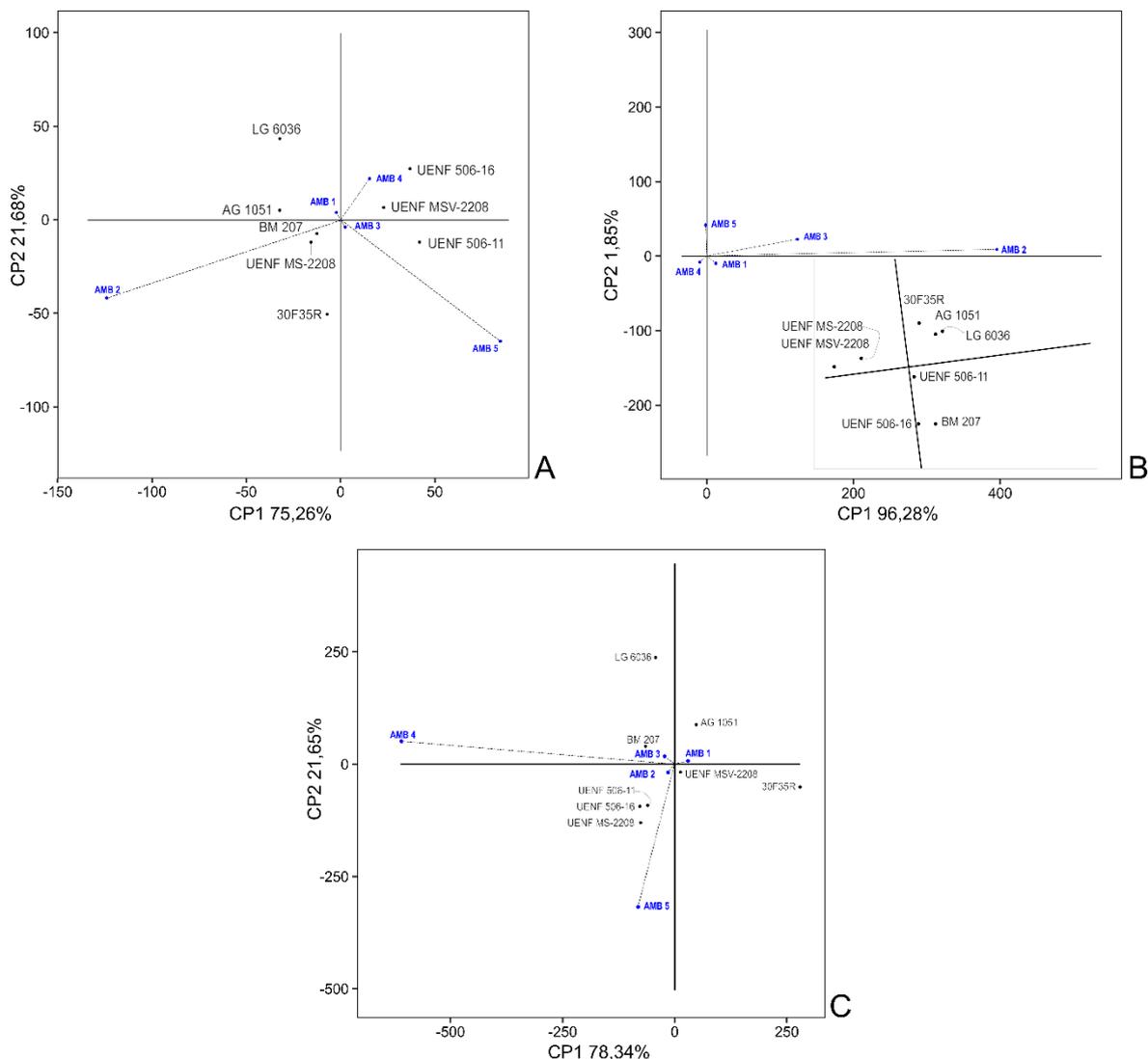


Figura 12. Gráficos *Biplot* da discriminação ambiental para área foliar não lesionada pela severidade de *B. maydis* (A), *E. turcicum* (B) e *P. polysora* (C), em oito híbridos de milho comum na região Noroeste Fluminense.

Uma informação importante para o patógeno *P. polysora*, é que somente as safras de verão (AMB 4 e AMB 5) permitiram maior poder de discriminação dos genótipos. As condições edafoclimáticas das safras de inverno não proporcionaram pressão de inóculo da doença, o que se confirma com o gráfico de dispersão da doença nas áreas experimentais, quando se analisa a dispersão das doenças dentro das áreas experimentais (Figura 12-C).

