

ANÁLISE DA CAPACIDADE COMBINATÓRIA E SELEÇÃO DE  
HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA PARA RESISTÊNCIA AO *Exserohilum*  
*turcicum*

**LUANA CRUZ VASCONCELOS**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
FEVEREIRO – 2025

ANÁLISE DA CAPACIDADE COMBINATÓRIA E SELEÇÃO DE  
HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA PARA RESISTÊNCIA AO *Exserohilum*  
*turcicum*

**LUANA CRUZ VASCONCELOS**

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

Orientador: Prof. Dr. Marcelo Vivas

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
FEVEREIRO – 2025

### FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

V331

Vasconcelos, Luana Cruz.

Análise da capacidade combinatória e seleção de híbridos de milho-pipoca para resistência ao *Exserohilum turcicum* / Luana Cruz Vasconcelos. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.

66 f. : il.

Bibliografia: 42 - 53.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2025.  
Orientador: Marcelo Vivas.

1. *Zea mays* L.. 2. *topcross*. 3. melhoramento de plantas. 4. resistência à doença. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

ANÁLISE DA CAPACIDADE COMBINATÓRIA E SELEÇÃO DE  
HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA PARA RESISTÊNCIA AO *Exserohilum*  
*turcicum*

**LUANA CRUZ VASCONCELOS**

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

Aprovada em 21 de fevereiro de 2025

Comissão Examinadora:



Documento assinado digitalmente  
MONIQUE MOREIRA MOULIN  
Data: 07/05/2025 20:15:15-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Prof.<sup>a</sup> Monique Moreira Moulin (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - IFES

---

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

---

Dra. Janieli Maganha Silva Vivas (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

---

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

## **DEDICATÓRIA**

Dedico esta tese à minha família, que sempre acreditou em mim e me apoiou incondicionalmente em cada passo desta jornada. Aos meus pais, que me ensinaram o valor da educação e do esforço com suas palavras e, sobretudo, com seus exemplos. E, acima de tudo, a Deus, por me dar forças e sabedoria para continuar, mesmo nos momentos mais difíceis. Este trabalho é fruto de muitos sonhos, sacrifícios e conquistas, e é a vocês que ele pertence.

DEDICO

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, em primeiro lugar, por ter me dado força, sabedoria e fé para alcançar mais essa vitória, superando cada desafio ao longo do caminho. A Ele, agradeço pela luz nos momentos de incerteza e pela confiança renovada, mesmo em meio às dificuldades;

À minha família, em especial à minha mãe, Marlene Cruz Vasconcelos, e ao meu pai, Manoel Luiz Vasconcelos, por sempre me ajudarem e, acima de tudo, me apoiarem incondicionalmente. À minha irmã, Aline Cruz Vasconcelos, e à minha madrinha, Sueli Cruz, que estiveram ao meu lado nos momentos em que mais precisei, oferecendo carinho, apoio e presença. Sou imensamente grata por ter vocês comigo em cada passo desta jornada; essa conquista também é de vocês;

Ao meu orientador, prof. Dr. Marcelo Vivas, pela amizade, confiança e orientação durante a realização deste trabalho. Agradeço também por todo o empenho e pelos valiosos ensinamentos que adquiri ao seu lado ao longo do doutorado;

Ao Rafael Nunes de Almeida (Cabral) gostaria de expressar minha profunda gratidão, pela paciência, dedicação e apoio incondicional durante a construção da minha tese de doutorado. Sua amizade é extremamente valiosa para mim e fez toda a diferença nesta jornada;

Às minhas amigas Gislayne Varela da Silva, Bruna Rohen Simão, Mayara Cazadini Carlos e Miriz Gustavo Olmo, que sempre estiveram ao meu lado, me

ouvindo e oferecendo apoio nos momentos em que mais precisei. Sou profundamente grata por tê-las comigo nessa jornada;

A todos os meus amigos de caminhada, tanto aqueles que já faziam parte da minha vida quanto os que conheci ao longo desta jornada, que estiveram ao meu lado em todos os momentos, compartilhando desafios e conquistas. Em especial, agradeço ao Joameson Antunes Lima, Mariana Zandomênicio Mangeiro, Derivaldo Pureza da Cruz, Yure Pequeno de Souza, Fernanda Vargas Valadares e Tales Oliveira Santos. Cada um de vocês tornou essa trajetória mais leve e significativa. Obrigada pela amizade, apoio e por acreditarem em mim;

Aos colegas que pertencem ao laboratório de estatística 104 da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Em especial, aos meus amigos de trabalho no campo, Ana Lúcia Rangel, Marcelo Serafim, Hércules Santos e Geferson Rocha. Sem o apoio, a dedicação e o empenho de vocês, não seria possível a realização deste. Sou profundamente grata pela parceria e pelo comprometimento de cada um, que foram essenciais para a realização deste trabalho pelo apoio e companheirismo durante esses quatro anos de doutorado;

Aos meus conselheiros D.Sc. Geraldo de Amaral Gravina e D.Sc. Silvaldo Felipe da Silveira e aos membros da banca, D.Sc. Monique Moulin, D. Sc. Janiele Maganha Silva Vivas e D.Sc. Geraldo de Amaral Gravina agradeço pela disponibilidade e pelo apoio inestimável ao longo deste processo. A orientação e as contribuições de cada um de vocês foram fundamentais para a realização deste trabalho;

Ao Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves por todos os conhecimentos compartilhados nos trabalhos de campo e pela constante disposição em me ajudar na realização de todo esse trabalho ao longo desses quatro anos. Sua colaboração e apoio foram essenciais para o meu desenvolvimento acadêmico e para o sucesso deste projeto;

Ao secretário José Daniel pelo trabalho de excelência que realiza, bem como sua disponibilidade em ajudar;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PPGMP) e ao Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG), pela oportunidade de realização do doutorado;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de mestrado. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001;

A todos os que, direta ou indiretamente, contribuíram para o meu crescimento.

MUITO OBRIGADA!



## SUMÁRIO

|                                                                                                                                              |     |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| <b>RESUMO</b> .....                                                                                                                          | vii |
| <b>ABSTRACT</b> .....                                                                                                                        | X   |
| <b>1. INTRODUÇÃO</b> .....                                                                                                                   | 1   |
| <b>2. OBJETIVOS</b> .....                                                                                                                    | 3   |
| 2.1. Objetivo Geral .....                                                                                                                    | 3   |
| 2.2. Objetivos específicos .....                                                                                                             | 3   |
| <b>3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....                                                                                                        | 4   |
| 3.1. Aspectos gerais da cultura do milho-pipoca .....                                                                                        | 4   |
| 3.2. Desafios para a produção de milho-pipoca .....                                                                                          | 6   |
| 3.3. Helmintosporiose causada pelo <i>Exserohilum turcicum</i> .....                                                                         | 7   |
| 3.4. Melhoramento genético visando resistência à doença .....                                                                                | 8   |
| 3.5. Melhoramento de milho-pipoca na UENF .....                                                                                              | 10  |
| 3.6. Delineamento genético- <i>topcross</i> .....                                                                                            | 12  |
| <b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....                                                                                                           | 14  |
| 4.1. Germoplasma em estudo .....                                                                                                             | 14  |
| 4.2. Obtenção dos híbridos <i>topcrosses</i> .....                                                                                           | 15  |
| 4.3. Avaliação dos híbridos <i>testcrosses</i> : caracterização da área e delineamento experimental .....                                    | 17  |
| 4.4. Avaliação pré-colheita: ocorrência e intensidade da doença causada por <i>Exserohilum turcicum</i> em híbridos <i>testcrosses</i> ..... | 19  |
| 4.5. Análise estatística .....                                                                                                               | 21  |

|                                                                                                                          |           |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------|
| <b>5. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>                                                                                   | <b>24</b> |
| 5.1. Desempenho dos híbridos <i>testcrosses</i> de milho-pipoca sob inoculação<br>artificial de <i>E. turcicum</i> ..... | 24        |
| 5.2. Análise da capacidade combinatória.....                                                                             | 31        |
| <b>6. CONCLUSÃO .....</b>                                                                                                | <b>41</b> |
| <b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>                                                                                   | <b>42</b> |

## RESUMO

VASCONCELOS, Luana Cruz; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2025; Análise da capacidade combinatória e seleção de híbridos de milho-pipoca para resistência ao *Exserohilum turcicum*; Orientador: D.Sc. Marcelo Vivas; Conselheiros: D.Sc. Geraldo de Amaral Gravina e D.Sc. Silvaldo Felipe da Silveira.

A mancha de helmintosporiose causada pelo fungo *Exserohilum turcicum* é uma das doenças foliares mais importantes e antigas do milho, ocorrendo amplamente no Brasil e nas principais regiões produtoras do mundo. Esse patógeno causa perdas consideráveis na produtividade de milho. Assim, o objetivo foi estimar as capacidades combinatórias (geral e específica), avaliar o desempenho de linhagens genitoras de milho-pipoca, e identificar híbridos *topcross* que apresentem potencial de resistência à doença causada pelo fungo *Exserohilum turcicum* considerando diferentes ambientes de cultivo. Para isso, 22 linhagens de milho-pipoca foram cruzadas em esquema de dialelo parcial, sendo 18 utilizadas como parental feminino e quatro como parental masculino (testadores), perfazendo 72 híbridos *testcrosses*. Esses híbridos foram avaliados em quatro ambientes (Campos dos Goytacazes no inverno e no verão; Itaocara - verão e Cambuci - verão). Os ensaios foram instalados em delineamento de blocos casualizados com duas repetições. Sob condição de infecção natural, avaliou-se a incidência e a severidade de *Exserohilum turcicum*. Com os dados obtidos, foi calculado área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) para ambas as variáveis, os quais foram utilizados na análise de variância (individual e conjunta) e nas análises

dialélicas que foram efetuadas de acordo com método 4 de Griffing (1956) adaptado a dialelos parciais em múltiplos ambientes. Para análise da estabilidade fenotípica via GGE *Biplot*, foi utilizada a área foliar não lesionada (SANL) com base na severidade. Essa variável é uma adaptação da AACPD. Analisando apenas a *performance per se* dos híbridos, verificou-se que, tanto na análise de variância individual quanto na conjunta, há variabilidade genética disponível para selecionar os melhores indivíduos. A interação genótipo x ambiente foi significativa para incidência e severidade, indicando que os híbridos apresentaram desempenhos diferentes nos diferentes ambientes. Assim, utilizou-se a análise GGE *Biplot* para selecionar os híbridos superiores. Dessa forma, os híbridos H55 (L204 x L76), H72 (L80 x L76), H70 (L689 x L76) e H71 (L691 x L76) destacaram-se por apresentar desempenho superior e estabilidade fenotípica para resistência ao *E. turcicum* nos ambientes. Em relação a capacidade combinatória, verificou-se que a interação genótipo x ambiente influenciou o desempenho dos híbridos e a capacidade combinatória dos genitores. Os efeitos aditivos dos alelos foram mais importantes que os efeitos não aditivos para a expressão da resistência ao *E. turcicum*, para o desenvolvimento de híbridos o cruzamento de linhagens que apresentem capacidade geral de combinação satisfatória e consiste ao longo dos ambientes. Dentre os genitores, o testador L76 e as linhagens L80, L691, L689 e L204 destacaram-se por exibir efeitos negativos de capacidade geral de combinação para redução da incidência e severidade de *E. turcicum* nos ambientes de avaliação.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L.; *topcross*; melhoramento de plantas; resistência à doença.

## ABSTRACT

VASCONCELOS, Luana Cruz; D.Sc.; State University of the North Fluminense Darcy Ribeiro; february 2025; Analysis of combining ability and selection of popcorn hybrids for resistance to *Exserohilum turcicum*; Advisor: D.Sc. Marcelo Vivas; Co-advisors: D.Sc. Geraldo de Amaral Gravina and D.Sc. Silvaldo Felipe da Silveira.

The northern corn leaf blight, caused by the fungus *Exserohilum turcicum*, is one of the most important and oldest foliar diseases of maize, occurring widely in Brazil and in the main maize-producing regions worldwide. This pathogen causes considerable yield losses in maize. Thus, the objective of this study was to estimate the combining abilities (general and specific) and to evaluate the performance of popcorn maize parental lines, as well as to identify topcross hybrids with potential resistance to the disease caused by *Exserohilum turcicum* across different cultivation environments. For this purpose, 22 popcorn maize lines were crossed in a partial diallel scheme, with 18 lines used as female parents and four as male parents (testers), resulting in 72 testcross hybrids. These hybrids were evaluated in four environments (Campos dos Goytacazes during winter and summer; Itaocara - summer; and Cambuci - summer). The trials were set up in a randomized complete block design with two replications. Under natural infection conditions, the incidence and severity of *Exserohilum turcicum* were assessed. Based on the collected data, the area under the disease progress curve (AUDPC) was calculated for both variables, and these values were used in the variance analyses (individual and combined) and in the diallel analyses, which were performed according to Griffing's

method 4 (1956), adapted for partial diallels across multiple environments. For the analysis of phenotypic stability using GGE Biplot, the non-lesioned leaf area (SANL), based on severity, was used. This variable is an adaptation of the AUDPC. Considering only the *per se* performance of the hybrids, it was observed that both in the individual and combined variance analyses, there is genetic variability available for selecting the best individuals. The genotype  $\times$  environment interaction was significant for both incidence and severity, indicating that the hybrids showed different performances across the different environments. Therefore, the GGE Biplot analysis was used to select the superior hybrids. Thus, hybrids H55 (L204  $\times$  L76), H72 (L80  $\times$  L76), H70 (L689  $\times$  L76), and H71 (L691  $\times$  L76) stood out for presenting superior performance and phenotypic stability for resistance to *E. turcicum* across the environments. Regarding combining ability, it was found that the genotype  $\times$  environment interaction influenced the performance of the hybrids and the combining ability of the parents. The additive effects of the alleles were more important than the non-additive effects for the expression of resistance to *E. turcicum*, indicating that, for the development of hybrids, the crossing of lines with satisfactory and consistent general combining ability across environments is recommended. Among the parental lines, the tester L76 and the lines L80, L691, L689, and L204 stood out by exhibiting negative general combining ability effects for reducing the incidence and severity of *E. turcicum* in the evaluated environments.

**Keywords:** *Zea mays* L.; topcross; plant breeding; disease resistance.

## 1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* var. *everta*) é um tipo especial de milho caracterizado pela capacidade de seus grãos expandirem e formarem flocos quando submetidos a altas temperaturas. Essa variedade é destinada exclusivamente ao consumo humano, destacando-se como uma cultura de alto valor agregado devido à sua ampla aceitação como alimento popular (Senhorinho et al., 2019; Silva et al., 2019). Nos últimos anos, a cultura do milho-pipoca tem apresentado um aumento significativo na demanda comercial. O estado do Mato Grosso se destaca como o maior produtor do Brasil, sendo responsável por mais de 60% da produção nacional. Em 2020, a produção brasileira de milho-pipoca alcançou aproximadamente 103 milhões de toneladas, com uma projeção de crescimento de 48% até o final de 2024 (Pereira Filho e Borghi, 2022).

Entretanto, esta cultura mostra-se altamente suscetível a pragas, doenças e é atacada por inúmeros patógenos causadores de doenças foliares, o que pode reduzir significativamente o rendimento e a qualidade dos grãos. Dentre essas doenças, destaca-se a helmintosporiose, causada por *Exserohilum turcicum*. (Pass.) Leonard & Suggs (teleomorfo *Setosphaeria turcica*) (Shiomi et al., 2015). As plantas afetadas pela mancha de helmintosporiose causada por *E. turcicum* (MHT) produzem grãos leves e com baixo teor de amido como resultado direto de uma reduzida área foliar sadia (Debela et al., 2017). Os danos negativos na produtividade de grãos variam de 50% quando a infecção ocorre no estágio de enchimento de grãos (Human et al., 2016), a 100% quando infectada no estágio de plântulas (Hooda et al., 2017).

O controle da MHT tem sido realizado por dois métodos principais, o controle químico, com uso de fungicidas e que podem representar uma ameaça potencial aos agricultores e o meio ambiente se não forem gerenciados corretamente e o controle genético, utilizando cultivares resistentes, sendo, portanto, identificado como método mais confiável e economicamente viável para controlar essa doença (Badu-Apraku et al., 2021). Dessa forma, o desenvolvimento de cultivares de milho-pipoca resistentes à MHT, as quais podem ser obtidas pelo cruzamento de linhagens que agreguem alelos de resistência a essa doença (Hallauer et al., 2010), deve cada vez mais receber atenção dos melhoristas dessa cultura.

Para a seleção de genitores, é crucial conhecer o potencial de contribuição genético, para isso avalia-se a capacidade combinatória de um conjunto de linhagens, que pode ser por meio de dialelos ou *topcross*. O uso de dialelo completo tem se mostrado eficiente para a exploração de híbridos de pipoca, e para a identificação de genitores promissores para programas de melhoramento visando aumento da resistência ao *E. turcicum* (Santos et al., 2020). Entretanto, esse delineamento genético é limitado quando o foco é trabalhar com um número maior de genitores, pois torna o processo de avaliação da progênie trabalhoso e custoso. O uso do *topcross* tem sido adotado como opção para avaliação de um número maior de genitores em cruzamentos híbridos, permitindo estimar a capacidade geral e específica de combinação desses genitores e híbridos, de forma menos onerosa aos programas de melhoramento (Hallauer et al., 2010).

