

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS DE MILHO-
PIPOCA PARA RESISTÊNCIA A *Bipolaris maydis* E DESEMPENHO
AGRONÔMICO

ANA LUCIA RANGEL DE SOUZA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2025

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS DE MILHO-
PIPOCA PARA RESISTÊNCIA A *Bipolaris maydis* E DESEMPENHO
AGRONÔMICO

ANA LUCIA RANGEL DE SOUZA

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

Orientador: Prof. Marcelo Vivas

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2025

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

S729

Souza, Ana Lucia Rangel de.

Capacidade combinatória de linhagens de milho-pipoca para resistência a *Bipolaris maydis* e desempenho agrônômico / Ana Lucia Rangel de Souza. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.

68 f. : il.

Bibliografia: 46 - 54.

Dissertação (Mestrado 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. var. everta. 2. estresse biótico. 3. *testcrosses*. 4. melhoramento de plantas. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS DE MILHO-
PIPOCA PARA RESISTÊNCIA A *Bipolaris maydis* E DESEMPENHO
AGRONÔMICO

ANA LUCIA RANGEL DE SOUZA

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

Aprovada em 19 de fevereiro de 2025.

Comissão Examinadora:



Documento assinado digitalmente

AMANDA GONCALVES GUIMARAES

Data: 17/03/2025 09:51:28-0300

Verifique em <https://validar.it.gov.br>

Prof.^a Amanda Gonçalves Guimarães (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UFVJM

Dr. Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF

Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc. Produção Vegetal) - UENF

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

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho, primeiramente, a Deus a quem toda honra e glória pertencem. Aos meus pais, Jocilho e Ana Alice, e ao meu irmão Lucas.

Dedico com muito amor e carinho!

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, pois sem Ele eu não teria forças para lutar e nada disso seria possível, Ele é o autor do meu destino, meu socorro e meu refúgio;

Agradeço aos meus pais, Jocilho Benfeita de Souza e Ana Alice da Silva Rangel pelo amor incondicional, pela educação e pelo exemplo de dedicação e perseverança que sempre me transmitiram, me incentivando a seguir meus sonhos. Em especial, agradeço à minha mãe que esteve ao meu lado nos piores e melhores momentos, compartilhando minhas tristezas e vibrando com cada conquista. Essa vitória é nossa, mãe. Obrigada por nunca desistir de mim; você é, e sempre será, minha maior inspiração na vida;

Ao meu irmão Lucas Rangel de Souza com sua alegria, resiliência e coragem. Você é uma fonte de inspiração para mim. Você me ensina sobre a vida todos os dias. Você é luz na vida da nossa família;

Aos meus sogros, Maurício Paiva e Léa Paiva, pelo carinho, apoio e ajuda incondicional. Vocês ocupam um lugar muito especial em minha vida, e sou profundamente grata a Deus por tê-los ao meu lado;

Ao meu namorado, Igor de Oliveira Paiva, que nunca deixou de estar ao meu lado, me apoiando e ajudando nos momentos mais difíceis durante esse processo. Sua presença e apoio foram meu alicerce e fonte de força durante toda essa jornada. Sou imensamente grata por ter você ao meu lado;

Às minhas amigas Juliana Costa, Yara Gonçalves e Lara Fuly, vocês são o maior presente que a UENF me proporcionou e que levarei para toda a vida;

Às minhas amigas, Yasmim Aparecida e Aline Batista Valadão obrigada por todas as risadas, desabafos e choros;

Ao Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves agradeço por todos os conhecimentos compartilhados e pela constante disposição em me ajudar ao longo de toda a minha jornada acadêmica e de pesquisa;

Agradeço aos meus colegas e pós-doutorandos do laboratório, Yure, Rafael e Júlio, pelo apoio e pela ajuda na resolução de minhas dúvidas. Em especial, expresso minha gratidão ao Yure por toda a assistência prestada na etapa final do trabalho;

Ao meu orientador Marcelo Vivas, por toda acessibilidade e pela oportunidade de fazer parte do laboratório. Agradeço sinceramente por acreditar em mim, por tirar minhas dúvidas e por me aconselhar com sabedoria. Sua contribuição foi essencial para alcançar este objetivo, e sou imensamente grata por todo o apoio que recebi;

Aos meus amigos de trabalho no campo, Luana Vasconcelos, Marcelo Serafim, Hércules Santos e Geferson Rocha, e aos demais amigos do Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG). Sem o apoio e dedicação de vocês, estes experimentos não teriam saído do papel;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) meu agradecimento por tornar possível a realização de mais uma importante etapa da minha vida;

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

MUITO OBRIGADA!!!