5.2.4. Ranking dos ambientes

Para o ranqueamento dos ambientes, observa-se que para as avaliações de *B. maydis* e *E. turcicum*, o ambiente Cambuci na safra de inverno (AMB 2), foi o ambiente que mais se aproximou do ambiente ideótipo (Figura 13-AB). Para as avaliações de *P. polyssora*, o município Campos dos Goytacazes na safra de verão (AMB 4), se aproximou mais do ambiente ideal.

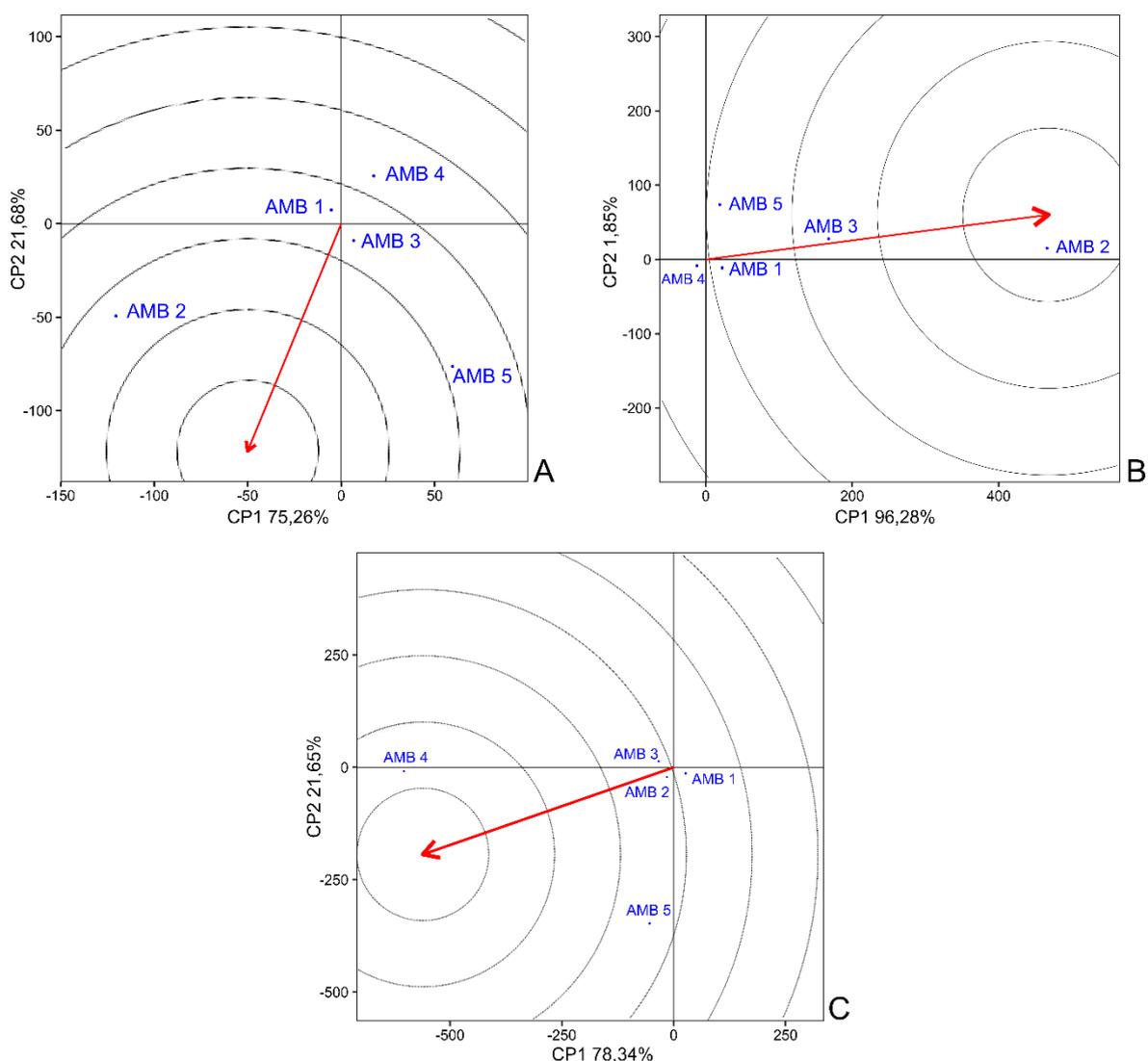


Figura 13. Gráficos *Biplot* do ranqueamento dos ambientes para área foliar não lesionada pela severidade de *B. maydis* (A), *E. turcicum* (B) e *P. polyssora* (C), em oito híbridos de milho comum na região Noroeste Fluminense.