Além disso, o uso de *topcross* permite ao melhorista conhecer o controle gênico responsável pela resistência ao *E. turcicum* em um programa de melhoramento de milho-pipoca. Santos et al., (2020) estudando o mérito genético de linhagens de milho-pipoca e o controle gênico de múltiplas doenças foliares a partir de um dialelo completo 8 x 8, concluíram que os efeitos não aditivos são mais importantes que os aditivos para a expressão da resistência ao *E. turcicum*. Contudo, o estudo foi realizado com baixo número de genitores e avaliados em apenas dois locais.

Assim, apesar da importância econômica do milho-pipoca e do impacto negativo dessa doença para o rendimento e qualidade dos grãos, há ainda uma carência de estudos que busque desenvolver novas cultivares resistentes e adaptadas às condições tropicais e fornecer informações que poderão direcionar programas de melhoramento de milho-pipoca visando a seleção de genótipos resistentes à mancha de helmintosporiose causada por *Exserohilum turcicum*.



## 2. OBJETIVOS

### 2.1. Objetivo geral

Estimar as capacidades combinatórias (geral e específica), avaliar o desempenho de linhagens genitoras de milho-pipoca, e identificar híbridos *topcross* que apresentem potencial de resistência à doença causada pelo fungo *Exserohilum turcicum* considerando diferentes ambientes de cultivo.

### 2.2. Objetivos específicos

1. Estimar os efeitos da capacidade geral e específica de combinação entre os genitores e suas combinações híbridas, buscando compreender melhor a contribuição genética de cada parental e identificar combinações que maximizem características desejáveis;
2. Identificar e selecionar linhagens superiores quanto a resistência ao *E. turcicum*, a fim de inseri-las em blocos de cruzamentos para o desenvolvimento de híbridos e/ou populações melhoradas;
3. Identificar e selecionar híbridos que apresentem adaptação e estabilidade, quanto a potencial resistência ao *E. turcicum*, avaliados em quatro ambientes da região Norte e Noroeste fluminense por meio da metodologia GGE *Biplot*;
4. Gerar informações valiosas sobre a cultura do milho-pipoca, visando contribuir para futuras recomendações de híbridos com potencial superior de resistência ao fungo *Exserohilum turcicum*.

### 3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

#### 3.1. Aspectos gerais da cultura do milho-pipoca

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*), é um tipo especial de milho pertencente à família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae (Guadagnin, 2002). Essa espécie é classificada como diploide ( $2n = 20$ ), possui crescimento herbáceo, monoica, que se reproduz preferencialmente por fecundação cruzada, sendo considerada uma planta anual (Vilarinho, 2001).

Ainda existem várias teorias sobre a origem do milho-pipoca. De acordo com Gama et al. (1990), uma das teorias mais aceitas é que o milho-pipoca se originou do teosinte [*Zea mexicana* (Schrad.) Kuntze] por meio de seleção massal realizada pelo homem. Já Erwin (1949), supõe que a origem do milho-pipoca se deu a partir de uma mutação ocorrida no milho de endosperma Flint (*Zea mays* L.).

Quando comparadas ao milho comum, o milho-pipoca apresenta ampla similaridade nos estágios fenológicos de crescimento e desenvolvimento da cultura, épocas de cultivos e tratamentos culturais (Freire, 2015). Em relação à ecofisiologia da cultura em foco, os genótipos tendem a ser mais sensíveis em respostas aos estresses bióticos e abióticos; neste sentido, destaca-se uma maior ocorrência de doenças, ataque de pragas, além de apresentarem um sistema radicular menos desenvolvido, ocorrendo maior acamamento e maior sensibilidade à seca (Goodman e Smith, 1987; Sawazaki, 2001). Embora o milho-pipoca apresente muitas características que o distingue dos demais tipos de milho, a principal

diferença é a capacidade expansão (CE), que é definida pela razão entre o volume de pipoca e o volume de grãos de milho (Guadagnin, 2002). O processo de expansão está associado com a forte pressão exercida no pericarpo pela água e óleo encontrados no interior dos grãos (Dalbello et al., 1995; Sawazaki, 2001). Quando os grãos são submetidos a temperaturas em torno de 180°C, a ação conjunta destes fatores resulta na expansão celular do endosperma em até 40 vezes do seu volume inicial, formando, assim, a pipoca (Silva et al., 1993; Dalbello et al., 1995).

A comercialização dos grãos de milho-pipoca é feita por peso, e uma proporção do produto final é vendida pelo volume (pipoca). Por isso, a capacidade de expansão (CE) da pipoca, é um dos fatores mais importantes quando se faz referência à sua qualidade (Ribeiro et al., 2012).

O cultivo de milho-pipoca pode ser incentivado nas Regiões Norte e Noroeste Fluminense, como alternativa à diversificação das atividades agrícolas, visto que possui alto valor econômico por área e ainda poder se agregar valor ao produto final (Freitas Júnior et al., 2009).

Essa variedade especial de milho tem se destacado no mercado, principalmente em função da grande demanda do produto em relação sua baixa oferta (Oliveira, 2016). Em consequência dessa crescente demanda, os grãos têm apresentado um alto valor agregado, podendo chegar ao dobro do preço do milho comum (Blecher, 2019). O mercado de pipoca no Brasil tem se mostrado muito favorável, visto que o país é o segundo maior consumidor de pipoca do mundo (Oliveira et al., 2022). Por se tratar de um milho especial, o milho-pipoca não é comercializado como *commodities*, o que proporciona um alto valor agregado quando comparado ao milho comum, tornando a cultura muito atrativa para os produtores (Paterniani et al., 2020).

Segundo dados das Centrais de Abastecimento de Uberlândia – Minas Gerais (Ceasa – MG), o milho comum foi recentemente cotado a R\$ 80,00 a saca de 25 Kg, enquanto os produtores de milho- pipoca receberam R\$ 190,00 pela mesma quantidade em massa, conforme dados publicados na mesma central de abastecimento (Brasil, 2023).

No Brasil, o estado do Mato Grosso é considerado o maior produtor de milho-pipoca, com uma área de cultivo de aproximadamente 62 mil hectares (IBGE, 2023). A nível mundial, os Estados Unidos é o maior produtor de pipoca seguido

pelo Brasil que mesmo assim, ainda necessita da importação para suprir a demanda interna dos consumidores (Sangiovo et al., 2021).

O consumo nacional do alimento está em torno de 80 mil toneladas, no entanto, ainda se observa alta dependência estrangeira, uma vez que 75% desse mercado corresponde a sementes do milho-pipoca americano, importado principalmente da Argentina, para suprir a demanda do produto pelas empresas empacotadoras (Carvalho et al., 2015). De acordo com os dados de registro de cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA, até janeiro de 2023, o Brasil apresentava 166 registros de milho-pipoca, dos quais 141 se tratava de cultivares.

### **3.2. Desafios para a produção de milho-pipoca**

A queda na produtividade das culturas tem contribuído para o desequilíbrio entre a oferta e a demanda por alimentos em nível global. No caso do milho, um dos principais fatores limitantes são as doenças, que, em condições favoráveis, como nas regiões tropicais, tornam-se mais severas com a expansão das áreas cultivadas e a falta de cultivares com resistência genética. E a cultura do milho-pipoca apresenta maior suscetibilidade a doenças quando comparados ao milho comum (Zinsly e Machado, 1987; Carpentieri-Pípolo et al., 2002).

Vários fatores podem estar contribuindo para o aumento na incidência de doenças na cultura do milho: o aumento da área cultivada; o aumento do número de cultivares comerciais com diferentes níveis de resistência às doenças; o manejo inadequado de água em plantios sob pivô ou na aspersão convencional, os plantios diretos de milho sobre restos culturais de milho e os plantios consecutivos de milho durante o ano todo, os quais podem contribuir para aumentos significativos de patógenos (Pinto et al., 1997).

Se tratando de doenças, as doenças fúngicas têm provocado uma grande discussão a respeito das estratégias de manejo utilizadas na cultura do milho-pipoca, a fim de adequar um programa de controle eficiente que possa diminuir os prejuízos provocados por essas doenças, através do uso de controle genético e controle químico (Brito et al., 2015).

A incidência e a severidade de doenças na cultura do milho têm aumentado nos últimos anos, devido, principalmente, às mudanças climáticas globais e

mudanças nos sistemas de cultivo, como época de plantio e plantios consecutivos (Janssen et al., 2006).

Entre as doenças fúngicas mais comumente encontradas na cultura, destacam-se a helmintosporiose comum (*Exserohilum turcicum*), a helmintosporiose maydis (*Bipolaris maydis*), a ferrugem polissora (*Puccinia polysora*) e a Podridão de espigas (*Fusarium verticillioides*). Sendo a primeira uma das mais importantes para a cultura.

### 3.3. Helmintosporiose causada pelo *Exserohilum turcicum*

A helmintosporiose causada por *Exserohilum turcicum* Leonard & Suggs (sinom. *Helminthosporium turcicum* Pass) [teleomorfo *Setosphaeria turcica* (Lutterell); sinon. *Trichometasphaeria turcica* Lutterell Leonard & Suggs)] (Frederiksen, 1991) é uma doença fúngica de ocorrência generalizada nas regiões produtoras de milho do Brasil, constituindo-se em um dos principais problemas fitossanitários dessa cultura, podendo causar danos quantitativos e qualitativos em locais com alta umidade e temperaturas moderadas durante o ciclo de cultivo (Pinto, 2004).

De ordem: Pleosporales, família: Pleosporaceae, gênero: *Setosphaeria* K. J. Leonard & Suggs e espécie: *Setosphaeria turcica* (Luttr.) Leonard & Suggs. Foi relatada em 1876, por Passerini, na Itália os primeiros casos da helmintosporiose, no milho, causada pelo fungo *Helminthosporium turcicum* Pass. (Jordan et al., 1983). Após três anos, em 1879, foi reportado sua ocorrência, pela primeira vez, em Nova Jersey, nos Estados Unidos, e a primeira epidemia, foi registrada no ano 1889, em Connecticut (Dreschler, 1923). Pammel et al. (1910) e Dreschler (1923) denominaram o patógeno como *Trichometasphaeria turcica* Luttrell e, após 50 anos, Leonard & Suggs (1974) estabeleceram o gênero *Exserohilum* (Pass), para as espécies de *Helminthosporium*, que é o nome aceito hoje para a forma infectiva. Alcorn (1988) propôs um novo gênero de ascomiceto *Setosphaeria* para nomear seu teleomorfo. Assim, a taxonomia do fungo hoje aceita é *Setosphaeria turcica* (Luttrell) K. J. Leonard & E. G. Suggs, na sua forma sexual (sinônimo *Trichometasphaeria turcica* Luttrell) (Cota et al., 2013).

A doença é caracterizada por lesões elípticas de coloração marrom-clara, medindo de 2,5 a 15 cm de comprimento (Amorin, 1995; Butzen e Munkvold, 2004;

Wordell et al., 2016). E se desenvolve em períodos de altas umidades relativas  $\geq 90\%$  por 13-17h, e temperatura média 18 e 27°C (Pelms et al., 1986; Cota et al., 2012; Félix-Gastélum et al., 2018). De acordo com Costa et al. (2010), a liberação dos conídios ocorre em períodos mais quentes. O patógeno é capaz de sobreviver em restos de cultura como saprófita, e os esporos, após disseminação pelo vento e deposição nos tecidos do hospedeiro suscetível, podem causar infecções em condições ambientais favoráveis (Fantin et al., 2009).

O tecido foliar é invadido através do sistema vascular, uma vez que o micélio se expande e coloniza o xilema da planta, bloqueando-o e causando uma deficiência de água na folha (Thakur et al., 1989). Os danos associados às doenças foliares são consequência da destruição dos tecidos fotossintéticos, devido ao aumento do número e, no caso de doenças tropicais como a helmintosporiose, principalmente, do tamanho das lesões (Camera et al., 2020). Com a necrose e a seca prematuras das folhas ocorre redução da interceptação da radiação solar e alterações na translocação de fotossintatos para o enchimento de grãos (Alvim et al., 2010). Por esse motivo, as doenças foliares podem reduzir drasticamente o rendimento de grãos.

Como medida de controle, a utilização de cultivares resistentes é tida como a mais eficiente, econômica e ambientalmente correta (Schuelter et al., 2003; Jardine e Laca-Buendia, 2009).

### **3.4. Melhoramento genético visando resistência à doença**

O melhoramento do milho-pipoca teve início no Brasil através do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) em 1932. Em 1941 foi lançada a primeira variedade nacional por meio de ciclos de seleção massal na população base South American Mushroom (SAM), proveniente dos EUA. E somente 47 anos depois, em 1988, aconteceu o lançamento do híbrido simples modificado IAC-112, proveniente da combinação de linhagens da variedade SAM com linhagens oriundas do híbrido intervarietal Guarani x UFV Amarelo. Além, do híbrido triplo Zélia, comercializado pela empresa Pioneer© (Rangel et al., 2008).

Existem diversas instituições e Universidades públicas que atuam nesse ramo, como a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), a Universidade Federal de Viçosa (UFV), a Universidade Federal de Lavras (UFLA),

Universidade Estadual de Maringá (UEM), Universidade Estadual de Londrina (UEL), Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRS), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ), Instituto Agronômico de Campinas (IAC), e EMBRAPA Milho e Sorgo (CNPMS), essas instituições têm mantido programas de melhoramento de milho-pipoca, visando diminuir a dependência de genótipos importados, principalmente da Argentina e Estados Unidos da América (Ribeiro et al., 2012).

Dentre os objetivos do melhoramento do milho-pipoca, pode-se destacar o aumento da qualidade da pipoca e, simultaneamente, a produção de grãos. Logo após isso, vêm as melhorias em relação à resistência a doenças e pragas, no tamanho da espiga e do grão, características relacionadas à produtividade (Rangel et al., 2011; Ribeiro et al., 2012, Gralak et al., 2015). Nesse intuito, tem-se desenvolvido estudos de resistência genética como uma alternativa viável para abordar o controle de doenças em plantas de milho (Niks e Lindhout, 2004). Entretanto, a obtenção de genótipos resistentes não é uma tarefa simples, existem três etapas básicas que devem ser consideradas em qualquer programa de obtenção e utilização de variedades resistentes: 1) Identificar fontes de resistência, ou seja, identificar no germoplasma genótipos que tenham genes de resistência; 2) Incorporar estes genes em cultivares comerciais por meio dos métodos de melhoramento; 3) Após a obtenção de durável face à natureza dinâmica das populações patogênicas (Bespalkov et al., 2007).

Para os genótipos de milho-pipoca, diferentes níveis de resistência à helmintosporiose já foram relatados (Miranda et al., 2002; Freitas Júnior, 2005, Vieira et al., 2010, Santos, 2016, Kurosawa et al., 2017), indicando a possibilidade da concentração de alelos por meio de melhoramento. A doença em estudo possui duas formas de adquirir a mesma, a saber: resistência quantitativa e a resistência qualitativa. A resistência quantitativa é controlada por vários genes não específicos à raça, com efeitos pequenos a moderados, geralmente, conferindo resistência incompleta de longa duração e eficaz contra todos os biotipos do patógeno (Pilet-Nayel et al., 2017). Tem um mecanismo geral e não específico contra uma raça em particular e diminui a taxa reprodutiva de todas as raças do patógeno, resultando na expressão de diversos componentes como período de incubação, período de latência, entre outros (Agrios, 2005; Burban-Figueroa, 2020). Já a resistência qualitativa ou vertical, conferem resistência a raças específicas do patógeno

(Hooker, 1963, 1977; Bentolila et al., 1991; Ogliari et al., 2005, Wang et al., 2012), esse tipo de resistência é uma estratégia mais rápida para o controle dessa doença, mas pode ser superada rapidamente pelo patógeno (Galiano-Carneiro e Miedaner, 2017).

Apesar das pesquisas relacionadas à resistência a doenças em milho-pipoca ainda serem escassas (Ribeiro et al., 2016; Vieira et al., 2016) alguns trabalhos vêm sendo desenvolvidos para esse fim. Stangarlin et al., (2022) buscaram caracterizar sítios de infecção de *E. turcicum* em milho com resistência e suscetibilidade com base em análises histológicas, mecanismos estruturais e bioquímico, e perceberam que no genótipo resistente, a colonização do patógeno foi restrita às células do mesófilo ao redor da área de penetração, onde foram produzidos pontos cloróticos, e no suscetível, após a penetração e formação de manchas cloróticas, o patógeno continuou crescendo dentro dos vasos do xilema e foi capaz de colonizar o tecido do mesófilo distante da área de penetração, dando origem a lesões necróticas. Ribeiro et al. (2016) investigaram a resistência ao *Exserohilum turcicum* na população UENF-14, onde foi encontrada variabilidade genética suficiente para ser explorada nos próximos ciclos do Programa de Melhoramento de milho-pipoca da UENF em relação à doença helmintosporiose. Essa variedade possui fontes de resistência à doença em sua base genética, e esse estudo serviu para comprovar que as fontes de resistência não são perdidas com o avanço dos ciclos de seleção.

Kurosawa et al. (2018) investigaram o desempenho de 37 acessos de milho-pipoca do Banco de Germoplasma da UENF em relação às helmintosporioses causadas por *Exserohilum turcicum* e *Bipolaris maydis*, visando selecionar acessos promissores para serem utilizados em futuros cruzamentos para geração de novas cultivares. Os autores encontraram fontes de resistência em cinco genótipos: L71, L75, L76, P7 e PARA-172 para *E. Turcicum*, sendo considerados como promissores para serem trabalhados na aquisição de novas cultivares.