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS.....	3
2.1 Objetivo Geral	3
2.2 Objetivos Específicos	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1 A cultura do milho-pipoca.....	4
3.2 Melhoramento de milho-pipoca na UENF	5
3.3 Mancha de helmintosporiose maidis	6
3.4 Melhoramento de plantas visando resistência a doenças	9
3.5 <i>Testcross</i>	11
4. MATERIAL E MÉTODOS	13
4.1 Material genético	13
4.2 Obtenção dos híbridos <i>testcrosses</i>	14
4.3 Área experimental	15
4.4 Delineamento experimental e tratos culturais	17
4.5 Características avaliadas	17
4.5.1 Severidade de <i>Bipolaris maydis</i>	17
4.5.2 Avaliação de rendimento de grãos	18
4.5.3 Avaliação da capacidade de expansão	19

4.6	Análise estatística	19
5.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	23
5.1	Análise de variância	23
5.2	Desempenho médio dos híbridos <i>testcrosses</i>	26
5.3	Análise em dialelo parcial e capacidades combinatórias	31
6.	CONCLUSÕES	45
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	46

RESUMO

SOUZA, Ana Lucia Rangel; MSc; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2025; CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS DE MILHO-PIPOCA PARA RESISTÊNCIA A *Bipolaris maydis* E DESEMPENHO AGRONÔMICO; Orientador: DSc. Marcelo Vivas; Conselheiros: DSc. Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves e D.Sc. Geraldo de Amaral Gravina.

A mancha foliar causada pelo fungo *Bipolaris maydis* representa uma das principais doenças que limitam a produtividade do milho-pipoca dentro do contexto agrícola brasileiro. O fungo diminui a área fotossintética das folhas, comprometendo o rendimento de grãos e a qualidade da pipoca. A resistência genética tem sido estudada e tem se apresentado como uma estratégia promissora para o controle da doença, permitindo desenvolver variedades e híbridos mais produtivos e resistentes. O objetivo deste estudo foi avaliar a capacidade de combinação de 18 linhagens e quatro testadores de milho-pipoca em *testcross* para resistência à mancha de helmintosporiose maidis (MHM) e os principais atributos agronômicos de interesse da cultura. Foram avaliados 72 híbridos de milho-pipoca em quatro ambientes no Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro (Campos dos Goytacazes I - RJ, Itaocara – RJ, Cambuci – RJ e Campos dos Goytacazes II – RJ), utilizando delineamento de blocos casualizados com duas repetições. Após o florescimento masculino, foi quantificado a severidade de *Bipolaris maydis* (SBm) na folha anexa à primeira espiga, em quatro plantas de cada parcela experimental. Ao final do ciclo da cultura, as espigas de cada parcela experimental foram colhidas, sendo quantificados o rendimento de grãos (RG) e a capacidade de expansão (CE).

Procedeu-se a análise de variância individual conjunta e a análise dialélica parcial com base no método 4 de Griffing (1956), adaptado a dialelos parciais em múltiplos ambientes. Com auxílio do índice de Mulamba e Mock foram selecionados os 20 híbridos superiores por ambiente considerando as três variáveis de estudo. Foram observadas altas estimativas de herdabilidade (h^2) para SBm, RG e CE, indicando a possibilidade de ganhos expressivos na seleção de genótipos superiores. Dentre os 20 híbridos superiores obtidos via índice de Mulamba e Mock, apenas dois híbridos foram capazes de apresentar as melhores médias para as três características avaliadas nos quatro ambientes, sendo eles a L691 x L690 e L80 x L690. O controle genético para as variáveis avaliadas no presente estudo foi governado por efeitos aditivos e não aditivos, com maior contribuição dos efeitos aditivos. O testador L322 foi o único que obteve estimativas promissoras de CGC para SBm em todos os ambientes avaliados. Entre as progenitoras femininas a L204, L292, L394 e L80 se destacaram por apresentar menores índices de doença nos quatro ambientes de estudo. Para RG, os testadores L690 e L76 obtiveram as melhores estimativas de CGC nos quatro ambientes. Entre as linhagens, a L381 e a L689 foram as únicas capazes de contribuir positivamente na CGC para RG nos quatro ambientes. Os testadores que simultaneamente obtiveram estimativas positivas de CGC para CE nos quatro ambientes foram o L322 e L690, enquanto cinco linhagens (L217, L294, L326, L357 e L691) demonstraram destaque com estimativas positivas de CGC para CE nos quatro ambientes.