De acordo com Yan e Tinker (2006), um ambiente ideal deve ter valores próximos ao ponto médio dos ambientes no eixo do ambiente médio (maior poder

de discriminação do genótipo em termos de efeitos principais de genótipos) e percentagem o zero para o segundo componente principal (maior representatividade de todos os outros ambientes). Desta forma, utilizando um ambiente ideótipo para condução de ensaios experimentais, os custos de avaliação em redes multilocais podem ser reduzidos sem perda de informações importantes para classificação dos genótipos (Yan et al., 2007).

5.2.5. Ranking dos genótipos

A visualização do genótipo-ideótipo pode ser feita através da distância dos genótipos em relação ao menor círculo concêntrico, identificado na ponta da seta.

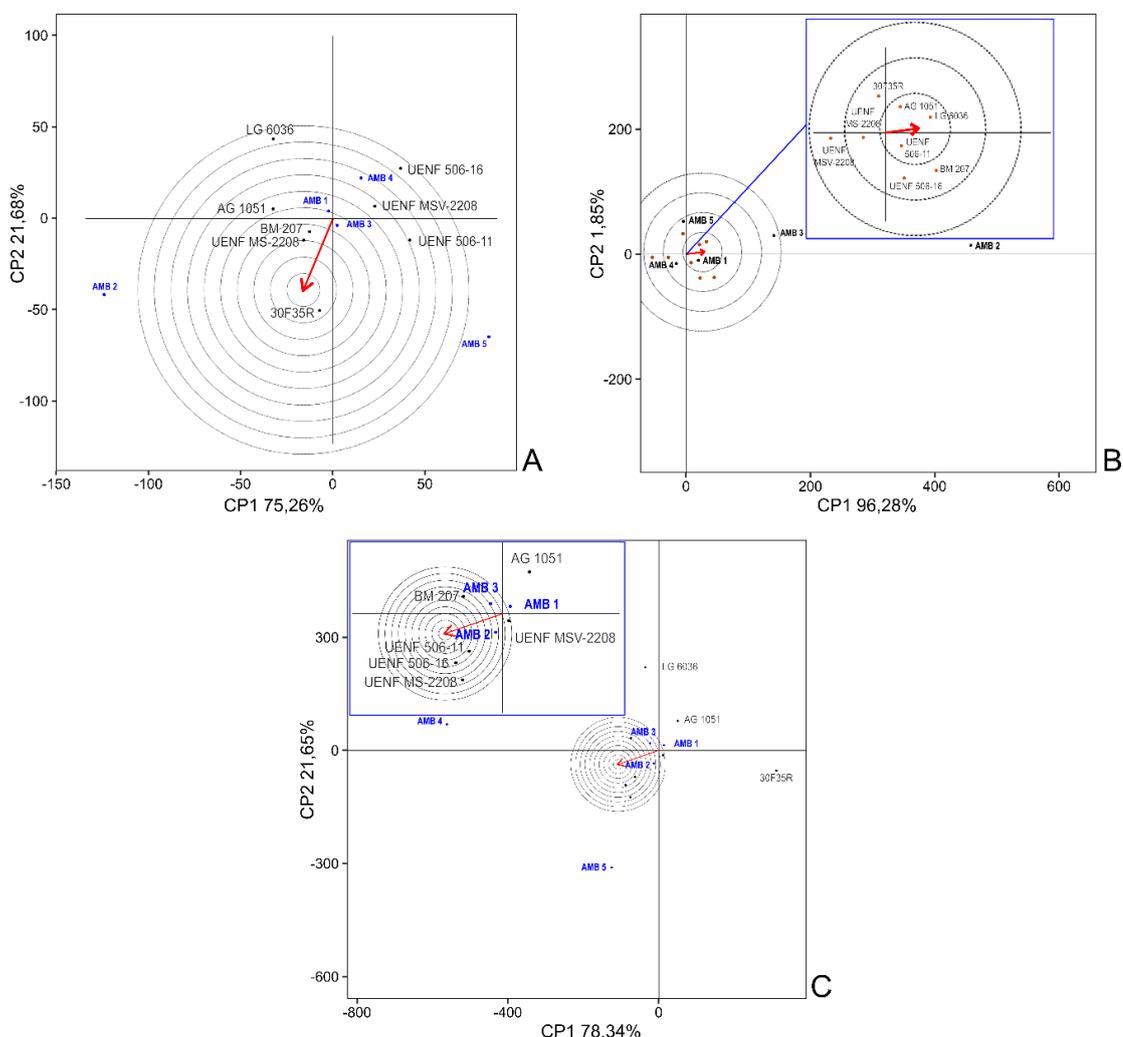


Figura 14. Gráficos *Biplot* do ranqueamento dos genótipos para área foliar não lesionada pela severidade de *B. maydis* (A), *E. turcicum* (B) e *P. polysora* (C), em 8 híbridos de milho comum na região Noroeste Fluminense.