### **3.5. Melhoramento de milho-pipoca na UENF**

O Programa de Melhoramento de milho-pipoca da UENF tem como principal objetivo disponibilizar aos agricultores das regiões Norte e Noroeste Fluminense a variedade UENF-14, que apresenta características desejáveis, principalmente para



rendimento de grãos e capacidade de expansão e, assim, proporcionar ainda maior rendimento por unidade de cultivo (Silva et al., 2013).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) desenvolve, desde 2001, um Programa de Melhoramento Genético com milho-pipoca, que culminou no lançamento da cultivar UENF 14 (Amaral Júnior et al., 2013). O programa iniciou-se com a avaliação do potencial da variedade de polinização aberta, UNB2U (Pereira e Amaral Júnior, 2001). A população UNB2U originou-se de seleção em um ‘Composto indígena’, que a ESALQ/USP doou à UNB de Brasília. Desse procedimento, obteve-se a população UNB-1, a qual foi cruzada com a variedade de milho-pipoca Americana. As progênies do referido cruzamento foram selecionadas e cruzadas com uma variedade de milho-pipoca de grãos amarelos e com resistência ao *Exserohilum turcicum* (helmintosporiose). Decorridos dois ciclos de seleção massal, a população obtida apresentava resistência, produtividade superior e grãos amarelos. Decorridos dois ciclos de seleção massal a população obtida conferia resistência, produtividade superior e grãos amarelos. Após três retrocruzamentos com a variedade Americana, foi obtida a população UNB-2U, de polinização aberta (Pereira e Amaral Júnior, 2001).

Com isso, foi iniciado o programa de seleção recorrente intrapopulacional na população UNB-2U, que após seis ciclos de seleção recorrente entre os anos de 2001 e 2012, resultou no lançamento da primeira cultivar de milho-pipoca da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, a cultivar UENF 14 (Amaral Júnior et al., 2013).

Após o lançamento da UENF-14, em 2012, o programa recebeu 10 linhagens endogâmicas vindas do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual de Maringá (UEM), essas linhagens foram cruzadas com o germoplasma da UENF que gerou a cultivar UENF UEM 01 (Cabral et al., 2015). Entre os anos de 2012 e 2017, foram realizados três ciclos de seleção recorrente intrapopulacional na população ‘UENF 14’ (Freitas et al., 2014; Amaral Júnior et al., 2016; Mafra et al., 2019). Em 2015, iniciou-se o desenvolvimento de híbridos simples a partir de linhagens endogâmicas, o que possibilitou o registro de oito cultivares: ‘UENF HS 01’, ‘UENF HS 02’, ‘UENF HS 03’, ‘UENF HS 04’, ‘UENF HS 05’, ‘UENF HS 06’, ‘UENF EXPLOÇÃO’, ‘UENF DIVÍBRIDO’ (Almeida, 2022). Em 2017, o Banco de Germoplasma da UENF passou a ter 194 linhagens em estágio S7, linhagens essas que foram extraídas de 25 populações de polinização aberta.

O Brasil possui 166 registros de milho-pipoca descritos no Registro Nacional de Cultivares (RCN) do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), onde, 132 são cultivares, 14 são linhagens e 7 são híbridos. As empresas privadas detêm 73 genótipos registrados, enquanto os centros de pesquisas públicos possuem 38 destes registros.

### **3.6. Delineamento genético- *topcross***

A utilização de delineamentos genéticos possibilita inferir sobre as capacidades de combinação de genitores e, deduzem sobre a ação gênica predominante envolvida na expressão dos caracteres de interesse (Maphumulo et al., 2021). Dentre eles, destaca o uso do *topcross*, que é um método de cruzamento desenvolvido por Davis (1927), no qual linhagens selecionadas com determinadas características de interesse, são avaliadas cruzando-as com testadores.

O processo de cruzamento consiste na utilização de um ou mais genótipos testadores com uma série de linhagens ou progênies a serem avaliadas (Sawazaki et al., 2004). O método tem por objetivo avaliar a superioridade relativa das linhagens em cruzamentos com testadores, eliminando as que apresentam desempenho agrônômico inferior, tornando mais eficiente a avaliação e identificação dos melhores híbridos (Nurmburg et al., 2000).

O *topcross* consiste na avaliação de linhagens por meio de sua capacidade de combinação com um testador. Griffing (1956) baseia-se nos conceitos de capacidade geral e específica de combinação, para avaliação de linhagens em cruzamentos dialélicos. A capacidade geral de combinação (CGC) é associada aos efeitos aditivos, e a capacidade específica de combinação (CEC), associada a efeitos não-aditivos de dominância e de epistasia (Ramalho et al., 1993; Cruz et al., 2014). CGC é a medida do desempenho relativo de uma linhagem em uma série de cruzamentos, enquanto CEC corresponde ao comportamento de combinações híbridas específicas em relação à média dos genitores (Marchesan, 2008).

O desenvolvimento de linhagens com boas características agrônômicas é de grande importância para compor adequadas combinações híbridas de cruzamentos, ou seja, a escolha do testador ideal é uma tarefa importante para uma boa condução do método para obtenção de híbridos. No entanto, são muitos os questionamentos acerca da escolha do testador, pois um determinado genótipo

pode ser bom testador ou não, com base nas características exploradas (Hallauer et al., 2010; Rodovalho, 2012). Hallauer (1975) por exemplo, apontou que um bom testador deve apresentar uma maior eficiência na discriminação dos genótipos de acordo com os fins da seleção, ser de fácil manipulação, fornecer informações que classifiquem o mérito relativo de linhagens e que maximizem o ganho genético. Existe algumas possibilidades para a escolha de testadores, incluindo aqueles com (i) uma base genética ampla *versus* estreita, (ii) uma alta frequência de alelos favoráveis *versus* baixa, (iii) um alto rendimento *versus* baixo, (iv) uma capacidade geral *versus* específica de combinação, e (v) o uso de muitos testadores *versus* único testador (De Souza, 2021).

Este método tem sido muito empregado nos programas de melhoramento de milho em função da sua facilidade execução, e confiabilidade dos resultados, a fim de obter uma melhor discriminação das linhagens e a obtenção de híbridos superiores.

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1. Germoplasma em estudo

Foram avaliadas 22 linhagens  $S_7$  pertencentes a sete genealogias distintas (Tabela 1), destas 18 foram utilizadas como genitores femininos e quatro como genitores masculinos – testadores - (L291, L322, L690 e L76). As linhagens em estudo foram selecionadas a partir de um conjunto de 190 linhagens de milho-pipoca do Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (BAG-UENF), após experimentos de caracterização quanto a características morfoagronômicas e de resistência a doenças foliares e de espiga realizados em duas estações de cultivo (inverno e verão) (Vasconcelos, 2021; Valadares, 2023; Almeida et al., 2023; Saluci et al., 2024).

A partir dos dados de caracterização *per se* das linhagens, foram selecionadas aquelas que apresentaram médias superiores para capacidade de expansão (CE), rendimento de grãos (RG), severidade da mancha de *Bipolaris maydis* (MBM) e severidade a *Exserohilum turcicum*. Assim, as linhagens foram cruzadas em esquema de dialelo parcial, totalizando 72 híbridos *testcrosses*.

**Tabela 1.** Listagem das linhagens de milho-pipoca do Banco de Germoplasma da UENF selecionadas para obtenção de sementes dos híbridos *testcrosses* para avaliação de *E. turcicum* e suas respectivas médias para caracteres agrônômicos: rendimento de grãos (RG), capacidade de expansão (CE) e severidade de *E. turcicum* (média da última avaliação).

| Testadores                 | Tipo     | Origem  | RG*     | CE*   | <i>E. turcicum</i> * |
|----------------------------|----------|---------|---------|-------|----------------------|
| L291                       | Linhagem | URUG    | 1548.13 | 27.56 | 0.56                 |
| L322                       | Linhagem | Barão   | 877.56  | 29.72 | 0.18                 |
| L690                       | Linhagem | UENF14  | 1296.39 | 31.11 | 11.09                |
| L76                        | Linhagem | Viçosa  | 1668.47 | 29.75 | 0.11                 |
| <b>Parentais femininos</b> |          |         |         |       |                      |
| L204                       | Linhagem | IAC 125 | 915.23  | 25.39 | 0.15                 |
| L207                       | Linhagem | IAC 125 | 1011.35 | 27.44 | 21.89                |
| L216                       | Linhagem | IAC 125 | 707.47  | 24.06 | 0.77                 |
| L217                       | Linhagem | IAC 125 | 2880.25 | 31.81 | 5.06                 |
| L221                       | Linhagem | IAC 125 | 716.45  | 26.67 | 7.18                 |
| L292                       | Linhagem | URUG    | 2249.14 | 29.72 | 0.10                 |
| L294                       | Linhagem | URUG    | 802.86  | 23.89 | 0.97                 |
| L325                       | Linhagem | Barão   | 676.74  | 27.72 | 9.18                 |
| L326                       | Linhagem | Barão   | 1748.54 | 26.17 | 17.00                |
| L332                       | Linhagem | Barão   | 588.12  | 27.28 | 16.46                |
| L357                       | Linhagem | PR 023  | 396.54  | 28.66 | 12.21                |
| L381                       | Linhagem | SAM     | 1986.11 | 22.28 | 11.26                |
| L383                       | Linhagem | SAM     | 900.81  | 25.83 | 0.25                 |
| L386                       | Linhagem | SAM     | 1123.54 | 26.44 | 0.67                 |
| L394                       | Linhagem | SAM     | 835.50  | 23.56 | 1.92                 |
| L689                       | Linhagem | UENF 14 | 1228.71 | 20.94 | 1.00                 |
| L691                       | Linhagem | UENF 14 | 1000.15 | 34.00 | 0.06                 |
| L80                        | Linhagem | Viçosa  | 645.67  | 22.33 | 0.24                 |

\* Médias obtidas em ensaios conduzidos durante as safras 2019/2020 e 2020/2021.

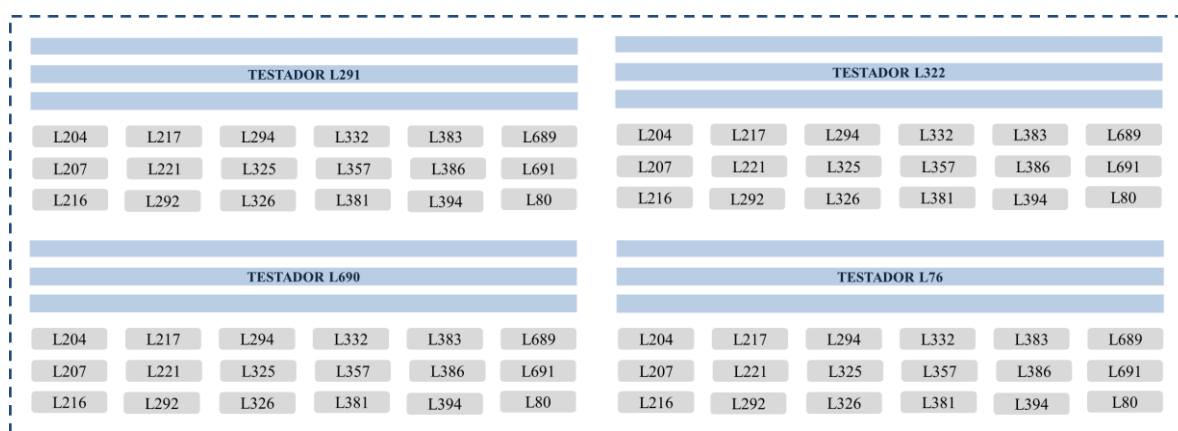
#### 4.2. Obtenção dos híbridos *topcrosses*

Os híbridos foram obtidos no período de setembro a dezembro de 2021 na área experimental do Colégio Agrícola Antônio Sarlo, localizado em Campos dos Goytacazes, RJ.

Para obtenção dos *testcrosses*, as 18 linhagens que compuseram o grupo de genitores femininos, foram semeadas manualmente em linhas de 9,00 m de comprimento, espaçadas em 1,00 m entre linhas e 0,40 m entre plantas, utilizando-se três sementes por cova, totalizando 22 plantas por parcela após o desbaste. Já os testadores foram semeados em três linhas de 36,00 m de comprimento, espaçadas em 1,00 m entre e 0,40 m entre plantas. Os testadores foram semeados

de forma escalonada, tomando-se intervalo de semeadura entre linhas de oito dias, possibilitando produção de pólen ao longo de todo o período de obtenção dos híbridos *testcrosses*. Os tratos culturais foram realizados de acordo com a recomendação para a cultura.

Os cruzamentos foram realizados de forma manual, sendo que as 18 linhagens equivalem as linhas femininas receptoras de pólen, e as linhas masculinas compostas pelos quatro testadores, sendo doadores de pólen.



**Figura 1.** Croqui da área experimental para obtenção dos híbridos *testcrosses* na Estação Experimental Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo – Campos dos Goytacazes/RJ.

Por meio do surgimento das espigas de cada linhagem, a espiga superior foi protegida antes do aparecimento dos estigmas e foram cobertas por sacolas plásticas específicas. Após isso, os pendões das linhagens masculinas (testadores) foram cobertos por sacolas de papel 'Kraft'. Logo após, os cruzamentos foram realizados fazendo-se um *bulk* de pólen do mesmo testador, que foi coletado de várias plantas. Assim, foi feita a polinização das linhagens, que estavam cobertas com as sacolas plásticas, onde ficaram seguramente protegidas até o momento da colheita conforme demonstrado na Figura 2.



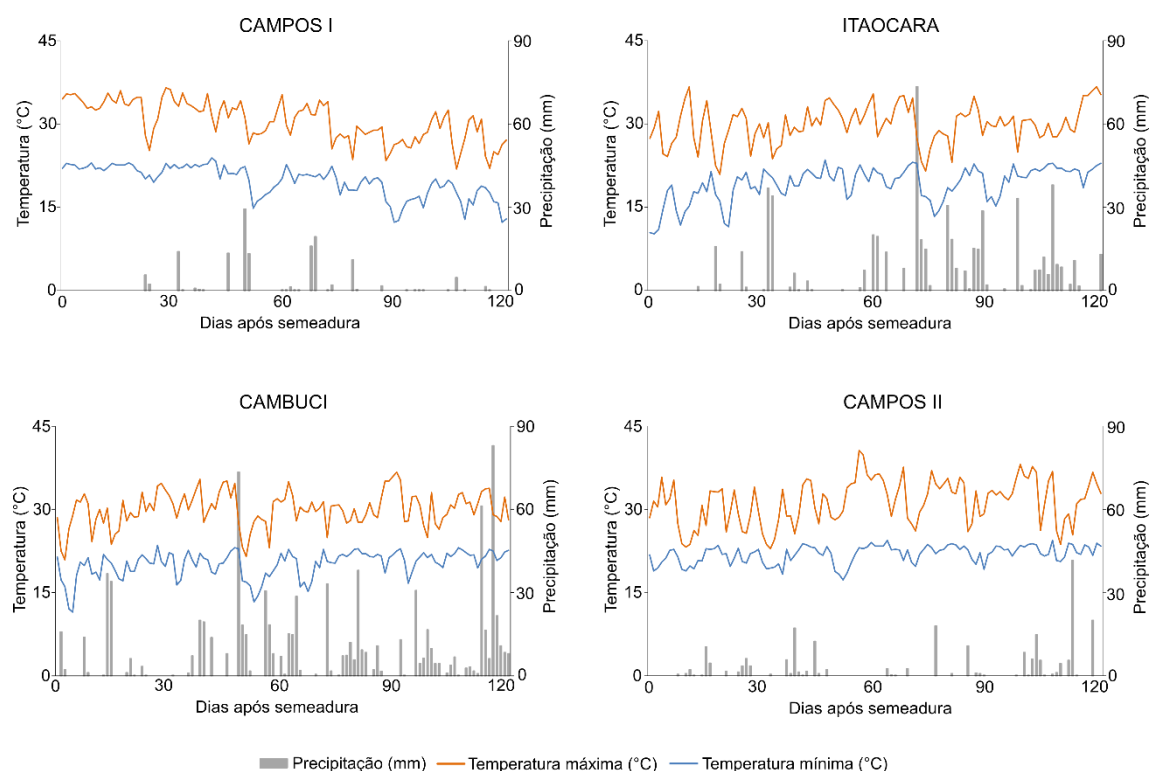
**Figura 2:** Cruzamentos das linhagens de milho-pipoca para obtenção dos híbridos *testcrosses*.