Palavras-chave: *Zea mays* L. var. *everta*; estresse biótico; *testcrosses*; melhoramento de plantas.

ABSTRACT

SOUZA, Ana Lucia Rangel; M.Sc; State University of Northern Fluminense Darcy Ribeiro; february, 2025; COMBINING ABILITY OF POPCORN LINES FOR RESISTANCE TO *Bipolaris maydis* AND AGRONOMIC PERFORMANCE; Advisor: D.Sc. Marcelo Vivas; Co-advisors: D.Sc. Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves e D.Sc. Geraldo de Amaral Gravina.

The leaf spot caused by the fungus *Bipolaris maydis*, also known as Southern corn leaf blight (SCLB), is one of the main diseases limiting popcorn productivity within the Brazilian agricultural context. The fungus reduces the photosynthetic area of leaves, compromising grain yield and popcorn quality. Genetic resistance has been studied, and has shown promise as a strategy for disease control, enabling the development of more productive and resistant varieties and hybrids. This study aimed to evaluate the combining ability of 18 popcorn lines and four testers in testcrosses for resistance to Southern corn leaf blight (SCLB) and the main agronomic traits of interest in the crop. A total of 72 popcorn hybrids were evaluated across four environments in the northern and northwestern regions of Rio de Janeiro State, Brazil (Campos dos Goytacazes I, Itaocara, Cambuci, and Campos dos Goytacazes II) using a randomized complete block design with two replicates. After male flowering, disease severity (SBm) caused by *Bipolaris maydis* was quantified on the leaf adjacent to the first ear in four plants per experimental plot. The ears from each plot were harvested at the end of the crop cycle, and the grain yield (GY) and popping expansion (PE) were recorded. Individual and joint analyses of variance were performed as well as a partial diallel analysis based on Griffing's

method 4 (1956), adapted for partial diallels across multiple environments. Using the Mulamba and Mock index, the top 20 hybrids were selected per environment based on the three traits under study. High estimates of heritability (h^2) were observed for SBm, GY, and PE, indicating potential for significant gains in the selection of superior genotypes. Among the 20 superior hybrids identified using the Mulamba and Mock index, only two hybrids exhibited the best mean performance for all three traits across the four environments: L691 $\times$ L690 and L80 $\times$ L690. Genetic control of the evaluated traits was governed by both additive and non-additive effects, with a predominance of additive effects. Tester L322 was the only one to show promising estimates of general combining ability (GCA) for SBm across all environments. Among the female lines, L204, L292, L394, and L80 stood out for their low disease severity in all four environments. For grain yield, testers L690 and L76 had the best GCA estimates across environments. Among the lines, only L381 and L689 consistently contributed positively to the GCA for GY across all environments. Regarding popping expansion, testers L322 and L690 simultaneously showed positive GCA estimates in all four environments, while five lines (L217, L294, L326, L357, and L691) stood out with positive GCA estimates for PE across all environments.

Keywords: *Zea mays* L. var. *everta*; biotic stress; testcrosses; plant breeding.

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*) é um tipo especial de milho produzido exclusivamente para o consumo humano. No Brasil, a cultura apresenta grande importância e vem ganhando crescente destaque no mercado. O país é o segundo maior consumidor e produtor da cultura, ficando atrás apenas dos Estados Unidos da América. Em 2018 o Brasil produziu cerca de 260 mil toneladas da cultura, onde 85% da produção foi consumida no mercado interno gerando uma movimentação de US\$ 628 milhões (Pereira Filho e Borghi, 2019). Segundo Taguchi (2024), a produção de milho-pipoca no Brasil, no ano de 2024, foi de 382 mil toneladas, cultivadas em uma área de 85 mil hectares.