Desta forma, um potencial de resistência a *B. maydis* pode ser observado no híbrido 30F35R, pois este foi o que mais se aproximou do genótipo ideótipo. Para *E. turcicum*, os híbridos AG 1051, UENF-506 11 e LG 6036 podem ser considerados genótipos ideais, visto que, estes por sua vez ficaram alocados dentro do menor círculo concêntrico. Por fim, não foi possível obter informações de híbridos com potencial resistência para *P. polyssora*, entretanto os híbridos UENF-506 11 e UENF-506 16 foram os que mais se aproximaram do genótipo ideótipo, ficando alocados no quarto círculo concêntrico (Figura 14).

De acordo com Trethowan (2014), um genótipo ideótipo pode ser definido como um modelo hipotético de uma espécie que responderia com *performance* agronômicas ótimas para as características de interesse, dentro de um determinado ambiente de cultivo. Apesar do genótipo ideal ser apenas um modelo hipotético, sua identificação é usada como referência na avaliação dos demais genótipos. Sua classificação é definida graficamente pelo maior comprimento de seu vetor em CP1 e CP2 orientado por um ponto situado no centro dos círculos concêntricos (Yan e Rajcan, 2002).

6. CONCLUSÕES

O híbrido UENF-506 16 apresentou melhor adaptabilidade para área foliar não lesionada por *Bipolaris maydis* e *Puccinia polysora*, em Campos dos Goytacazes na safra de verão.

Os híbridos, UENF MS 2208, UENF-506 11 e UENF-506 16 foram os híbridos mais estáveis em todos os ambientes para *Bipolaris maydis*, *Exserohilum turcicum* e *Puccinia polysora*, respectivamente.

A equação do somatório da área foliar não lesionada por doença (SANL) associada à metodologia GGE *Biplot*, foi uma eficiente ferramenta para a identificação de genótipos adaptáveis e estáveis a doenças foliares.

Embora tenha sido observado altos valores do SANL, os híbridos de milho desenvolvidos pela UENF não podem ser considerados potencialmente resistentes a doenças foliares, sendo necessário dar continuidade no programa e agregar alelos de resistência nos mesmos.

Devido à baixa intensidade de inóculo de *Puccinia polysora* na safra de inverno, os estudos deste patógeno na região Noroeste Fluminense devem ser priorizados em safras de verão, garantindo maior segurança quanto a seleção de genótipos potencialmente resistentes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Agrios, G.N., *Plant Pathology*. 5. Ed. San Diego, California: Elsevier Academic Press, 2004. 922p.

Agrofit. Sistemas de agrotóxicos fitossanitários. Disponível em: https://extranet.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons. Acesso em 25 de jul. 2021.

Ahangar, M.A; Bhat, Z.A; Sheikh, F.A; Dar, Z.A; Lone, A.A; Hooda, K.S; Reyaz, M. Pathogenic variability in *Exserohilum turcicum* and identification of resistant sources to *turcicum* leaf blight of maize (*Zea mays* L.). *J. app. Nat. Sci.* 8, 1523-1529. 2016.

Almeida, R.N; Vivas, M.V; Santos Junior, D.R; Saluci, J.C.G; Carlos, M.C; Santos, J.S; Amaral Júnior, A.T; Scapim, C.A. (2021) Combining abilities analysis for ear rot resistance in popcorn hybrids development. *Revista Ceres*, 68(1): 61-70. <https://doi.org/10.1590/0034737X2021-68010008>.

Almeida, Rafael Nunes de. *Pré-seleção de linhagens de milho-pipoca para resistência à podridão de espigas ocasionada por Fusarium sp.* 2022. 120 f. Tese (Doutorado) - Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes - RJ, 2022. 47p. Disponível em: <https://uenf.br/posgraduacao/gmp/wp-> <https://pgmp.uenf.br/wp->

content/uploads/2022/06/Tese-DS-Rafael-Nunes-de-Almeida-assinada.pdf.

Acesso em: 16 jul. 2022.