**Fonte:** Próprio autor.

#### **4.3. Avaliação dos híbridos *testcrosses*: caracterização da área e delineamento experimental**

Foram instalados ensaios de avaliação em quatro ambientes, sendo o primeiro em Campos dos Goytacazes, no período do inverno (outono-inverno) entre março e julho de 2022, o qual foi situado na Estação Experimental da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), no Colégio Agrícola Estadual Antônio Sarlo, com coordenadas geográficas de 21° 45' de latitude sul, 41° 20' de longitude oeste e a uma altitude de 11 metros. E os outros três ensaios conduzidos no verão (primavera- verão), nos municípios de Itaocara, Cambuci e Campos dos Goytacazes. O experimento de Itaocara ocorreu no período de setembro de 2022 a janeiro de 2023, na Unidade Experimental da UENF na Ilha do Pomba, com coordenadas geográficas de 21°40' de latitude sul, 42°04' de longitude oeste e a uma altitude de 76 metros. O ensaio de Cambuci ocorreu de setembro de 2022 a

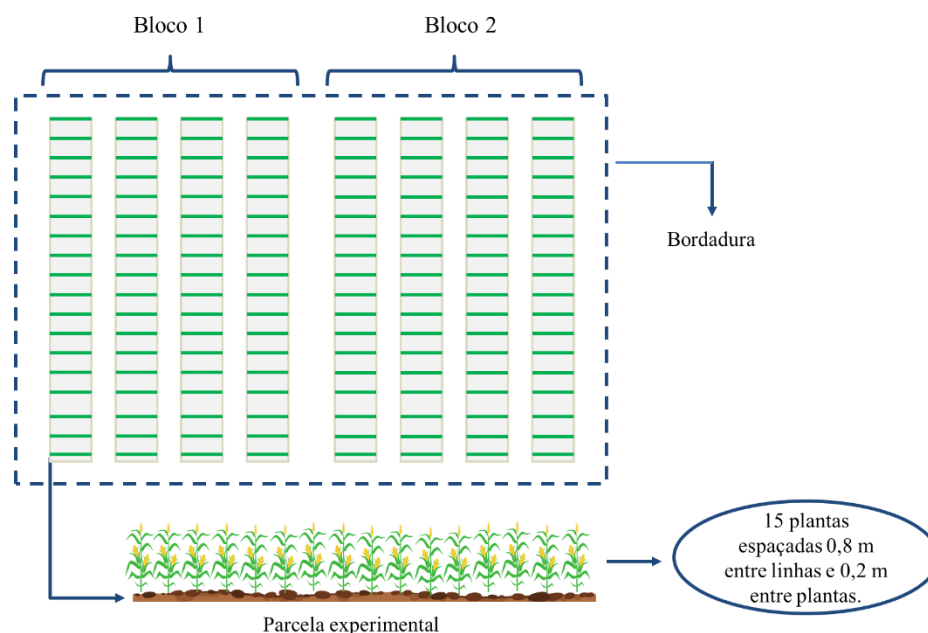
janeiro de 2023 na unidade experimental do Colégio Agrícola de Cambuci (CEAC), com coordenadas geográficas de 21°34' de latitude sul, 41°54' de longitude oeste e a uma altitude de 104 metros. O quarto experimento foi instalado novamente em Campos dos Goytacazes-RJ de setembro de 2023 a janeiro de 2024. O clima das regiões é caracterizado como tropical úmido (Aw), segundo a classificação de Köppen (1948). A temperatura média (°C) e precipitação (mm) coletados durante o período experimental estão caracterizados na Figura 3.



**Figura 3.** Dados de precipitação e temperatura máxima e mínima dos ambientes utilizados para a avaliação de 72 híbridos *topcross*. Dados processados a partir do Banco de dados Meteorológicos do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET) durante o período em que os ensaios foram conduzidos a campo.

Os híbridos *topcross* foram conduzidos a campo sob delineamento experimental de blocos casualizados com duas repetições. Cada unidade experimental foi constituída por uma linha de 3 m de comprimento, completa por 15 plantas espaçadas 0,20 m entre plantas e 0,80 m entre linhas. Além disso, foram acrescentadas três linhas de bordadura ao longo dos experimentos (Figura 4).





**Figura 4:** Croqui do arranjo experimental adotado para avaliação dos híbridos *testcrosses* de milho-pipoca quanto à resistência ao *Exserohilum turcicum*.

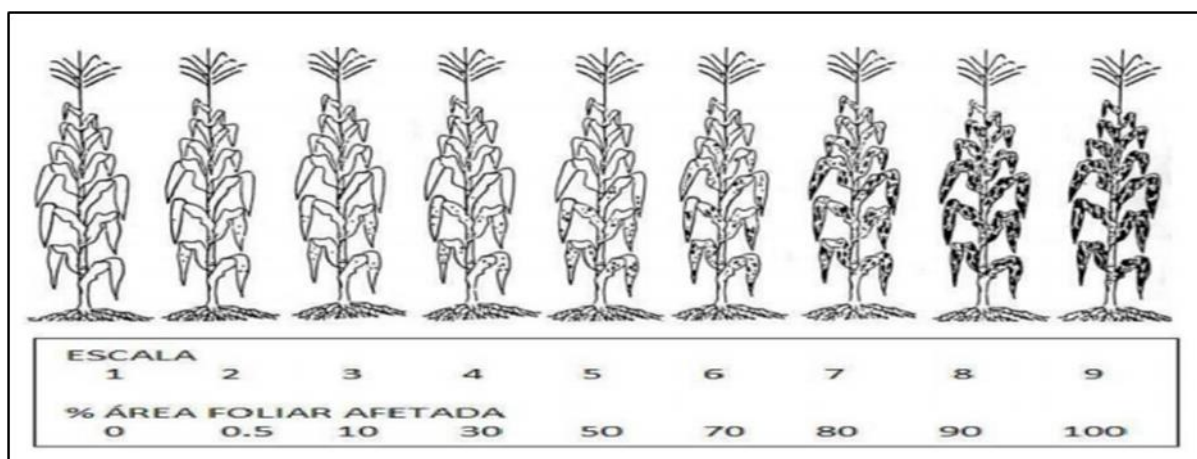
Para os quatro ensaios experimentais, a área de plantio foi arada, gradeada e sulcada com o auxílio de um sulcador mecânico no espaçamento desejado entre fileiras. Após isso, realizou-se uma adubação de plantio na formulação (N-P-K, 4-14-8;) totalizando  $800 \text{ kg ha}^{-1}$  conforme recomendado para a cultura. Aos 30 dias após o desbaste, foi realizada a primeira capina para a eliminação das plantas invasoras. Posteriormente, foram feitas duas adubações de cobertura: a primeira, aos 30 dias após o plantio, com  $300 \text{ kg ha}^{-1}$  do formulado NPK (20-00-20), e a segunda adubação, aos 45 dias após o plantio, via aplicação de 20g de ureia (45% N) por metro linear, correspondente a  $250 \text{ kg ha}^{-1}$  de nitrogênio. As plantas foram irrigadas periodicamente via aspersão, de acordo com as necessidades hídricas.

#### **4.4. Avaliação pré-colheita: ocorrência e intensidade da doença causada por *Exserohilum turcicum* em híbridos *testcrosses*.**

No ato da pré-colheita, foram avaliadas a incidência e a severidade de *E. turcicum* nas folhas de milho-pipoca. Três avaliações foram realizadas em intervalos de dez dias, a partir do período de florescimento feminino. A data de

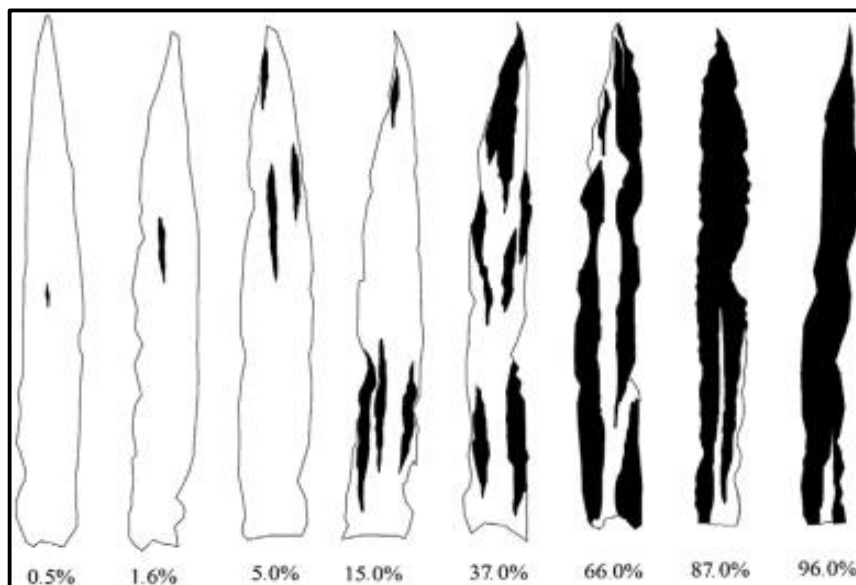
florescimento foi determinada considerando-se o momento em que 50% dos genótipos avaliados apresentaram a liberação dos estigmas. Em cada parcela, foram avaliadas quatro plantas centrais quanto incidência e severidade de *E. turcicum*, sendo eliminada das avaliações as duas primeiras plantas iniciais da parcela.

Para avaliação a incidência de *E. turcicum*, foi utilizada a escala adotada pela Agrocere (1996), a qual apresenta intervalo de 1 a 9, em que nota 1:0% de incidência; nota 2:0,5% de incidência; nota 3:10% de incidência; nota 4:30% de incidência; nota 5:50% de incidência; nota 6:70% de incidência; nota 7:80% de incidência; e nota 9:100% de incidência (Figura 5). Tal metodologia foi adotada para avaliação da incidência de folhas com sintoma do patógeno.



**Figura 5.** Escala diagramática para avaliação da incidência de moléstias com base na planta adotada pela Agrocere (1996).

Para a avaliação da severidade da helmintosporiose causada pelo *E. turcicum* foi estimada visualmente a área foliar lesionada na folha da primeira espiga, utilizando a escala diagramática proposta por Vieira et al. (2013), sendo o intervalo de severidade expressos pela escala: 0,5%, 1,6%, 5%, 15%, 37%, 66%, 87% e 96% apresentada na figura 6.



**Figura 6.** Escala diagramática para avaliação da severidade de *E. turcicum* em folhas de milho, proposta por Vieira et al. (2013).

#### 4.5. Análise estatística

A partir dos dados das três avaliações para incidência e severidade da doença, foi estimada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) (Campbell e Madden, 1990), conforme a expressão:

$$AACPD = \sum_{i=1}^{n-1} \left[ \left( \frac{y_i + y_{i+1}}{2} \right) (T_{i+1} - T_i) \right]$$

Onde:  $y_i$  = proporção da doença na  $i$ -ésima observação;  $T_i$  tempo em dias da  $i$ -ésima observação;  $n$  = número de observações e  $T_i$  tempo em dias no  $i$ -ésimo monitoramento.

Os dados de AACPD para incidência e severidade foram analisados, separadamente, para verificação dos efeitos de genótipo, bem como a homogeneidade residual via análise de variância (Anova) individual dos ambientes, considerando o modelo em blocos ao acaso:

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

Onde:  $Y_{ij}$  = é o valor observado obtido do  $i$ -ésimo genótipo avaliado no  $j$ -ésimo bloco;  $\mu$  = é a média geral;  $g_i$  = é o efeito fixo do  $i$ -ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, 72$ );  $b_j$  = é o efeito do  $j$ -ésimo bloco ( $j = 1, 4$ ); e  $\varepsilon_{ij}$  = é o erro aleatório associado à observação  $Y_{ij}$ .

A homogeneidade residual entre os ambientes foi testada via teste Hartley. Para os ambientes com homogeneidade residual, foi então conduzida a análise de variância conjunta, de acordo com o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + B/A_{J(i)} + G_k + (GA)_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

Onde:  $Y_{ijk}$  Valor observado no j-ésimo bloco, no i-ésimo ambiente, para o k-ésimo genótipo;  $\mu$ : Média geral;  $A_i$ : Efeito fixo do i-ésimo ambiente ( $i=1, 2, \dots, 4$ );  $B/A_{J(i)}$ : Efeito fixo do j-ésimo bloco dentro do i-ésimo ambiente ( $j=1, 2$ );  $G_k$ : Efeito aleatório do k-ésimo genótipo ( $G_k \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$ );  $(GA)_{ik}$ : Efeito de interação entre o i-ésimo ambiente e o k-ésimo genótipo ( $(GA)_{ik} \sim \text{NID}(0, \sigma^2_{GA})$ );  $\varepsilon_{ijk}$ : Erro experimental ( $\varepsilon_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$ ).

Posteriormente foi realizada a análise do dialelo parcial com base no método 4 de Griffing (1956), adaptado a dialelos parciais em múltiplos, de acordo com o seguinte modelo genético-estatístico:

$$Y_{ijk} = m + a_k + g_i + g'_j + s_{ij} + ga_{ik} + ga_{jk} + sa_{ijk} + \bar{e}_{ijk},$$

Onde:  $Y_{ijk}$ : valor médio observado da combinação híbrida entre i-ésima progênie  $S_7$  e o j-ésimo testador no k-ésimo local;  $m$ : média geral;  $a_k$ : efeito do k-ésimo ambiente;  $g_i$ : efeito da capacidade geral de combinação do i-ésimo testador;  $g'_j$ : efeito da capacidade geral de combinação do j-ésima linhagem;  $s_{ij}$ : efeito da capacidade específica de combinação entre a i-ésimo testador com a j-ésima linhagem;  $ga_{ik}$ : efeito da interação entre a capacidade geral de combinação da i-ésima testador e o k-ésimo ambiente;  $ga_{jk}$ : efeito da interação entre a capacidade geral de combinação do j-ésima linhagem e o k-ésimo ambiente;  $sa_{ijk}$ : efeito da interação entre a capacidade específica de combinação entre a i-ésima testador e o j-ésima linhagem com o k-ésimo ambiente; e  $\bar{e}_{ijk}$ : erro experimental, obtido a partir da soma dos quadrados médios dos resíduos, ajustado para o número de observações.

Após as análises genéticas, foi realizado o estudo da interação genótipo x ambiente via metodologia de componentes principais via abordagem GGE *Biplot*

(Yan et al., 2002). Porém, para uma melhor visualização dos híbridos superiores quanto a resistência ao *E. turcicum*, a AACP foi convertida em somatório de área foliar não lesionada por doença (SANL) de acordo com Santos (2022), através da equação:

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

Onde: *SANL*: somatório da área foliar não lesionada por doença; *n* número de monitoramentos; *y<sub>i</sub>*: severidade inicial da doença no *i*-ésimo monitoramento; e *T<sub>i</sub>* tempo em dias no *i*-ésimo monitoramento.

Em seguida, os gráficos GGE *Biplot* foram plotados de acordo com o preconizado por Yan et al. (2002), seguindo o seguinte modelo estatístico:

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

Em que:  $\bar{y}_{ij}$ : refere-se a produtividade média de grãos do genótipo *i* no ambiente *j*;  $\bar{y}_{\cdot j}$  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<sub>1</sub>* e *y<sub>2</sub>* são os valores próprios associados a IPCA1 e IPCA2, respectivamente;  $\varepsilon_{i1}$  e  $\varepsilon_{i2}$  são os valores do PC1 e PC2, respectivamente, do genótipo *i*; *p<sub>j1</sub>* e *p<sub>j2</sub>* são os valores do PC1 e PC2, respectivamente, para o ambiente *j*; e  $\varepsilon_{ij}$  é o erro associado com o modelo do *i*-ésimo genótipo e *j*-ésimo ambiente.

Por fim, foi plotado um gráfico de barras para ilustrar a severidade média (%) da mancha foliar causada por *Exserohilum turcicum* durante a 3ª avaliação em 20 híbridos *testcrosses* com maior adaptabilidade e estabilidade para quatro ambientes.

As análises foram conduzidas com auxílio do programa Genes (Cruz, 2016) e os gráficos foram construídos com auxílio do programa R (R Core Team, 2021), a partir das funções disponíveis nos pacotes Metan e FactoExtra.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1. Desempenho dos híbridos *testcrosses* de milho-pipoca sob infecção natural de *E. turcicum*

A análise de variância (ANOVA), tanto individual quanto conjunta (Tabela 2), permite avaliar a incidência e a severidade de *Exserohilum turcicum* com base na área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) em 72 genótipos testados em diferentes ambientes Cambuci (CAM), Campos dos Goytacazes I (CGZI), Campos dos Goytacazes II (CGZII) e Itaocara (ITA). Por meio da análise de variância individual, observou-se que o efeito de genótipo foi significativo a 1% de probabilidade pelo teste F, para AACPD da incidência e severidade de *E. turcicum* em todos os ambientes avaliados (Tabela 2). Esse resultado é um indicativo que independentemente do ambiente, houve variabilidade genética entre os híbridos *testcrosses* quanto a resposta à infecção natural do patógeno, fato este que é fundamental para o processo de seleção dos genótipos mais resistentes.