Embora com um mercado promissor no Brasil e com valor de comercialização mais elevado em relação ao milho comum, o milho-pipoca ainda apresenta alguns desafios para sua expansão no mercado interno (Kist et al., 2021). Essa situação decorre, principalmente, da escassez de opções de cultivares disponíveis no mercado de sementes, sendo essa a maior dificuldade enfrentada pelos produtores dessa cultura (Dutra, 2019). Além disso, as pesquisas voltadas para o melhoramento da cultura e para a resistência a doenças são relativamente recentes, o que limita o desenvolvimento da cultura no agronegócio brasileiro (Santos et al., 2016).

Uma das principais doenças foliares que causam danos à cultura é a mancha de helmintosporiose maidis (MHM), causada pelo fungo *Bipolaris maydis* Sivan (Nisik. & Miyake) Shoemaker [fase sexuada *Cochliobolus heterostrophus*

(Drechsler) Drechsler]. Em condições favoráveis ao desenvolvimento do fungo, há relatos de perdas superiores a 70% para o milho comum (Ngoko et al., 2002; Costa et al., 2014). Considerando o menor vigor e maior suscetibilidade do milho-pipoca a diversos tipos de pragas e doenças em relação ao milho comum, os danos tendem a ser ainda mais expressivos.

No Brasil, o controle da mancha de helmintosporiose maidis no milho-pipoca é realizado primordialmente por meio da resistência genética (Vieira et al., 2009; Ribeiro et al., 2016; Kurosawa et al., 2017; Jeevan et al., 2020; Saluci et al., 2023). Vale salientar que há uma quantidade limitada de produtos químicos registrados no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) para o controle do patógeno em questão. Diante dessa restrição, o melhoramento genético surge como uma opção estratégica e eficaz, contribuindo para a obtenção de genótipos mais produtivos, com alta capacidade de expansão e resistência às doenças foliares, reduzindo a dependência de defensivos agrícolas e promovendo uma produção mais sustentável (Saluci, 2019; Saluci et al., 2023).

A obtenção de genótipos resistentes e superiores dentro de um programa de melhoramento genético é um processo que requer tempo e recursos financeiros. Neste contexto, a utilização de cruzamentos *testcross* são vistos como uma boa opção, uma vez que possibilitam averiguar de modo mais rápido o desempenho de várias linhagens em cruzamentos específicos ou seu comportamento médio dentro de um grupo de linhagens (Hallauer et al., 2010), além disso contribuem para um melhor conhecimento da herança da resistência, sendo fundamental para a condução de programas de melhoramento mais eficientes. Uma das vertentes do Programa de Melhoramento genético de milho-pipoca da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) tem se dedicado à obtenção de genótipos que reúnam as principais características de interesse da cultura além de agregar resistência às doenças. Assim, o objetivo do presente estudo foi avaliar um conjunto de linhagens elite do Banco de Germoplasma da UENF quanto a resistência à mancha de helmintosporiose maidis e atributos agronômicos, contribuindo para as demandas dos consumidores, produtores e para uma agricultura mais sustentável.

2. OBJETIVOS

2.1. OBJETIVO GERAL

Estimar as capacidades combinatórias e avaliar o desempenho de um conjunto de linhagens elite de diferentes genealogias e seus respectivos híbridos *testcrosses*, com foco na resistência ao fungo *Bipolaris maydis* e atributos agronômicos.

2.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Estimar as capacidades gerais e específicas de combinação dos genitores e de suas combinações híbridas;
- Avaliar, identificar e selecionar híbridos *testcrosses* promissores quanto a resistência ao fungo *B. maydis*, rendimento de grãos e capacidade de expansão;
- Fomentar a pesquisa de melhoramento de milho-pipoca da UENF, com objetivo de contribuir para a seleção de materiais superiores quanto a resistência a doenças e com bons atributos agronômicos.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. A cultura do milho-pipoca

O milho-pipoca (*Z. mays* L. var. *everta*) é uma planta anual, alógama e monoica, pertencente à família das Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae e gênero *Zea*. Não há um consenso quanto a origem da cultura, mas a hipótese mais aceita e citada pressupõe que o milho-pipoca possui como ancestral o teosinto (*Zea mays* ssp. *parviglumis*), que foi sendo selecionado e modificado pelo homem ao longo dos anos (Goodman e Smith, 1987; Kistler et al., 2018).