- Altaf, M; Raziq, F; Khan, I; Hussain, H; Shah, B; Ullah, W; Naeem, A; Adnan, M; Junaid, K; Shah, S.R.A. and Attaullah, M.I. (2016). Study on the response of different maize cultivars to various inoculum levels of *Bipolaris maydis* (Y. Nisik e C. Miyake) shoemaker under field conditions. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 4, 533-537.
- Alves, V. M; Castro, R. L. A; Lemes, E. M; Sanches, M. C; Baute, N. L; de Souza, F. S. Efeitos fisiológicos e produtividade de grãos decorrentes da aplicação de fungicidas em híbrido de milho transgênico. *Anais. XXXI Congresso Nacional de Milho e Sorgo*. 2016.
- Amaral Júnior, A. T; Santos, A; Gerhardt, I. F. S; Kurosawa, R. N. F; Moreira, N. F; Pereira, M. G; Gravina, G. A; Silva, F. H. L. 2016. Proposal of a super trait for the optimum selection of popcorn progenies based on path analysis. *Genetics and Molecular Research*, 15 (4).
- Amaral, C. B; Môro, G. V. (2017) Estabilidade e adaptabilidade do florescimento em variedades de milho. *Ciência e Tecnologia*. 9:1-5.
- Annicchiarico, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. *Journal of Genetics and Breeding*. 46:269-278, 1992.
- Balmer, E; Pereira, O. A. P. Doenças do milho. In: Paterniani, E; Viegas, G. P. Melhoramento e produção de milho. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 2, p. 595-634.
- Barros, F. A cultura do milho. Universidade de Évora, 13p., 2014.
- Bicalho, T. F; Oliveira, A. M. E; Albuquerque, C. J. B; Freitas, R.S. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de sorgo granífero em Uberaba - MG, Patos de Minas - MG e Votuporanga - SP. 10:1-8, 2018.

- Borém, A; Giúdice, M. P. D. Cultivares transgênicos. In: Galvão, J. C. C; Miranda, G. V. Tecnologia de produção de milho. Viçosa: Editora UFV, 2012. cap. 3, p. 85-108.
- Borém, A.; Miranda, G. V. Melhoramento de plantas. 6. ed. Viçosa: UFV, 2013. 523 p.
- Borém, A; Miranda, G. V; Fritsche-Neto, R. Melhoramento de Plantas. 7. ed. Viçosa: UFV, v. 1. 543p. 2017.
- Brito, A. H; Pinho, R. G. V; Pozza, E. A; Pereira, J. L. A. R; Faria Filho, E. M. Efeito da cercosporiose no rendimento de híbridos comerciais de milho. *Fitopatologia Brasileira*, Lavras, v.32, n.6, p.32-36, 2007.
- Camargo, L. E. A; Pereira, O. A. P; Carvalho, R. V. de. Doenças do milho. In: Kimati, H; Amorim, L; Bergamin Filho, A; Camargo, L. E. A; Rezende, J. A. M. (Ed.). Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas. 4. ed. São Paulo: *Agrônômica Ceres*, 2005. p. 477 - 488.
- Casela, C. R; Ferreira, A. S; Pinto, N. F. J de A. Doenças na cultura do Milho. Embrapa Milho e Sorgo-Circular Técnica (INFOTECA-E), 2006.
- Chaves, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: Nass, L. L; Valois, A. C. C; Melo, I. S; Valadares, M. C. (Ed.). Recursos genéticos e melhoramento planta. Rondonópolis: Fundação MT. 2001. p. 673-713.
- Chester, K. S. 1950. Plant disease losses: their appraisal and interpretation. *Plant disease losses: their appraisal and interpretation*, 193:189–362.
- Companhia Nacional De Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de grãos - CONAB. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 20 jul. 2020.
- Costa, R. V. da; Cota, L. V; Silva, D. D. da; Campos, L. J. M; Almeida, R. E. M. de; Bernardes, F. P; Pereira, L. A. O. A. Reação de híbridos comerciais de milho à mancha-de-bipolaris em diferentes épocas de semeadura. *Técnica*, 238. Sete Lagoas, MG. Embrapa Milho e Sorgo, 2018.