**Tabela 2.** Análise de variância individual e conjunta para área abaixo da curva de progresso de doença (AACPD) para incidência e severidade de *Exserohilum turcicum* em 72 híbridos *testcrosses* de milho-pipoca, avaliados em quatro ambientes: Cambuci-RJ (CAM), Campos dos Goytacazes-RJ – safra 1 (CGZ-I), Campos dos Goytacazes-RJ – safra 2 (CGZ-II) e Itaocara – RJ (ITA).

| Análise Individual | G.L. | AACPD - Incidência (Q.M.) |              |              |           | AACPD - Severidade (Q.M.) |               |         |                |
|--------------------|------|---------------------------|--------------|--------------|-----------|---------------------------|---------------|---------|----------------|
|                    |      | CAM                       | CGZI         | CGZII        | ITA       | CAM                       | CGZI          | CGZII   | ITA            |
| Bloco              | 1    | 29812.63                  | 129080.32    | 93417.34     | 124.34    | 6356.87                   | 2477.7        | 906.06  | 237.62         |
| Genótipo           | 71   | 52532.62**                | 89997.9**    | 62396.6**    | 18296.5** | 6856.2**                  | 8507.6**      | 884.2** | 2368.6**       |
| Resíduo            | 71   | 8251.99                   | 12217.7      | 4271.6       | 2339.9    | 877.3                     | 1094.4        | 177.3   | 52.3           |
| Média (AACPD)      |      | 341.18                    | 389.9        | 753.7        | 161.0     | 72.5                      | 95.1          | 44.3    | 14.1           |
| C.V. - AACPD (%)   |      | 26.62                     | 28.4         | 8.7          | 30.1      | 40.9                      | 34.8          | 30.1    | 51.3           |
| Média - Av. 3 (%)  |      | 16.94                     | 40.4         | 96.5         | 15.8      | 3.92                      | 14.04         | 5.38    | 1.66           |
| Análise Conjunta   |      | Bloco/A                   | Ambiente (A) | Genótipo (G) | G x A     | Resíduo                   | Média (AACPD) | C.V.    | h <sup>2</sup> |
| AACPD - Incidência | G.L. | 4                         | 3            | 71           | 213       | 284                       | %             | %       | -              |
| Todos Ambientes    | QM   | 63108.66                  | 8894358.7**  | 86866.8**    | 45452.3** | 6770.3                    | 411.4         | 20.0    | 0.92           |
| AACPD - Severidade | G.L. | 2                         | 1            | 71           | 71        | 142                       | %             | %       | -              |
| CAM x CGZI         | Q.M. | 4417.29                   | 36892.79**   | 8465.27**    | 6898.52** | 985.84                    | 83.8          | 37.47   | 0.88           |
| ITA x CGZII        | Q.M. | 571.84                    | 65505.41**   | 1708.74**    | 1543.99** | 114.79                    | 29.18         | 36.72   | 0.93           |

\*\* indicam efeitos estatisticamente significativos de acordo com o teste F ao nível de significância de 1%. Q.M.: quadrado médio; G.L.: grau de liberdade; C.V.: coeficiente de variação.

A precisão ambiental, avaliada pelo coeficiente de variação (C.V.) para AACPD, apresentou variações entre as duas características (incidência e severidade) e os diferentes ambientes. Para incidência, o C.V. variou de 8,7 a 30,1% nos ambientes CGZ II e ITA, respectivamente. Em relação a AACPD da severidade, observou-se uma oscilação do C.V. de 30,1 a 51,3% para os ambientes CGZ II e ITA, respectivamente (Tabela 2). Os maiores CVs foram encontrados em Itaocara, sendo reflexo de uma maior variação média entre as repetições, o que pode ser explicado pela menor pressão do inóculo nessa área experimental tal como pode ser constatado pelas menores médias de AACPD observados para incidência (161,0) e severidade (14,1).

Antes de proceder a análise de variância conjunta (ANOVA conjunta), foi realizado a teste de homogeneidade das variâncias residuais de Hartley, sendo constatado a impossibilidade de inclusão de todos os ambientes em uma única análise para a AACPD da severidade de *E. turcicum*, tendo em vista a razão do maior e menor quadrado mínimo do resíduo ser maior que sete (7), fato este que não ocorreu para AACPD da incidência. Assim, só foi possível realizar a ANOVA conjunta para os ambientes Cambuci (CAM) com Campos dos Goytacazes I (CGZI) e outra para os ambientes Itaocara (ITA) com Campos dos Goytacazes II (CGZII) (Tabela 2).

A análise residual revelou que Cambuci e Campos dos Goytacazes I apresentaram resíduos próximos (877,3 e 1094,4, respectivamente), indicando uma similaridade no efeito ambiental nesses locais. Em contraste, Campos dos Goytacazes II e Itaocara apresentaram resíduos menores e mais próximos entre si (177,3 e 52,3, respectivamente), evidenciando a falta de homogeneidade residual entre os quatro ambientes avaliados. Essa diferença justificou o agrupamento dos ambientes em pares para a análise conjunta, permitindo uma melhor interpretação dos efeitos genotípicos e ambientais.

Por meio da análise de ANOVA conjunta, observou-se que a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) para incidência e severidade de *E. turcicum* apresentaram efeito significativo ao nível de 1% de probabilidade para as fontes de variação Ambiente (A), Genótipo (G) e interação Genótipo x Ambiente (G x A) (Tabela 2). A significância do efeito de genótipo confirma a presença de variabilidade genética entre os híbridos e a possibilidade de discriminar os

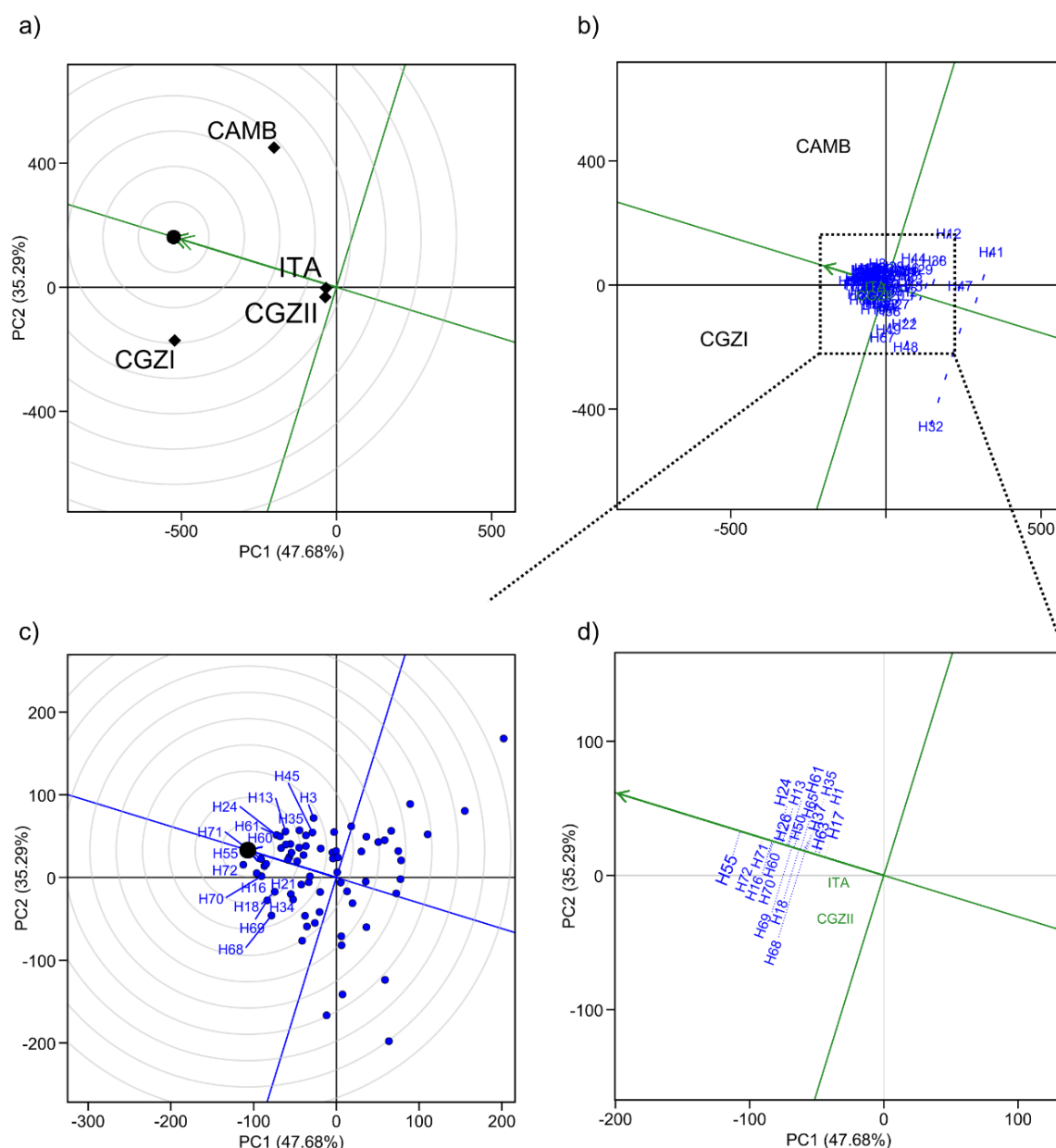


indivíduos mais resistentes dos mais susceptíveis. Além disso, notou-se que os valores do coeficiente de determinação genotípica ( $H^2$ ) foram de 0,92 para AACPD da incidência e de 0,88 para AACPD da severidade na combinação dos ambientes CAM x CGZI e 0,93 para AACPD da severidade na combinação ITA x CGZII (Tabela 2). Esse resultado, indica que os efeitos genéticos foram predominantes em relação aos efeitos ambientais, demonstrando um bom índice de confiabilidade ao comparar e selecionar os híbridos de milho-pipoca em teste (Falconer e Mackay, 1996; Hallauer et al., 2010; Cruz et al., 2014).

No entanto, a interação G x A indica que os híbridos tiveram desempenhos diferentes em condições ambientais distintas, ou seja, o ranqueamento dos híbridos pode sofrer alteração para as diferentes características em função dos diferentes ambientes. Resultados semelhantes foram observados por Vivek et al. (2010), Badu-Apraku et al. (2021) e Santos Júnior et al. (2022).

A presença de interação significativa Genótipo x Ambiente (G x A) pode ser um fator que dificulte a seleção dos híbridos superiores. Visando atenuá-la, alguns procedimentos podem ser utilizados, tais como a identificação de genótipos específicos para cada ambiente, a realização de estratificação ambiental e a identificação de genótipos com maior estabilidade fenotípica (Ramalho et al., 2012). Diante disso, a análise da adaptabilidade e da estabilidade fenotípica torna-se oportuna para a indicação dos genótipos superiores, para tanto, a análise GGE *Biplot* exerce fundamental importância.

Para a análise GGE *Biplot*, utilizou-se a área foliar não lesionada por doença (SANL) da severidade, a qual é uma adaptação da AACPD e visa melhorar a visualização nos gráficos do GGE *Biplot* dos melhores genótipos (Rocha, 2022). No método GGE *Biplot* os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) estão relacionados ao efeito principal que é devido ao genótipo a interação G x A, respectivamente (Yan & Holland, 2010). No presente estudo, foi possível constatar que os dois primeiros componentes principais representaram 82,97% da variação total dos dados, sendo o PC1 responsável por 47,68% e o PC2 com 35,29% (Figura 7). Segundo Yang et al. (2009), os dois primeiros componentes principais devem explicar mais de 60% da variação para aplicação correta da metodologia. Assim, os resultados obtidos nesse estudo podem ser considerados confiáveis.

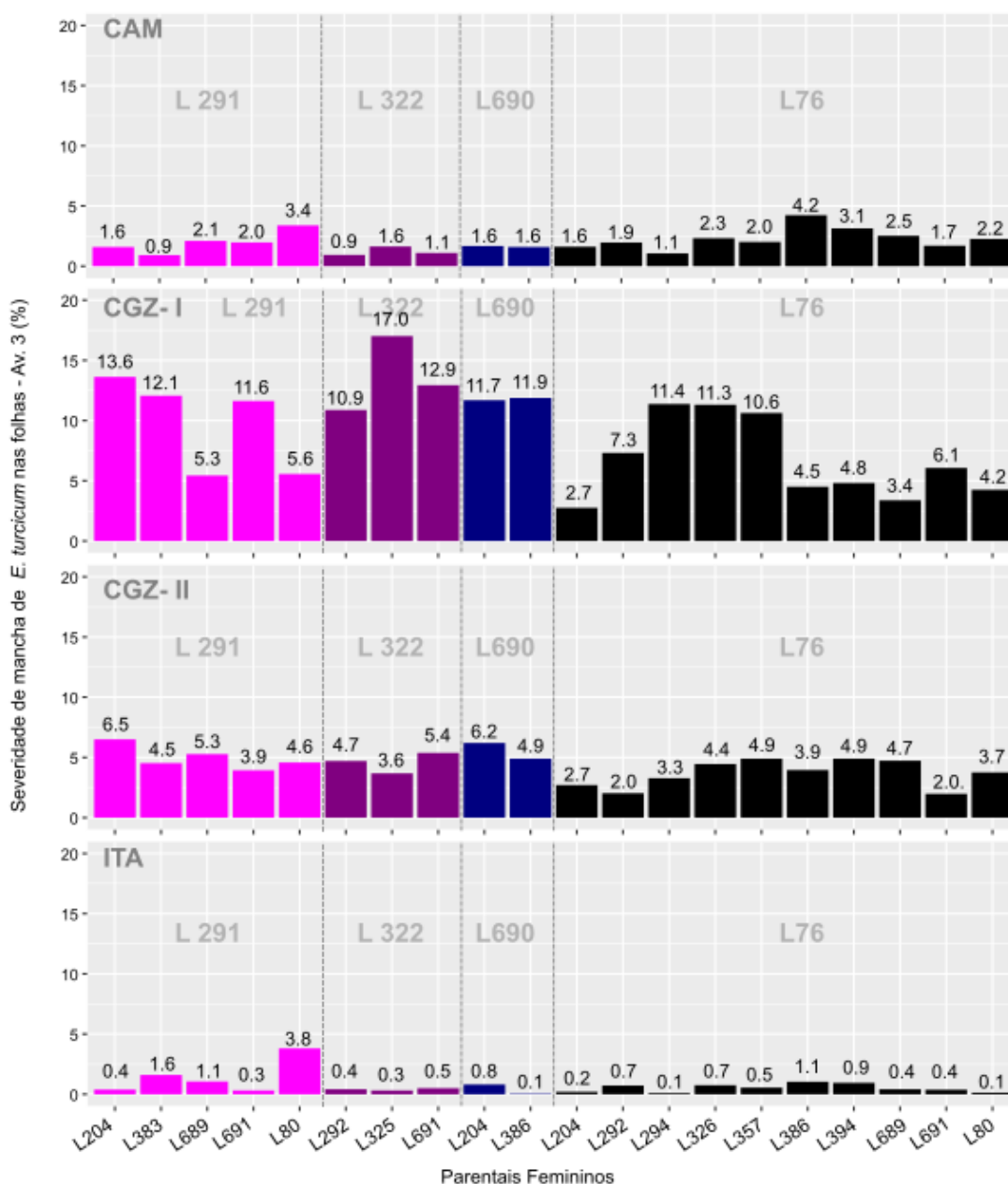


**Figura 7.** Genotype by Environment biplot (GGE *biplot*) para severidade (área acima da curva de progresso da doença) de *Exserohilum turcicum* em folhas de 72 híbridos de milho-pipoca, avaliados em quatro ambientes: Cambuci (CAM), Campos dos Goytacazes, safra I (CGZI), Campos dos Goytacazes, safra II (CGZII) e Itaocara (ITA). Classificação dos ambientes em relação ao ambiente ideal (a); Ranqueamento (genótipo-ideótipo) dos híbridos para área foliar não lesionada (b); zoom do posicionamento dos híbridos em relação ao genótipo ideótipo, com destaque para os 20 híbridos mais próximos (c) e; estabilidade e desempenho dos 20 híbridos com maior média de área foliar sadia ao longo das avaliações (d)

O gráfico (a) representa a classificação dos ambientes, de acordo com Yan e Tinker (2006), um ambiente ideal é aquele que possui o maior poder de discriminar os genótipos aliado a uma maior representatividade em relação aos outros ambientes. Assim, quanto mais próximo ao círculo concêntrico, mais próximo do ideal é o ambiente. No presente trabalho, notou-se que quando as avaliações de *E. turcicum* foram realizadas no ambiente de Campos dos Goytacazes I (CGZI) no inverno, proporcionou maior discriminação e representatividade (Figura 7-a). Resultados semelhantes foram reportados por Rocha (2022) que ao avaliar o desempenho de cultivares de milho múltiplas doenças foliares, nos mesmos ambientes do presente estudo, observaram que para *E. turcicum* o ambiente de inverno foi considerado ideal. Assim, pode-se inferir que experimentos instalados na estação de inverno, tenderão a ser mais eficientes em discriminar o desempenho dos genótipos quanto a resistência ao *E. turcicum* sob condições de infecção natural.

A estabilidade dos híbridos de milho-pipoca de maior área foliar não lesionada foi investigada usando um gráfico bidimensional de coordenadas ambientais médias (AECs) (Figura 7-d). Na figura, a linha horizontal representa a abscissa da AEC, com a seta apontando para o maior efeito principal do genótipo em todos os ambientes. A linha perpendicular à abscissa representa a ordenada da AEC, que mede a estabilidade ou instabilidade do híbrido (Figura 7-d). O genótipo mais estável tem uma projeção menor em relação à abscissa da AEC (linha pontilhada) (Yan e Tinker, 2006). Foi possível observar os 20 híbridos que apresentaram médias de SANL maiores que a média de todos os ambientes, porém vale destacar os híbridos H71 (L691 x L76), H55 (L204 x L76), H60 (L292 x L76), H63 (L326 x L276) e H26 (L325 x L322) por apresentarem menores projeções em relação à abscissa AEC, ou seja, híbridos com maior estabilidade de SANL (Figura 7-d).

Vale destacar o híbrido H71 (L691 x L76) que apresentou valores médios de severidade da mancha de *E. turcicum* na terceira avaliação (SMT-Av.3°) variando de 0,4 a 6,1% para as avaliações realizadas em Itaocara e Campos dos Goytacazes I. O híbrido H55 (L204 x L76) mostrou valores de SMT-Av.3° oscilando de 0,2 a 2,7% nos ambientes de ITA e CGZI, respectivamente (Figura 8).