Como particularidades a cultura apresenta sementes pequenas e duras que quando sob a ação do calor, estouram originando a pipoca (Pereira Filho et al., 2010). Em comparação ao milho comum, a planta do milho-pipoca é mais prolífica, possui sistema radicular com menor desenvolvimento, maior suscetibilidade a pragas e doenças e são superprecoces na maturação e secagem dos grãos, esses fatores colaboram para que a planta seja mais suscetível ao acamamento e ao estresse hídrico (Sawazaki, 2001).

No ranking mundial, o Brasil é o segundo maior produtor e consumidor de milho-pipoca, ficando atrás apenas dos Estados Unidos das Américas. Segundo Kist et al. (2021), o estado do Mato Grosso é o maior produtor de milho-pipoca no Brasil, retendo 80% da produção da cultura, onde no ano de 2019 obteve uma produção de 289,6 mil toneladas do grão. Além do estado do Mato Grosso, os estados do Rio Grande do Sul, São Paulo e Paraná também são produtores da

cultura. Estimativas apontam que no ano 2024, a área ocupada com a cultura foi de 85 mil hectares, com uma produção de 382 mil toneladas, volume suficiente para suprir a demanda interna e externa do país (Taguchi, 2024). A área semeada com a cultura apresenta oscilações no decorrer dos anos, diminuindo ou aumentando em função da demanda imposta pelo mercado (Voroniak, 2017).

Em relação ao milho comum, o milho-pipoca apresenta maior valor comercial, sendo um alimento popular entre os consumidores em todo o mundo, tornando-o mais interessante para os produtores, especialmente pela boa viabilidade para cultivo na safrinha (Freire et al., 2020). As características agronômicas de maior relevância para o milho-pipoca incluem o rendimento de grãos (RG) e a capacidade de expansão (CE). De acordo com o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), a CE é definida como a relação entre o volume de pipoca estourada e o peso de grãos utilizado, expressa em mL/g⁻¹, sendo estabelecido um valor mínimo de 30 mL/g⁻¹ para esta variável. Entretanto, devido a fatores como condições climáticas adversas, incidência de doenças, e o uso limitado de tecnologias, as cultivares nacionais frequentemente enfrentam desafios para alcançar alta produtividade e capacidade de expansão adequada (Bernardo Gonçalves et al., 2019; Saluci et al., 2023).

Considerando o aumento da produtividade de grãos, a melhoria da qualidade do produto final, relacionada à capacidade de expansão, e a resistência a doenças, os programas de melhoramento têm trabalhado com o intuito de desenvolver variedades mais resistentes aos estresses bióticos, abióticos e com características agronômicas favoráveis, reduzindo assim as importações e consolidando a produção da cultura internamente nas diversas regiões do país (Silva et al., 2010; Silva et al., 2013).

3.2. Melhoramento de milho-pipoca na UENF

Embora o Brasil tenha alcançado autonomia na produção e comercialização do milho-pipoca, a produção nacional ainda é majoritariamente produzida a partir de sementes importadas de híbridos norte-americanos registrados em território brasileiro (Silva, 2023). Geralmente as grandes empresas empacotadoras disponibilizam aos produtores sementes e assistência técnica, ficando o produtor responsável por entregar toda a produção com preço já pré-

estabelecido. Toda semente disponibilizada aos produtores é melhorada e produzida no exterior (Silva, 2023).

A disponibilização de cultivares nacionais adaptadas às condições climáticas brasileira tem se mostrado necessária. Atualmente algumas instituições públicas de pesquisa têm desenvolvido linhas de pesquisa com melhoramento do milho-pipoca a fim de diminuir a dependência dos produtores dos genótipos importados, principalmente dos Estados Unidos.

O melhoramento de milho-pipoca iniciou-se no Brasil entre os anos de 1982 e 1984 (Sawazaki, 2010). Na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), o Programa de Melhoramento de milho-pipoca teve seu início em 1998 com a introdução do composto indígena doado pelo professor Joachim Friedrich Wilhelm Von Bülow, o UNB-1. O composto UNB-1 então foi cruzado com uma variedade de milho-pipoca americana, resultando em uma progênie resistente a helmintosporiose (*Exserohilum turcicum*) e com alto rendimento de grãos. A população obtida foi submetida a dois ciclos de seleção massal e a três retrocruzamentos com uma variedade americana de milho-pipoca, originando a população UNB-2 (Pereira e Amaral Júnior, 2001).