- Costa, R. V; Silva, D. D; Cota, L. V. Mancha de bipolares do milho. Técnica, 207. Sete Lagoas, MG: Embrapa Milho e Sorgo, 2014.
- Costa, R. V; Cota, L. V; Silva, D. D; Lanza, F. E. Recomendações para o controle químico da mancha branca do milho. Circular Técnica16, p. 1-6. 2011.
- Costa, R. V; Cota, L. V; Silva, D. D; Meirelles, W. F; Lanza, F. E. (2012) Viabilidade técnica e econômica da aplicação de estrobilurinas em milho. *Tropical Plant Pathology* 37 (4): 246-254; doi:10.1590/S1982-56762012000400003.
- Cota, L. V; Costa, R. V; Silva, D. D. Manejo de doenças. In: Borém, A; Galvão, J. C. C; Pimentel, M. A. Milho: do plantio à colheita. 1. ed. Viçosa: UFV, 2015. cap. 13, p. 294-322.
- Cruz, C. D; Regazzi, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 1997. v.1. 390 p.
- Cruz, C. D; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2004. v.2, 480 p.
- Cruz C. D; Regazzi, A. J; Carneiro, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2012, 544 p.
- Cruz, C. D; Regazzi, A. J; Carneiro, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2014. v.2. 668 p.
- Cruz, C. D; Castoldi, F. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexas. *Revista Ceres*. 38:422-430, 1991.
- Cunha, B. A. D. et al. Influência da época de semeadura na severidade de doenças foliares e na produtividade do milho safrinha. *Summa Phytopathologica*, 45: 424-427, 2020.
- Cunha, K. S; Pereira, M. G; Gonçalves, L. S. A; Berilli, A. P. C. G. Full-sib reciprocal recurrent selection in the maize populations Cimmyt and Piranão. *Genetics and Molecular Research*, 11: 3398-3408, 2012.

- Dudienas, C. et al. Severidade de ferrugem polissora em cultivares de milho e seu efeito na produtividade. *Summa phytopathol.*, v. 39, n. 1, p. 16-23, 2013.
- Eberhart, S. A.; Russell, W. A. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*. 6:36-40, 1966.
- Fancelli, A. L; Dourado Neto, D. Milho: estratégias de manejo para alta produtividade. Piracicaba. ESALQ/USP. 2003. 208 p.
- Faria, S. V; Luz, L. S; Rodrigues, C. C; Carneiro, J. E. S; Carneiro, P, C. S; de Lima, R, O. Adaptability and stability in comercial maize hybrids in the southeast of the State of Minas Gerais, Brasil. *Revista de Ciências Agrônômica*. 48:347-357, 2017.
- Futrell, M. C. Puccinia polysora epidemics on maize associated with cropping practice and genetic homogeneity. *Phytopathology*. v. 65, p. 1040-1042, 1975. <https://doi.org/10.1094/Phyto-65-1040>.
- Galvão, J. C. C; Miranda, G. V; Trogello, E; Fritsche-Neto, R. Sete décadas de evolução do sistema produtivo da cultura do milho. *Revista Ceres*, v. 61, n. 7, 2015.
- James, W. C. (1971) A manual of assessment keys of plant diseases. *Canadá Department of Agriculture Publication*, 1458, 80 p.
- Juliatti, F. C. Manual de identificação e manejo das doenças do milho. Uberlândia: UFU, 2016. 121 p.
- Kluge, E. R. *Doenças foliares e podridão de grãos com uso de fungicida em híbridos de milho e associação à expressão de enzimas no grão em diferentes espaçamentos*. Universidade Estadual do Centro-oeste, UNICENTRO–PR. Dissertação. 2016.
- Kurosawa, R. D. N. F; Amaral Junior, A. T. D; Vivas, J. M. S; Guimarães, A. G; Miranda, S. B; Dias, V. M; Scapim, C. A. Potential Of popcorn germplasm as a source of resistance to ear rot. *Bragantia*, [S.L.], v. 76, n. 3, p. 378-385, 5 jun. 2017. FapUNIFESP (SciELO). DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.17>.