**Figura 8.** Severidade média (%) de mancha foliar causada por *Exserohilum turcicum* durante a 3ª avaliação em 20 híbridos *testcrosses* com maiores médias e estabilidade para quatro ambientes: Cambuci (CAM); Campos dos Goytacazes – safra I (CGZ- I); Campos dos Goytacazes – safra II (CGZ- II); e Itaocara (ITA). Barras de cores diferentes indicam híbridos resultantes de diferentes testadores (descritos em cinza) com suas respectivas linhagens utilizadas como parentais femininos (eixo x).

Analisando a SMT – Av. 3º dos 20 melhores híbridos *testcrosses* é possível notar a superioridade da linhagem parental masculina de gerar híbridos superiores e estáveis à mancha de *E. turcicum* (Figura 8). Dentre os 20 híbridos mais resistentes, o L76 participou de 50% das combinações, seguido do testador L291

com 25% das combinações híbridas. Esse resultado fornece indícios de que esses genitores apresentam alelos favoráveis para promover a resistência ao *E. turcicum* em seus descendentes. O testador L690 foi o que menos contribuiu para geração de híbridos superiores à mancha de *E. turcicum* (Figura 8).

Entre os parentais femininos, as linhagens L204 e L691 foram destaque já que apareceram em 3 das quatro combinações possíveis compondo o grupo dos 20 melhores híbridos *testcrosses*. Na sequência, surgiram as linhagens L689, L80 e L292 em duas das quatro combinações híbridas possíveis (Figura 8).

O ranqueamento dos híbridos *testcrosses* de milho-pipoca que apresentaram maior SANL foi realizada com base no genótipo 'ideal'. O genótipo 'ideal' apresentaria o maior desempenho em todos os ambientes de teste e alta estabilidade (Yan e Kang, 2002). Graficamente, o genótipo 'ideal' é representado pela seta no centro dos círculos concêntricos (Yan e Rajcan, 2002) (Figura 7b-c). Diante disso, foi possível observar que os híbridos H55 (L204 x L76), H72 (L80 x L76), H70 (L689 x L76) e H71 (L691 x L76) situados no interior do círculo concêntrico são considerados ideais em termos de maior área foliar não lesionado por *E. turcicum* aliada à estabilidade fenotípica (Figura 7-c). Assim, esses híbridos são candidatos a serem disponibilizados como cultivares resistentes à mancha de *E. turcicum* para os agricultores no Norte e Noroeste fluminense.

A análise reforça a importância de utilizar metodologias que considerem simultaneamente o desempenho médio e a estabilidade dos genótipos, como o GGE *Biplot*. Isso permite identificar genótipos adaptados a ambientes específicos e também aqueles com desempenho superior em múltiplos ambientes, alinhando-se às demandas dos agricultores e ao manejo integrado de doenças.

## 5.2. Análise da capacidade combinatória

Na análise de variância para as capacidades de combinação dos 72 híbridos de milho-pipoca quanto a AACPD para incidência e severidade da doença foliar causada por *E. turcicum* entre os quatro ambientes em diferentes híbridos de milho-pipoca os híbridos, CGC testador e CGC linhagem tiveram efeito significativo ( $p < 0,01$  e  $0,05$ ) para a AACPD incidência (Tabela 3). Por outro lado, a capacidade específica de combinação (CEC) não se revelou importante para essa característica, uma vez que não foi detectado efeitos significativos. Esses

resultados indicam que há entre os genitores, diferentes contribuições para a redução da incidência de *E. turcicum*, ou seja, existe aparente variabilidade quanto a presença de alelos favoráveis o que possibilita a seleção dos melhores indivíduos.

**Tabela 3.** Análise de variância para as capacidades de combinação entre quatro testadores e 18 linhagens de milho-pipoca e respectivos 72 híbridos *testcrosses* quanto à área abaixo da curva de progresso (AACPD) de incidência e severidade de manchas foliares provocadas por *Exserohilum turcicum*, avaliados em quatro ambientes: Cambuci-RJ (CAM), Campos dos Goytacazes-RJ – safra 1 (CGZ-I), Campos dos Goytacazes-RJ – safra 2 (CGZ-II) e Itaocara – RJ (ITA).

| F.V.              | Incidência |                        | Sev. CAM x CGZ-I |                        | Sev. ITA x CGZ-II |                       |
|-------------------|------------|------------------------|------------------|------------------------|-------------------|-----------------------|
|                   | G.L.       | Q.M.                   | G.L.             | Q.M.                   | G.L.              | Q.M.                  |
| Híbridos (F1)     | 71         | 86866.42 **            | 71               | 8465.327 <sup>ns</sup> | 71                | 1708.69 <sup>ns</sup> |
| CGC Testador (I)  | 3          | 830694.72 **           | 3                | 28865.88 <sup>ns</sup> | 3                 | 6027.33 <sup>ns</sup> |
| CGC Linhagem (II) | 17         | 118760.45 *            | 17               | 13273.26 <sup>ns</sup> | 17                | 2450.01 <sup>ns</sup> |
| CEC Híbrido       | 51         | 32480.47 <sup>ns</sup> | 51               | 5662.652 <sup>ns</sup> | 51                | 1207.54 <sup>ns</sup> |
| Ambiente (Amb)    | 3          | 8894477.44 **          | 1                | 36889.62 **            | 1                 | 65505.11 **           |
| Híbrido x Amb     | 213        | 4545.22 <sup>ns</sup>  | 71               | 6898.404 **            | 71                | 1544.01 **            |
| CGC I x Amb       | 9          | 80028.41 <sup>ns</sup> | 3                | 20642.62 **            | 3                 | 2609.96 **            |
| CGC II x Amb      | 51         | 55113.18 <sup>ns</sup> | 17               | 7608.401 **            | 17                | 1691.11 **            |
| CEC x Amb         | 153        | 40197.94 <sup>ns</sup> | 51               | 5853.255 **            | 51                | 1432.28 **            |
| Resíduo           | 284        | 47458.75               | 142              | 985.5                  | 142               | 114.5                 |

\*, \*\* indicam efeitos estatisticamente significativos de acordo com o teste F ao nível de significância de 5% e 1%, respectivamente. <sup>ns</sup> indica efeitos não significativos. F.V.: fonte de variação; Q.M.: quadrado médio; G.L.: grau de liberdade; C.V.: coeficiente de variação.

Além disso, há um indicativo que para essa composição de genitores avaliados, a AACPD incidência de *E. turcicum* é governada predominantemente por alelos de ação gênica aditiva. Isso implica que maiores ganhos genéticos quanto a menor incidência de *E. turcicum* poderão ser obtidos cruzando as linhagens que apresentam *performance per se* superior (menor incidência) para essa doença.

Para a incidência, o efeito do ambiente foi altamente significativo ao nível de 1% de probabilidade, mostrando uma variação substancial entre os locais

experimentais quanto a presença de inóculo de *E. turcicum*. Apesar disso, não foi verificada efeito significativo das interações G x A, CGC testador x A, CGC linhagem x A e CEC x A, indicando que para essa variável a *performance* dos híbridos e a contribuição dos alelos dos genitores não foi alterada em função dos diferentes ambientes (Tabela 3). Dessa forma, as estimativas das capacidades combinatórias podem ser analisadas pela média dos ambientes.

Para a AACPD da severidade de *E. turcicum* a análise de variância não detectou o efeito significativo de híbrido, CGC testador, CGC linhagem e CEC nos dois grupos de ambientes. Isso pode ser explicado devido ao grande efeito da interação G x A, fazendo com que os efeitos principais sejam minimizados. No entanto, observou-se que o efeito G x A e sua decomposição em CGC testador x A, CGC linhagem x A e CEC x A foram significativos a 1% de probabilidade pelo teste F (Tabela 3). Esses resultados indicam que a severidade dos híbridos oscilou em função do local em que foi avaliada. Além disso, a contribuição dos genitores separadamente (CGC testador e CGC linhagem), bem como sua combinação (CEC) não foram consistentes entre os diferentes locais, ou seja, a depender do ambiente houve uma maior ou menor contribuição das linhagens com alelos favoráveis para redução da severidade de *E. turcicum* (Tabela 3). Segundo Engelsing et al. (2011) e Nihei e Ferreira (2012), fatores ambientais podem influenciar a expressão de genes relacionados à resistência, possivelmente devido a variações de latitude, temperatura, umidade relativa do ar e precipitação.

Diante da grande contribuição da interação G x A no potencial de contribuição dos genitores bem como no desempenho dos híbridos, verifica-se a necessidade de selecionar genitores específicos dentro de cada ambiente. No entanto, deve-se atentar para identificar pais que contribuam de maneira estável para a redução da severidade de *E. turcicum* ao longo dos ambientes, uma vez que esses genitores terão uma tendência de desenvolver híbridos ou populações sintéticas com maior estabilidade, por apresentaram um efeito menos pronunciado da interação genótipo x ambiente.

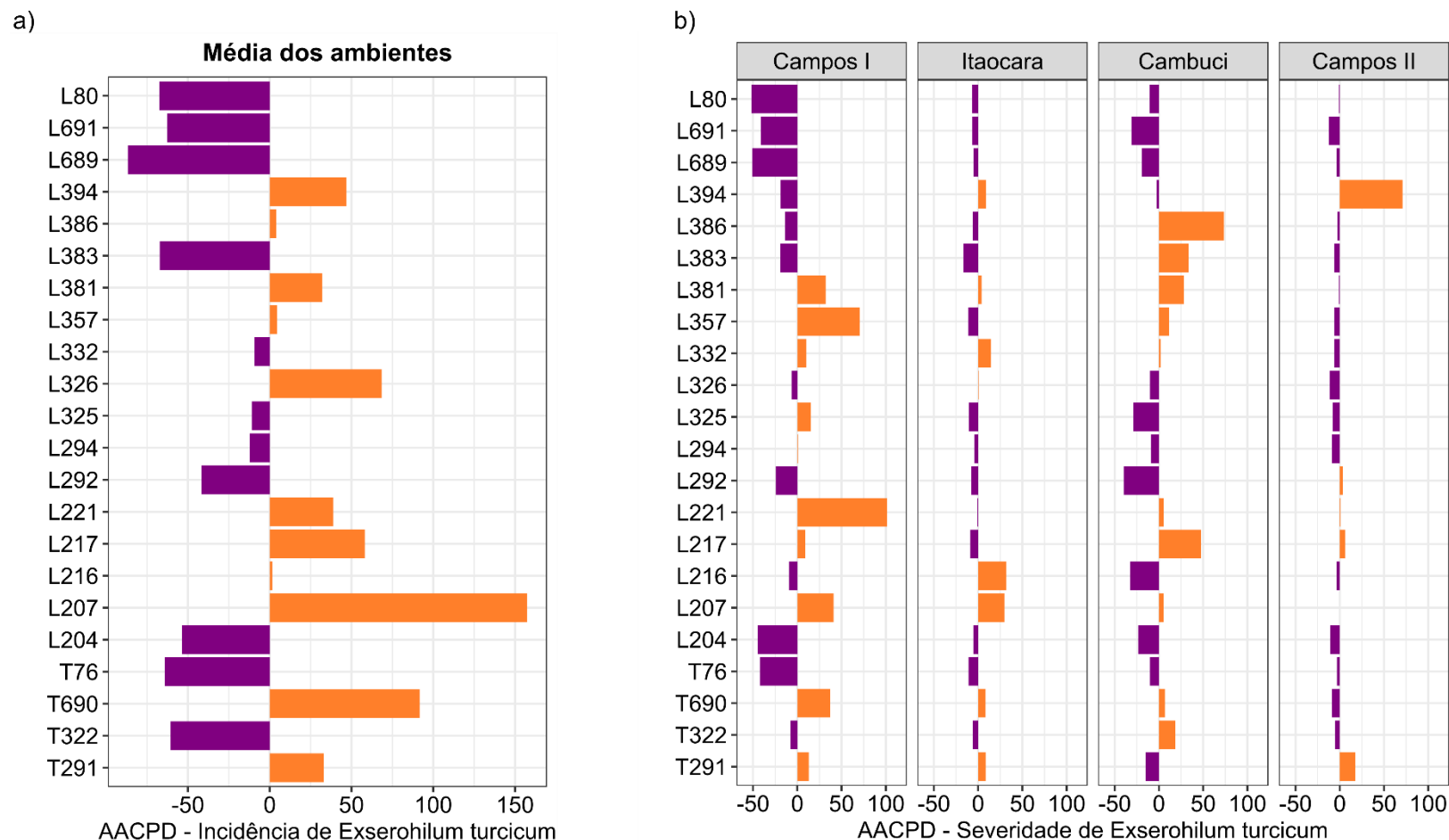
A capacidade geral de combinação (CGC) consiste na resposta média de um genitor em uma série de cruzamentos, está associada aos efeitos aditivos dos alelos (Vencovsky 1987, Hallauer e Miranda Filho 1988, Ramalho et al. 1993). Analisando as estimativas de CGC da média dos quatro ambientes das 22 linhagens para a característica de AACPD da incidência, verificou-se que 50% das

linhagens avaliadas apresentaram estimativas negativas, ou seja, contribuíram com alelos favoráveis para reduzir a incidência de *Exserohilum turcicum* nos híbridos *testcrosses* de milho-pipoca (Figura 7-a). Dentre os testadores, L76 e L322 demonstraram estimativas médias de CGC negativas, enquanto entre as linhagens destacaram-se: L689, L80, L691, L383, L332, L325, L294, L292 e L204 (Figura 7-a).

Nas estimativas de CGC das 22 linhagens para a característica AACPD da severidade nos quatro ambientes (Figura 9), observou-se que para a primeira safra de Campos dos Goytacazes (CGZI) obteve-se 12 linhagens com médias negativas, sendo elas, L76, L322, L80, L691, L689, L394, L386, L383, L326, L292, L616 e L204. Para o ambiente de Itaocara (ITA), teve um total de 14 linhagens com médias negativas (L76, L322, L80, L691, L689, L386, L383, L357, L325, L294, L292, L221, L217 e L204). Já para o ambiente de Cambuci (CAM) 12 linhagens L76, L291, L80, L691, L689, L394, L326, L325, L294, L292, L216 e L204. Já para a segunda safra de Campos dos Goytacazes (CGZII) obtiveram 17 linhagens com médias negativas (L76, L690, L322, L80, L691, L689, L386, L383, L381, L357, L332, L326, L325, L294, L216, L207 e L204).

Analisando-se simultaneamente as estimativas de CGC das características e ambientes, verifica-se que apenas o testador L76 e as linhagens L80, L691, L689 e L204 apresentaram estimativas negativas de CGC para incidência e severidade em todos os ambientes (Figura 9), sendo assim, genitores que apresentam maior frequência de alelos favoráveis para conferir resistência ao *Exserohilum turcicum*.





**Figura 9.** Capacidade geral de combinação entre 22 linhagens de milho-pipoca (4 testadores e 18 linhagens sob teste) para área abaixo da curva de progresso de incidência (a) e severidade (b) de *Exserohilum turcicum* na planta, avaliada em quatro ambientes: Cambuci – CAM; Campos dos Goytacazes, safra I – CGZI; Campos dos Goytacazes, safra II – CGZII, e Itaocara – ITA. Barras roxas indicam estimativas de CGC favoráveis, enquanto barras laranjas apontam para estimativas em direção indesejada.

A superioridade do testador L76 para resistência ao *E. turcicum*, extraída da variedade Viçosa, vem sendo reportada por outros autores. Kurosawa et al. (2018) avaliando o desempenho *per se* de 37 acessos do Banco Ativo Germoplasma de milho-pipoca da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro quanto a inoculação natural de *E. turcicum* no município de Campos dos Goytacazes, verificaram que a linhagem L76 apresentou menores médias de severidade dessa doença e, portanto, concluíram que esse genótipo constitui um bom repositório de alelos favoráveis para resistência ao *E. turcicum*. Posteriormente, Santos et al. (2020) avaliando o mérito de genético para resistência a múltiplas doenças foliares de um conjunto de linhagens de milho-pipoca por meio de um dialelo completo em duas estações de cultivo (inverno e verão), verificaram que o genitor L76 foi a linhagem que mais contribuiu para redução da severidade de *Exserohilum turcicum* nos híbridos para as duas estações de cultivo.

Santos Júnior (2019) avaliando o potencial genético das linhagens oriundas para variedade de polinização aberta UENF-14 (Amaral Júnior et al., 2013) para resistência a múltiplas doenças foliares em condição de inoculação natural sob esquema de *topcross*, observaram que as linhagens L689 e L691 ficaram entre os genitores que apresentaram os valores mais negativos de capacidade geral de combinação para redução da severidade de *E. turcicum*, corroborando com os resultados encontrados nesse estudo. Embora durante o desenvolvimento da variedade UENF-14, a seleção para resistência à helmintosporiose causada por *E. turcicum* não tenha sido diretamente realizada, acredita-se que alelos favoráveis para resistência a essa doença tenham sido acumulados de maneira indireta através da seleção de famílias mais produtivas, e assim, as linhagens oriundas dessa população tenham herdado esses genes.