A população UNB-2 foi submetida a dois ciclos de seleção massal, originando assim a população UNB-2U. Essa população foi submetida a cinco ciclos de seleção recorrente intrapopulacional dando origem a cultivar UENF-14, a primeira lançada pelo Programa de Melhoramento da UENF (Amaral Junior et al., 2013).

Atualmente a UENF é detentora de 23 cultivares descritas no Registro Nacional de Cultivares (RCN) do Ministério de Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA). O programa atua principalmente nas linhas de pesquisa para melhoramento com seleção recorrente genômica (Mafra et al. 2021), melhoramento para estresses abióticos (Lima et al., 2021; Santos et al., 2022; Amaral Junior et al., 2023; Souza et al., 2023) e melhoramento para estresses bióticos (Mafra et al., 2018; Santos et al., 2020; Saluci et al., 2023).

3.3. Mancha de helmintosporiose maidis

Uma das doenças foliares descritas na cultura do milho é a mancha de helmintosporiose maidis (MHM), causada pelo fungo *Bipolaris maydis* Sivan (Nisik.

& Miyake) Shoemaker [fase sexuada *Cochliobolus heterostrophus* (Drechsler) Drechsler]. O fungo do filo Ascomycota é considerado uma ameaça potencial à produção global de milho, em virtude da ampla distribuição mundial do patógeno (Jeevan et al., 2020).

A MHM é encontrada em todas as áreas produtoras de milho no mundo. A doença foi descoberta nos Estados Unidos no ano de 1923, sendo nesta época de pouca importância para a cultura, mas em 1970 ganhou grande notoriedade em virtude das proporções epidêmicas causada nos Estados Unidos e no Sul do Canadá. Cerca de 85% das plantações de milho dos Estados Unidos eram plantadas com cultivares que possuíam o citoplasma T (Texas), o qual conferia a condição de macho-esterilidade às plantas, todavia, essas cultivares apresentavam alta suscetibilidade à raça T do fungo *B. maydis*. Estima-se que nas áreas mais afetadas, a doença causou perdas superiores a 1 bilhão de dólares (Bruns, 2017).

No Brasil, não há registros de epidemias de grande magnitude ocasionadas por *B. maydis*, embora em 1970 a doença tenha sido relatada no país, esta não trouxe danos compatíveis àquelas observadas nos Estados Unidos no mesmo ano (Ullstrup, 1972). Embora pouco relatada, a macha de helmintosporiose maidis vem sendo detectada com grande severidade em alguns estados do país, como Mato Grosso, Goiás, Rondônia e Tocantins (Costa et al., 2014). Além do milho, o fungo também se encontra presente no capim Tanzânia (*Panicum maximum*), *Brachiaria foliosa*, *Cymbopogon martini*, *Oriza sativa*, *Sorghum bicolor*, dentre outras espécies (Martinez-Franzener, 2006; Manamgoda et al., 2011; Manamgoda et al., 2014).

No milho, o fungo contém três raças fisiológicas descritas, nomeadamente raças “T”, “O” e “C”. A raça “O” é mais distribuída mundialmente causando lesões do tipo pequenas e ovaladas no início da doença, que, com o passar do tempo tornam-se alongadas, com coloração palha desenvolvendo-se nas limitações das nervuras. Os sintomas da raça T são semelhantes às lesões causadas pela raça O, sendo que nesse caso as lesões podem ocorrer nas folhas e espigas, nas folhas as lesões são ovais de coloração marrom escuras e nas espigas o fungo atua causando podridão. A raça C caracteriza-se por lesões necróticas estreitas e alongadas (Costa et al., 2014).

A doença apresenta caráter policíclico, ou seja, o fungo pode completar mais de um ciclo ao longo do ciclo de vida do hospedeiro. A disseminação da doença fúngica na lavoura ocorre através do vento e respingos de água da chuva.

Quando na ausência do hospedeiro, o fungo sobrevive nos restos culturais do cultivo anterior em forma de micélio e esporos até o próximo cultivo da cultura (Costa et al., 2014; Kutawa et al., 2021).