- Lima, G. J. M. M. Milho e subproduto na alimentação animal. In: Simpósio Sobre Ingredientes Na Alimentação Animal, Campinas – SP, 2001. Anais. CBNA, Campinas, p.13-32, 2001.
- Lin, C. S.; Binns, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*. 68:193-198, 1988.
- Magalhães, P. C; Durães, F. O. M; Carneiro, N. P; Paiva. E. Fisiologia do milho. Sete Lagoas: EMBRAPA, CNPMS, 23 p. (Circular Técnica, 22), 2002.
- Marchi, S. L. *Interação entre desfolha e população de plantas na cultura do milho na Região Oeste do Paraná*. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Universidade Estadual do Oeste do Paraná, p.58, 2008.
- Mastrodomenico, A. T; Haegele, J. W; Seebauer, J. R; Below, F. E. Yield Stability Differs in Commercial Maize Hybrids in Response to Changes in Plant Density, Nitrogen Fertility, and Environment. *Crop Science*, v. 58, p. 230-241, 2018.
- Melching, J. S. Corn rust: types, races, and destructive potential. In: annual corn and sorghum research conference, 30, Chicago. Proceedings. Washington: ASTA, 1975. p. 90-115. (ASTA. Publication, 30). 1975.
- Miranda, R. A. Uma história de sucesso da civilização: A Granja, v. 74, n. 829, p. 24-27, jan. 2018.
- Nazareno, E. S et al. *Puccinia coronata* f.sp. *avenae*: uma ameaça à produção global de aveia. *Molecular Plant Pathology*, v.19, n.5, p.1047-1060, 2018.
- Nihei, T. H; Ferreira, J. M. Análise dialéctica de linhagens de milho com ênfase na resistência a doenças foliares. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47: 369- 377, 2012.
- Oliveira, E; Fernandes, F. T; Casela, C. R. Pinto, N. F. J. A; Ferreira, A. S. Diagnose e Controle de Doenças na Cultura do Milho. In: Galvão, J. C. C.;

- Miranda, G. V. Tecnologia de Produção do milho: economia, cultivares, biotecnologia, safrinha, adubação, quimigação, doenças, plantas daninhas e pragas. Viçosa: UFV, 2004. cap. 7
- Olivoto, T; Carvalho, I. R; Nardino, M; Ferrari, M; Pelegrin, A. J; Szarecki, V; Damari, G. H; Souza, V. Q. Caracteres morfológicos e rendimento de grãos de híbridos simples de milho em diferentes ambientes. *Revista de Ciências Agroveterinárias*.17:462-471, 2018.
- Paterniani, E; Campos, M. S. Melhoramento do milho. In: Borém, A. Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: UFV, 1999. 817 p.
- Paterniani, E; Nass, L. L; Santos, M. X. O Valor dos Recursos Genéticos para o Brasil. *Paralelo* 15, 2000. p.136.
- Poozar, G; Butruille, D; Diniz, H. S; Viglioni, J. P. Mapping and Validation of Quantitative Trait Loci for Resistance to Cercospora Infection in Tropical Maize (*Zea mays* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, v.118, n. 3, p. 553-564. 2009.
- Rossi, R; Plazas, M; Brucher, E; Ducasse, D; Guerra, G. A ferrugem do milho (*Exserohilum turcicum*): presença e impacto no centro norte de Córdoba durante três safras agrícolas IX Congresso Nacional do Milho, Rosário, Argentina, 2010.
- Reis, E. M; Casa, R. T; Bianchin, V. (2011) Controle de doenças de plantas por rotação de culturas. *Summa Phytopathologica* 37 (3): 85-91.
- Rocha, M. M. *Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade e estabilidade fenotípica*. 2002. 184p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- Rosa, G. F; Oliveira, D. A; Silva, F. L; Sagri, N. J; Hongyu, K. Verificação da adaptabilidade e estabilidade em milhos pelo método AMMI. *Revista Biodiversidade*. 16:68-81, 2017.
- Rosado, A. M; Rosado, T. B; Alves, A. A; Laviola, B. G; Bhering, L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e

adaptabilidade. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47(7), 964-971. 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2012000700013>.

Santos, G. A; Nunes, A. C. P; de Resende, M. D. V; Silva, L. D; Higa, A; de Assis, T. F. An index combining volume and Pilodyn penetration to study stability and adaptability of Eucalyptus multispecies hybrids in Rio Grande do Sul, Brazil. *Australian Forestry*, 79(4), 248-255. 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1080/00049158.2016.1237253>.

Santos, J. S; Amaral Júnior, A. T; Vivas, M; Mafra, G. S; Pena, F. G; Silva, F. H. L; Guimaraes, A. G. (2017) Genetic control and combining ability of agronomic 76 3 5 attributes and northern leaf blight-related attributes in popcorn. *Genet. Mol. Res.* 16: 1-11.

Santos, N. C. B; Carmo, S. A; Mateus, G. P; Komuro, L. K; Pereira, L. B; Souza, L. C. D. Características agrônômicas e de desempenho produtivo de cultivares de milho-verde em sistema orgânico e convencional. Seminário: *Ciências Agrárias*, v. 36, n. 3 (Suplemento 1), p. 1807-1822, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2015v36n3Supl1p1807>.