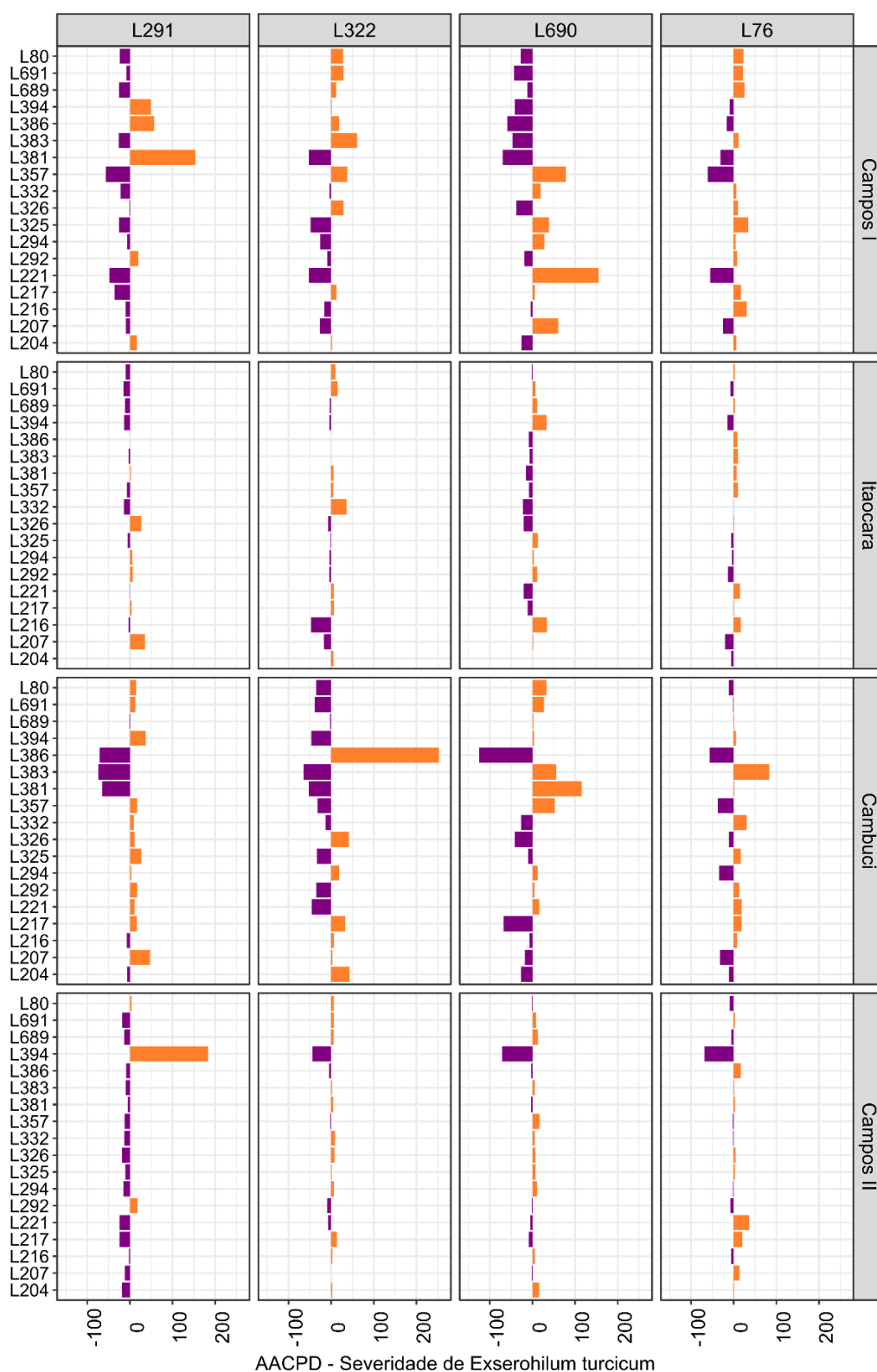
A linhagem L204, que demonstrou superioridade apenas para a severidade, foi extraída da população IAC 125 e esteve entre os grupos com menores índices para as doenças causadas por *Bipolaris maydis*, *E. turcicum* e *Puccinia polysora* (Valadares, 2023). Diante disso, fica claro a importância desses genitores como importante fonte de alelos favoráveis para conferir resistência ao *E. turcicum*, sendo crucial incluí-los em futuros blocos de cruzamentos.

A capacidade específica de combinação (CEC), representa o desvio do comportamento esperado de um dado genótipo, tomando como base as

capacidades gerais de combinação de seus parentais, é relativa aos efeitos não-aditivos de dominância e epistasia (Vencovsky 1987, Hallauer e Miranda Filho 1988, Ramalho et al. 1993). Para a característica AACPD da incidência, observou-se na análise de variância (Tabela 3) que a capacidade específica de combinação não foi importante para a expressão dessa variável, tendo em vista a não significância para CEC e suas interações com o ambiente. Dessa forma, as estimativas de CEC não foram mostradas.

As estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) para o ambiente Campos dos Goytacazes I (CGZ I) oscilaram de 153,01 a -69,90 para as combinações híbridas L381 x L291 e L381 x L690, respectivamente. Verificou-se que 52,78% das estimativas foram negativas, das quais 32,21% eram combinações que o testador L691 participava, seguidas do testador L691 com 28,95%. O testador L76 contribuiu com o menor número de combinações que apresentaram estimativas de CEC negativas, com apenas 16% das combinações. As dez combinações híbridas que apresentam maiores estimativas negativas de  $\hat{s}_{ij}$  no ambiente de CGZ I foram: L381 x L691 (-69,90), L357 x L76 (-60,75), L386 x L690 (-59,23), L357 x L291 (-56,20), L221 x L76 (-55,30), L381 x L322 (-52,05), L221 x L322 (-51,89), L221 x L291 (-48,12), L325 x L322 (-48,09) e L383 x L690 (-46,59) (Figura 10).

No que diz respeito ao ambiente de Itaocara (ITA), notou-se que os valores de CEC variaram de 36,37 a -46,95 para as combinações híbridas L332 x L322 e L216 x L322, respectivamente. Observou-se que das 72 combinações possíveis, 37 (51,38%) apresentaram estimativas de CEC negativas, embora a maior parte desses valores sejam baixos. Dentre as 37 combinações que apresentaram estimativas negativas de  $\hat{s}_{ij}$ , dez, dez, nove e oito das combinações continham em suas formações os testadores L322, L291, L690 e L76, respectivamente. As dez combinações híbridas que apresentam maiores estimativas negativas de  $\hat{s}_{ij}$  no ambiente de ITA foram: L216 x L322 (-46,95), L332 x L690 (-22,08), L326 x L690 (-20,91), L207 x L76 (-20,58), L221 x L690 (-20,24), L207 x L322 (-16,92), L381 x L690 (-15,44), L394 x L76 (-14,72), L691 x L291 (-14,67) e L394 x L291 (-13,81) (Figura 10).



**Figura 10.** Capacidade específica de combinação entre os 72 híbridos *testcrosses* de milho-pipoca (4 testadores e 18 linhagens sob teste) para área abaixo da curva de progresso da severidade de *Exserohilum turcicum* na planta, avaliada em quatro ambientes: Cambuci – CAM; Campos dos Goytacazes, safra I – CGZI; Campos dos Goytacazes, safra II – CGZII, e Itaocara - ITA.

Em relação à severidade de helmintosporiose causada por *E. turcicum* no ambiente de Cambuci (CAM), observou-se que as estimativas de CEC variaram de 252,46 a -124,88 para as combinações L386 x L322 e L386 x L690, respectivamente. Nesse ambiente, 33 das 72 estimativas de CEC foram negativas, sendo que 33,33% das combinações continham o testador L322. Em contrapartida, 56,4% das combinações que os testadores L691 e L76 participaram, apresentaram estimativas  $\hat{s}_{ij}$  positivas (Figura 10). As dez combinações híbridas que apresentaram maiores valores de CEC em CAM I são: L386 x L690 (-124,88), L383 x L291 (-74,18), L386 x L291 (-71,16), L217 x L690 (-68,00), L383 x L322 (-64,82), L381 x L291 (-64,70), L386 x L76 (-56,42), L381 x L322 (-52,60), L394 x L322 (-46,37) e L221 x L322 (-45,95) (Figura 10).

Para o ambiente de Campos II (CGZ II), as combinações híbridas L394 x L291 e L394 x L690 apresentaram estimativas de CEC de 183,55 e -71,19, respectivamente, sendo as maiores estimativas positivas e negativas, obtidas nesse ambiente. Verificou-se ainda, que cerca de 51% das estimativas de  $\hat{s}_{ij}$  apresentaram valores negativos, sendo a maior parte dessas estimativas (40,54%) obtidas por combinações que o testador L291 participou, seguida por combinações com os testadores L691 (21,62%), L76 (21,62%) e L291 (16,22%). As melhores combinações híbridas para reduzir a severidade de *E. turcicum* com base nas estimativas de CEC no ambiente de CGZ II foram: L394 x L690 (-71,19), L394 x L76 (-68,57), L394 x L322 (-43,78), L221 x L281 (-24,39), L217 x L291 (-24,38), L204 x L291 (-18,75), L326 x L291 (-18,37), L691 x L291 (-17,86), L294 x L291 (-15,37) e L689 x L291 (-13,50) (Figura 10).

No presente estudo, constatou-se que os cruzamentos com efeitos CEC desejáveis (estimativas negativas) para redução da severidade *E. turcicum* não foram associadas às combinações que apresentaram as menores médias de severidade de *E. turcicum* na 3ª avaliação (Figura 8) bem como, as melhores médias de área foliar não lesionada (SANL) (Figura 7-c). De maneira geral, os melhores híbridos - H55 (L204 x L76), H72 (L80 x L76), H70 (L689 x L76) e H71 (L691 x L76) - ou seja, aqueles que apresentaram maiores valores de SANL associados à estabilidade fenotípica foram compostos por genitores que apresentaram melhores estimativas de CGC. De exemplo, pode-se destacar o testador L76, que foi o testador que mais participou das melhores combinações híbridas, porém sua contribuição para obtenção das estimativas negativas de CEC

entre os testadores, estava sempre entre as menores. Esse resultado, confirma a maior importância dos efeitos aditivos sobre os efeitos não aditivos para a expressão da resistência ao *E. turcicum*.

Dessa forma, sugere-se que para o desenvolvimento de híbridos resistentes à mancha de *E. turcicum*, deve-se priorizar o cruzamento de linhagens “boa x boa”, ou seja, ambos genitores que apresentem capacidade geral de combinação satisfatória para severidade de *E. turcicum* ao longo de vários ambientes de avaliação.

## 6. CONCLUSÃO

A interação genótipo x ambiente influenciou o desempenho dos híbridos e a capacidade combinatória dos genitores. Assim, para obter ganhos satisfatórios para resistência à mancha de helmintosporiose causada por *E. turcicum*, deve-se selecionar genitores que apresentem estimativas de capacidade geral de combinação satisfatórias e estáveis ao longo dos ambientes;

Dentre os genitores avaliados, o testador L76 e as linhagens L80, L691, L689 e L204 destacaram-se por exibir efeitos negativos de capacidade geral de combinação para redução da incidência e severidade de *E. turcicum* nos ambientes de avaliação;

Os híbridos H55 (L204 x L76), H72 (L80 x L76), H70 (L689 x L76) e H71 (L691 x L76) apresentam desempenho superior e estabilidade fenotípica para resistência ao *E. turcicum* dos ambientes, e podem ser opções de cultivo para produtores da região Norte e Noroeste fluminense.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agrios, G. N. (2005). Fitopatologia, 2 ed. México, Limusa. 952p.
- Agrocere (1996). Guia Agrocere de sanidade. São Paulo: Sementes Agrocere.
- Alcorn, L. L. (1988). The Taxonomic "Helminthosporium" Species Annual. *Review of Phytopathology*. 26:37-56 p.
- Almeida, R.N.de (2022). Pré-seleção de linhagens de milho-pipoca para resistência à podridão de espigas ocasionada por *Fusarium* sp. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 120p.
- Amaral Júnior, A.T., L.S.A. Gonçalves, F. Júnior, S. de Paiva, L.S. Candido, C. Vittorazzi, G.F. Pena, R.M. Ribeiro, T. R.C. Silva M.G. Pereira. (2013). UENF 14: a new popcorn cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 13: 218-220.
- Alvim, K., Brito, C., Gomes, L., Brandão, A., Oliveira, F. (2010). XXVIII Congresso Nacional de Milho e Sorgo. Goiânia: associação brasileira de milho e sorgo. 2486-2491 p.
- Amaral Júnior, A.T., Ribeiro, R.M., Santos, P.H., Poltronieri, T.P., Vivas, J.M., Gerhardt, I.F., Carvalho, B.M., Freitas, C.S., Miranda, S.B. (2016). Genetic variability affecting *Exserohilum turcicum* resistance in popcorn lines grown



under high and low phosphorus conditions. *Genetics and molecular research: GMR*, v.4, n.15.

Amorim, L. (1995). Avaliação de doenças. In: Bergamin Filho, A.; Kimati, H.; Amorim, L. (Eds.) Manual de fitopatologia, São Paulo: Ceres, Ano 02. Edição 07. P. 647-671.

Badu-Apraku B, Bankole FA et al (2021) Identification of early and extra-early maturing tropical maize inbred lines resistant to *Exserohilum turcicum* in sub-saharan Africa. *Crop Prot.* 139:110. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2020.105386>.

Badu-Apraku, B., Bankole, F. A., Fakorede, M. A., Ayinde, O., & Ortega-Beltran, A. (2021). Genetic analysis of grain yield and resistance of extra-early-maturing maize inbreds to northern corn leaf blight. *Crop Science*, 61(3), 1864-1880.

Bentolila, S., Guitton, C., Bouvet, N., Sailand, A., Nykaza, S., Freyssinet, G. (1991). Identification of RFLP Marker Tightly Linked to The Ht1 Gene in Mayze. *Theoretical and Applied Genetics*, v.82, p393-398.

Bergamin Filho, A., Amorim, L. (1996) Doenças de plantas tropicais: epidemiologia e controle econômico. Piracicaba. *Agronômica Ceres*, 299p.

Berger, R.D. (1980). Measuring disease intensity. In: Teng, P.S.; Krupa, S.V. (Eds.). Crop loss assessment. St. Paul. University of Minnesota, p.28-31.

Bespalhok F, J.C., Guerra, E.P., Oliveira, R. (2019). Introdução ao Melhoramento de Plantas. In: Bespalhok F., J.C.; Guerra, E.P.; Oliveira, R. Melhoramento de Plantas. Disponível em [www.bespa.agrarias.ufpr.br](http://www.bespa.agrarias.ufpr.br), p.1-9

Borém, A., Miranda, G.V., Fritsche-Neto, R. (2017). Melhoramento visando à resistência a doenças. In: Melhoramento de plantas. 7 ed ed., Viçosa - MG: Editora UFV, p.

Brasil, P.A. (2023). Cotação de Produtos Agrícolas.

Brito, A. H., Von Pinho, R. G., Pereira, J. L.A. R., Balestre, M. (2015). Controle químico da Cercosporiose, Mancha Branca e dos Grãos Ardidos em milho. *Revista Ceres*, v. 60, n.5, p. 629-635.

- Butzen, S., Munkvold, G.P. (2004). Corn seedling diseases; *Pioneer Crop Insights* 14: p1-5.
- Cabral, P.D.S., Amaral Júnior, A.T., Pio Viana, A., Duarte Vieira, H., Jesus Freitas, I.L., Vittorazzi, C., Vivas, M. (2015). Combining ability between tropical and temperate popcorn lines for seed quality and agronomic traits. *Australian Journal of Crop Science*, 9(4): 256-263.
- Camera, J., Koefender, J., Schoffel, A., Mariath-Bassuino, D., Orlandi, R., Colvero-Panazollo, L., Cardoso-Deuner, C. (2020). Expansão da lesão da helmintosporiose em diferentes híbridos de milho. *Holos*, [S.I.], v. 8, p. 1-12, dez. doi:<https://doi.org/10.15628/holos.2020.9937>.
- Carlos, M.C. (2024). Análise combinatória de linhagens de milho-pipoca visando a resistência à podridão de espigas em condições ideais e restritas de nitrogênio no solo. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 64p. Campos dos Goytacazes, RJ.
- Carvalho, C., Kist, B. B., Santos, C. E., Muller, I., Beling, R. R. (2015). Anuário brasileiro de milho. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz LTDA., 112 p.
- Casela, C. R., Ferreira, A. S., Almeida, N. F. J. (2006). Doenças na cultura do milho. Sete Lagoas, MG: *Embrapa Milho e Sorgo*. 14p. (Circular Técnica, 83).
- Costa, R. V., Casela, R. C., Cota, L. V. (2010). Sistema de Produção. Embrapa Milho e Sorgo. ISSN 1679-012x versão eletrônica. 6ª edição. Disponível em: [http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho\\_6\\_ed/doencas.htm](http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho_6_ed/doencas.htm) acessado em: 01 jul. 2019.
- Cota L, V., Costa, R. V., Silva, D. D., Rodrigues, J. A. S., Tardin, F. D., Parrella, R. A. C. (2012). Avaliação da Resistência de Híbridos e Linhagens de Sorgo a *Exserohilum turcicum*. Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas, MG 32p.
- Cota, L.V., Da Silva, D.D., Costa, R.V. (2013). Helmintosporiose causada por *Exserohilum turcicum* na Cultura do Milho, Circular Técnica 195, Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo.