Sartori, S; Latronico, F; Campos, L. M. S. Sustentabilidade e desenvolvimento sustentável: uma taxonomia no campo da literatura. *Ambiente e sociedade*, v.17, n.1, p.1-22, 2014.

Siloto, R. C. *Danos e biologia de Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae) em genótipos de milho. Dissertação (Mestrado em Entomologia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

Silva G. O., e Benin, G. (2012). Análises *Biplot*: conceitos, interpretações e aplicações. *Ciência Rural*, 42, 1404-1412.

Silva, E; Mora, E. A; Medina, A; Vásquez, J; Valdez, D; Danial, D. L; Parlevliet, J. E. (2007) Fusarium ear rot and how to screen for resistance in open pollinated maize in the Andean regions. *Euphytica*, 153(3): 329-337.

- Singh, M; Mehra, R; Malik, V. K. Evaluation of Maize Genotypes against Maydis Leaf Blight Caused by *Bipolaris maydis* (Nisikado and Miyake) Shoemaker under Artificial Epiphytotic Conditions. *Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.* 7: 1006-1013, 2018.
- Teodoro, P. E; Bhering, L. L; Costa, R. D; Rocha, R. B; Laviola, B. G. Mixed models for selection of *Jatropha* progenies with high adaptability and yield stability in Brazilian regions. *Genetics and Molecular Research*, 15(3), 9. PMID:27706565. 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr.15038824>.
- Trethowan, R. M. (2014). Defining a genetic ideotype for crop improvement. In: Fleury D., Whitford R. (eds) *Crop Breeding. Methods in Molecular Biology (Methods and Protocols)*, vol 1145. Humana Press, New York, NY.
- United States Department Of Agriculture - USDA. Production, Supply and Distribution. Online. Disponível em: http://www.usda.gov/wps/portal/usda/usdahome?navid=DATA_STATISTICS Acesso em: 20 jul. 2021.
- Vieira, R. A; Tessmann, D. J; Hata, F. T; Souto, E. R; Mesquini, R. M. Resistência de híbridos de milho-pipoca a *Exserohilum turcicum*, agente causal da helmintosporiose do milho. *Scientia Agraria*, v.10, n.5, p.391-395. 2009.
- Vieira, R. A; Mesquini, R. M; Silva, C. N; Hata, F. T; Tessmann, D. J; Scapim, C. A. (2014) A new diagrammatic scale for the assessment of northern corn leaf blight. *Crop Prot.* 56: 55-57.
- Wang, Z; Pan, P; Quebedeaux, B. Carbon partitioning into sorbitol, sucrose, and starch in source and sink apple leaves as affected by elevated CO₂. *Environmental and Experimental Botany*, Oxford, v. 41, p. 39-46, 1999.
- Wordell Filho, J. A. et al. Pragas e doenças do milho: diagnose, danos e estratégias de manejo. Florianópolis: Epagri, 2016. Disponível em: http://ciram.epagri.sc.gov.br/ciram_arquivos/arquivos/agroconnect/boletins/BT_PragasDoencasMilho.pdf. Acesso 8 ago. 2021.

- Yan, W. K; Kang, M. S; Ma, B. L; Woods, S; Cornelius, P. L. 2007. GGE *biplot* vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science*, 47, 643–655.
- Yan, W; Hunt, L. A; Sheng, Q; Szlavnic, Z. (2000) Cultivar evaluation and megaenvironment investigation based on the GGE *biplot*. *Crop Sci.* 40:597–60
- Yan, W; Kang, M. S. GGE *Biplot* Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL, USA, 2003. 271p.
- Yan, W; Rajcan, I. (2002) *Biplot* evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*. 42:11-20.
- Yan, W; Holland, J. B. (2010) A heritability-adjusted GGE *biplot* for test environment evaluation. *Euphytica* 171:355-369.
- Yan, W; Tinker, A. (2006). *Biplot* analysis of multi environment trial data: principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*. 86:623-645.
- Yorinori, J. T; Kiihl, R. A. S. Melhoramento de plantas visando resistência a doenças. In: Nass, L. L; Valois, A. C. C; Melo, I. S; Valadares-Ingliš, M. C. Recursos Genéticos & Melhoramento: Plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. cap. 23, p. 7
- Yousuf, N; Dar, S. A; Lone, A. A; Ahanger, M. A; Dar, Z. A; Bhat, M. A; Shikari, A; Sofi P. A; Bhat, Z. A; Gulzar, S. (2018). Field screening of maize (*Zea mays* L.) landraces for resistance against *turicum* leaf blight (TLB) under temperate conditions. *Int. J. Chem. Stud.* 6: 333-337.