- Cruz, C.D., (2016). Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum*. v.38, n.4, p.547-552.
- Cruz, C.D., Carneiro P.C.S., Regazzi, A.J. (2014). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3 ed. Viçosa - UFV. p. 668.
- Dalbello, O., Previero, C.A., Alves, D.G., Biagi, J.D. (1995). Capacidade de expansão do milho-pipoca (*Zea mays* L.) em função de parâmetros de secagem, umidade e armazenamento do produto. *Congr Bras Eng Agrícola*, A 415.
- Davis, R.L. (1927). Report of the plant breeder, Annual Report Agricultural Experiment Station University of Porto Rico, Rio Piedras, p.14-15.
- De Souza, Y.P. (2021). *Screening* de linhagens s7 e híbridos de milho-pipoca para ambientação ao déficit de nitrogênio no solo. Tese (doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro- UENF, Campos dos Goytacases, RJ.
- Debela, M., Dejene, M., & Abera, W. (2017). Management of *Turcicum* leaf blight [*Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard Suggs] of maize (*Zea mays* L.) through integration of host resistance and fungicide at Bako, western Ethiopia. *African Journal of Plant Science*, 11(1), 6– 22. <https://doi.org/10.5897/AJPS2016.1449>.
- Dos Santos Junior, D. R., Ribeiro, R. M., do Amaral Junior, A. T., Vivas, M., Saluce, J. C. G., Leite, J. T., ... & Pereira, M. G. (2022). Allelic complementation in hybrid superiority of popcorn to multiple foliar diseases. *Agronomy*, 12(12), 3103.
- Dreschler, C. (1923). Some Graminicolous Species of *Helminthosporium*. *Journal of Agricultural Research*. Washinton. 24: 641-739.
- Engelsing, M. J., Rozzetto, D. S., Coimbra, J. L. M., Zanin, C. G., & Guidolin, A. F. (2011). Capacidade de combinação em milho para resistência a *Cercospora zeae-maydis*. *Revista Ciência Agronômica*, 42, 232-241.
- Erwin, A.T. (1949). The origin and history of popcorn, *Zea mays* L. var. *indurata* (Sturt.) Bailey mut. *everta* (Sturt.) Erwin. *Agronomy Journal*, 41(2): 53–56.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C (1996). Introduction to quantitative genetics, 4th edn. Harlow, Longmans Green.

- Fantin, G., Duarte, A., Dudienas, C., Cruz, F., Ramos, E., Ramos, V. (2009). X Seminário Nacional de Milho Safrinha. Memórias. Rio Verde Goiás. Pág 193; 199. 009.
- Faria Junior, C. A., Freitas, P. S. L. Dallacort, R., Voroniak, J. M., Souza, A. C. S., Mito, L. S., Barbieri, J. D. (2018). Calibration of genetic coefficients and simulation of the productivity of popcorn of second crop season for Tangará da Serra, Brazil. *Revista de Ciências Agrárias*, 41(2): 475-483.
- Félix-Gastélum, R., Lizárraga-Sánchez, G.J., Maldonado-Mendoza, I.E., Leyva-Madrigal, K.Y., Herrera-rodríguez, G., Espinoza-Matías, S. (2018). Confirmation of the identity of *Exserohilum turcicum*, causal agent of maize leaf blight in Sinaloa. *Revista Mexicana de Fitopatología*. 36(3): 468-478. DOI: 10.18781/R.MEX.FIT.1803-1.
- Fernandes, M.C.A.; Balmer, E. (2002). Variabilidade de isolados de *Exserohilum turcicum* em cultivares de milho (*Zea mays*). *Revista Universidade Rural. Série Ciências da Vida*, v.22, n.1, p.1-5.
- Frederiksen, R. A. (1991). Compendium of sorghum diseases. American *Phytopathology Society*: St. Paul, 82 p.
- Freitas Júnior, S. P. (2005). Capacidade combinatória em milho-pipoca por meio de dialelo circulante. *Dissertação* (Mestrado em Produção Vegetal), Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes.
- Freitas, I.L.J., Amaral Júnior, A.D., Freitas Júnior, S.P., Cabral, P.D.S., Ribeiro, R.M., Gonçalves, L.S.A. (2014). Genetic gains in the UENF-14 popcorn 48 population with recurrent selection. *Genetics and Molecular Research*, 13(1): 518-527.
- 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.
- Gauch Jr, H. G. (2013). A simple protocol for AMMI analysis of yield trials. *Crop science*, 53(5), 1860-1869.

- Goodman, M.M., Smith, J.S.C. (1987). Melhoramento e produção de milho. In: Botânica In: Paterniani, E., Viegas, G. P., Fundação C. Campinas: p. 41–78.
- Guadagnin, J. P. (2002). Milho pipoca. 2. ed. Porto Alegre: FEPAGRO, Circular técnica 09, 11p.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.D. (2010). Testers and combining ability. In: Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. New York: Springer, p. 383-423.
- Hooker, A. L. (1977). A second major gene locus in corn for chlorotic-lesion resistance to *Helminthosporium turcicum*. *Crop Science*, v.17, p.132-135.
- Hooker, A.L. (1963). Inheritance of chlorotic-lesion resistance to *Helminthosporium turcicum* in seeding corn. *Phytopathology*, v.53, p. 660-662.
- Human, P. M., Barnes, I., Craven, M., & Crampton, B. G. (2016). Lack of population structure and mixed reproduction modes in *Exserohilum turcicum* from South Africa. *Phytopathology*, **106**, 1386–1392. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-12-15-0311-R>.
- Jordan, E. G., Perkins, J. M., Schall, R. A., Pedersen, W. L. (1983). Occurrence of Race 2 of *Exserohilum turcicum* on Corn in the Central and Eastern United States. *Plant Disease* 67: 1163-1165.
- Kurosawa, R. N. F., Amaral Junior, A. T., Silva, F. H. L., Dos Santos, A., Vivas, M., Kamphorst, S. H., Pena, G. F. (2017). Multivariate approach in popcorn genotypes using the Ward-MLM strategy: morphoagronomic analysis and incidence of *Fusarium* spp. *Genet. Mol. Res.* 16: 1-12.
- Kurosawa, R.N.F., Vivas, M.; Amaral Junior, A.T.do, Ribeiro, R.M., Miranda, S.B., Pena, G.F., Leite, J.T., Mora, F. (2018). Popcorn germplasm resistance to fungal diseases caused by *Exserohilum turcicum* and *Bipolaris maydis*. *Bragantia*, 77: 36-47.
- Leonard, K. J., Suggs, E. G. (1974). *Setosphaeria prolata* is the Ascigenous State *Exserohilum prolata*. *Mycologia*. 66:181-297.

- Lyimo, H.J.F., Pratt, R.C., Mnyuku, R.S.O.W. (2011). Heritability and gene effect estimates for components of partial resistance to grey leaf spot of maize by generation mean analysis. *Plant Breeding*, 130: 633–639.
- Machado, J.R.A., Bermudez, F. (2020). Cultivares. In: Eicholz, E.D., Bredemeier, E.D.E.C., Bermudez, F., Machado, J.R.A., Garrafa, M., Bispo, N.B., Aires, R.F., *Informações técnicas para o cultivo do milho e sorgo na região subtropical do Brasil: safras 2019/20 e 2020/21*. Sete Lagoas: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, p. 112–123.
- Mafra, G.S., Amaral Júnior, A.T.D., Almeida Filho, J.E.D., Vivas, M., Santos, P.H.A.D., Santos, J.S., Pena, G.F., Lima, V.J., Kamphorst, S.H., Oliveira, F.T., Souza, Y.P., Shwantes, I.A., Santos, T.O., & Mora, F. (2019). SNP-based mixed model association of growth- and yield-related traits in popcorn. *PloS One*, 14(6): e0218552.
- Marchesan, C.B. (2008). Análise genética de um cruzamento dialélico parcial em pimentão visando caracteres agrônômicos e resistência ao oídio. *Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical)*, Instituto Agronômico de Campinas – IAC, 70 p.
- Meneghetti, R.C., Hoffmann, L.L. (2007). Pústulas do prejuízo. *Revista Cultivar Grandes Culturas*, Pelotas, 9(101): 08-09.
- Miranda, G.V., Souza, L.V., Fidelis, R.R., Godoy, C.L., Coimbra, R.R., de Melo, A.V., Guimarães, L.J.M. (2002). Reação de cultivares de milho-pipoca à helmintosporiose. *Revista Ceres*, 49(285): 513–521.
- Moterle, L. M., Braccini, A. L., Scapim, C. A., Pinto, R. J. B., Gonçalves, L. S. A., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A. T. (2012). Combining ability of popcorn lines for seed quality and agronomic traits. *Euphytica*, v. 185, n. 3, p. 337-347.
- Nowell, D.C., Laing, M.D. (1998). Evaluation of fungicides to control *Exserohilum turcicum* on sweetcorn in South Africa. *Journal of the Southern Africa Society for Horticultural Sciences*, Stellenbosch, 8(2): 65–69.
- Nurmburg, P.L., Souza, J.C., Ramalho, M.A.P., Ribeiro, P.H.E. (2000). Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em *topcrosses*. In: *Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas*, 1., Goiânia.

- Ogliari, J.B., Guimarães, M.A., Geraldi, I.O., Camargo, L.E.A. (2005). New resistance genes in the *Zea mays* - *Exserohilum turcicum* pathosystem. *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, 28: 435–439.
- Oliveira, A.L.B., Rodrigues, C.S., Silva, G.A.P., Sawazaki, E., Barros, V.L.N.P., Paterniani, M.E.A.G.Z. (2022). Combining ability and potential of S1 popcorn progenies for early selection. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 44(1): 1–9. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v44i1.55194>.
- Pammel, N.B., King, D.N., Bakke, E.K. (1910). Two barley blights. *Bulletin Stav. Pat. Veg. Deva*, 21: 1–62.
- Paterniani, M.E.A.G.Z., Fachini, C., Rodrigues, C.S. (2020). Innovation and specialty maize breeding for market niches in the state of São Paulo. *Brazilian Journal of Maize and*, <https://doi.org/10.18512/rbms2020v19e1202>.
- Pelmus, V., Crain, D., Craciud, X. (1986). Effect of some ecological factors on *Helminthosporium turcicum* on successive maize crop problem. *Protectia-Pkntelor*, 14: 119–132.
- Pereira, M.G.E., Amaral Júnior, A.T. (2001). Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1: 3–10. <https://doi.org/10.13082/1984-7033.v01n01a01>.
- Pilet-Nayel, M.L., Moury, B., Caffier, V., Montarry, J., Kerlan, M.C., Fournet, S., Durel, C.E., Delourme, R. (2017). Quantitative resistance to plant pathogens in pyramiding strategies for durable crop protection. *Frontiers in Plant Science*, 8: 1838.
- Pinto, N.F.J. de A. (2004). Controle químico de doenças foliares em milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 3(1): 134–138.
- Ramalho, M.A.P., Santos, J.B., Zimmermann, M.J.O. (1993). Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia – GO, 271 p.
- Rangel, R.M., Amaral Jr., A.T., Scapim, C.A., Freitas Jr., S.P., Pereira, M.G. (2008). Genetic parameters in parents and hybrids of circulant diallel in popcorn. *Genetics and Molecular Research*, 7: 1020–1030.

- Rangel, R.M., Amaral, A.T. Jr., Gonçalves, L.S.A., Freitas Júnior, S.P., Candido, L.S. (2011). Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho-pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Revista Ciência Agronômica*, 42: 473–481.
- Ribeiro, R.M., Amaral Jr., A.T., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Silva, T.R., Pena, G.F. (2012). Genetic progress in the UNB-2U population of popcorn under recurrent selection in Rio de Janeiro. *Genetics and Molecular Research*, 11: 1417–1423.
- Ribeiro, R.M., Amaral Júnior, A.T. do, Pena, G.F., Vivas, M., Kurosawa, R.N., Gonçalves, L.S.A. (2016). History of northern corn leaf blight disease in the seventh cycle of recurrent selection of an UENF-14 popcorn population. *Acta Scientiarum. Agronomy*, Maringá, 38(4): 447–455.
- Saluci, J.C.G. (2023). Avaliação de germoplasma de milho-pipoca e análise genética quanto a resistência à mancha de helmintosporiose maidis. Tese (Doutorado em Produção Vegetal). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 80p. Campos dos Goytacazes, RJ.
- Sangiovo, M.J.R., Basso, C.J., De Souza, F.M., Feltes, J.D., Drews, A.T.N., de Farias, M.S., Pasinatti, G.A., Leandro, E.V. de S., Vicente, D.M., Marinho, T.B. da S. (2021). Adaptabilidade e época de sementeira de milho-pipoca para a região Sul do Brasil. *Revista de Ciências Agrárias*, 44(4): 260–268.
- Santos, J.S. (2020) Controle genético e seleção de híbridos para resistência a múltiplas doenças foliares e características agronômicas em milho-pipoca. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 109p., Campos dos Goytacazes, RJ.
- Santos Junior, D.R. (2019) Capacidades combinatórias de linhagens de milho-pipoca para resistências à ferrugem polissora e à helmintosporiose, estimadas via *testcrosses*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) apresentada a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 102p., Campos dos Goytacazes, RJ.



- Santos, G.R. (2022). Adaptabilidade e Estabilidade Para Recomendação de Híbridos de Milho Potencialmente Resistentes a Múltiplas Doenças Foliares. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 60p. Campos dos Goytacazes, RJ.
- Sawazaki, E. (2001) A cultura do milho-pipoca no Brasil. *O Agrônomo*, v.53, n.2, p. 11–13.
- Sawazaki, E., Paterniani, M.E.A.Z., Galvão, J.C.C., Miranda, G. V. (2004). Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: Tecnologias de produção do milho, ed. da UFV. Viçosa: p. 13-53.
- Schmitt, K.F.M. (2017) Habilidade combinatória de linhagens endogâmicas de milho-pipoca para atributos agrônômicos e resistência à *Ferrugem polissora*. Dissertação (mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ.
- Shiomi, H.F., Melo, I.S., Minhoni, M.T. de A. (2015). Avaliação de bactérias endofíticas para o controle biológico da mancha foliar de *Exserohilum turcicum* em milho. *Plant Pathology / Scientific Article, Arq. Inst. Biol.*, São Paulo, 82: 1–4.
- Silva, W.J., Vidal, B.C., Martins, M.E.Q., Vargas, H., Pereira, A.C., Zerbetto, M., Miranda, L.C. (1993). What makes popcorn? *Nature*, 362: 417.
- Stangarlin, J.R., Tartaro, E.L., Pascholati, S.F. (2022). Characterization of *Exserohilum turcicum* infection sites in maize genotypes. *Rev. Caatinga*, Mossoró, 35(1): 1–13.
- Takamiya, Y., Shigeyuki, S. (2000). Varietal difference and genetic analysis of field resistance to Northern leaf blight in maize inbred lines. *Bulletin of Hokkaido Prefectural Agricultural Experiment Stations*, 78: 59–67.
- Thakur, R., Leonard, K., Leath, S. (1989). Effects of temperature and light on virulence of *Exserohilum turcicum* on corn. *Phytopathology*, 79: 631–635.

- Valadares, F.V. (2023). Diversidade genética de linhagens de milho-pipoca em um painel sul-americano. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 64p. Campos dos Goytacazes, RJ.
- Vasconcelos, L.C. (2021). Caracterização de linhagens de milho-pipoca para resistência à ferrugem polissora e qualidade da pipoca. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense, 58p. Campos dos Goytacazes, RJ.
- Vieira, R. A.; Mesquini, R. M.; Silva, C. N.; Hata, F. T.; Tessmann, D. J.; Scapim, C. A. (2013). A new diagrammatic scale for the assessment of northern corn leaf blight. *Cropprotv.* v.56, p. 55-57.
- Vieira, R. A. (2010). Melhoramento genético da resistência à helmintosporiose comum, cercosporiose e ferrugem-polissora em milho-pipoca. Dissertação (mestrado em Genética e Melhoramento), Universidade Estadual de Maringá, Paraná.
- 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. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000300025>.
- Vilarinho, A. A. (2001). Seleção de progênies endogâmicas S1 e S2 em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho-pipoca (*Zea mays* L.). Tese (Doutor em genética e melhoramento) – Viçosa, MG, Universidade Federal de Viçosa, 79p.
- Vivek, B. S., Odongo, O., Njuguna, J., Imanywoha, J., Bigirwa, G., Diallo, A., & Pixley, K. (2010). Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of 12 African maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Euphytica*, 172, 329–340.
- Wang, H., Xiao, Z.X., Wang, F.G., Xiao, Y.N., Zhao, J.R., zheng, Y.L., Qiu, F.Z. (2012) Mapping of HtNB, a gene conferring non-lesion resistance before heading to *Exserohilum turcicum* (Pass.), in a maize inbred line derived from the Indonesian variety Bramadi. *Genet Mol Res* 11:2523–2533.

- Welz, H.G.; Geiger, H.H. (2000) Genes for resistance to northern corn leaf blight in diverse maize populations. *Plant Breeding*, 119:1-14.
- Wordell, J., Do-Prado, L., Chiaradia, L., Madalóz, J., Nunes, C. (2016) Pragas e doenças do milho Diagnose, danos e estratégias de manejo. Boletim técnico Nº 170. EPAGRI. Pág. 56-57.
- Yan, W., & Holland, J. B. (2010). A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. *Euphytica*, 171(3), 355-369. <https://doi.org/10.1007/s10681-009-0030-5>.
- Yan, W., & Tinker, N. A. (2006). Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian journal of plant science*, 86(3), 623-645.
- Yang, R. C., Crossa, J., Cornelius, P. L., & Burgueño, J. (2009). Biplot analysis of genotype  $\times$  environment interaction: Proceed with caution. *Crop Science*, 49(5), 1564-1576.