O *B. maydis* possui maior relevância em regiões de clima tropical quente e úmido e também em regiões temperadas. Temperaturas entre 20 e 30°C associadas ao baixo nível de resistência da variedade de milho utilizada proporcionam grandes chances de perda na produtividade e consequente dano econômico. Partindo do princípio de que a cultura do milho-pipoca apresenta grande suscetibilidade a doenças, a presença deste patógeno na lavoura pode reduzir drasticamente a produtividade da cultura (Saluci et al., 2023). Em regiões de clima tropical quente e úmido e regiões de clima temperado há relatos de perdas superiores a 70% para o milho comum. O prejuízo econômico causado pelo fungo está diretamente atrelado à severidade dos sintomas, bem como o estágio fenológico da planta na época de infecção (Casela et al., 2006; Costa et al., 2014; Chagas et al., 2015).

Duas são as formas de controle mais utilizadas para atenuar os impactos da doença: uso de agroquímicos e genótipos com potencial de resistência. Algumas pesquisas têm alcançado resultados promissores para o uso de controle químico ao redor do mundo (Chen et al., 2018; Dai et al., 2018), entretanto o controle químico quando usado de forma extensiva pode gerar resistência do patógeno ao fungicida, causar impactos negativos ao meio ambiente e onerar os custos de produção da cultura. Neste contexto, a resistência genética surge como alternativa promissora e ambientalmente sustentável para o controle da doença (Chagas et al., 2015; Jeevan et al., 2020; Ferreira et al., 2024).

A busca por genótipos com potencial de resistência a *B. maydis* tem sido documentada em vários grupos de pesquisa no Brasil e no mundo. No entanto, até o momento, não há cultivares de milho-pipoca registradas no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) que sejam reconhecidas como resistentes a este patógeno. Kurosawa et al. (2017), investigaram o desempenho de 37 genótipos de milho-pipoca com relação a doenças fúngicas foliares causadas por *E. turcicum* e *B. maydis* a fim de selecionar genótipos promissores como fonte de resistência genética, visando gerar novas cultivares resistentes para os agricultores e concluíram que três acessos foram superiores como fontes de resistência para *B. maydis*.

Amaral Júnior et al. (2019), avaliaram a incidência e a severidade da mancha de helmintosporiose maidis em 25 linhagens de milho-popoca (S7) cultivadas em condições de alto e baixo teor de fósforo. Como resultado obtiveram duas linhagens como as de melhor desempenho quanto a resistência ao fungo em ambos os ambientes, podendo estas gerar híbridos promissores.

Saluci et al. (2023), investigaram o desempenho de linhagens endogâmicas de milho-pipoca no estádio S7, quanto a resistência a MHM, potencial de rendimento de grãos e capacidade de expansão, obtendo cinco linhagens com maior potencial para obtenção de híbridos, as quais apresentaram desempenho superior tanto para capacidade de expansão quanto para resistência a *B. maydis*.

Thakur et al. (2023) trabalharam com o objetivo de desenvolver linhagens endogâmicas de milho-pipoca com alta capacidade de expansão e com resistência à mancha de helmintosporiose maidis usando seleção assistida por marcadores moleculares e obtiveram genótipos com potencial de resistência.

Ferreira et al. (2024), caracterizaram o isolado CF/UENF 501 de *B. maydis* quanto à sua morfologia, patogenicidade em diferentes linhagens de milho-pipoca e os sintomas gerados no hospedeiro após a inoculação e obtiveram três linhagens como potenciais fontes de resistência à mancha de helmintosporiose maidis.

3.4. Melhoramento de plantas visando resistência a doenças

A utilização de genótipos com potencial de resistência apresenta-se como uma das estratégias mais eficazes para a prevenção das doenças, uma vez que contribui diretamente para minimizar ou eliminar a aplicação de agroquímicos, os quais podem causar danos ambientais e onerar os custos de produção da cultura (Borém et al., 2021).

Proposto inicialmente por Parlevliet (1979), o termo resistência genética refere-se à habilidade que o hospedeiro possui de suprimir ou atrasar o desenvolvimento e o crescimento de um patógeno. Quando a produção de esporos é impedida, a resistência é chamada “completa”, por outro lado, quando há a produção de esporos, mas a planta demonstra a capacidade de se recuperar, a resistência é classificada como “parcial”.

Para a obtenção de uma cultivar resistente, é essencial compreender o controle genético envolvido. Quando o controle genético é do tipo dominante-

recessivo, e a resistência se aplica a raças específicas para uma ou algumas raças do patógeno, sendo o controle realizado por poucos genes, tem-se a resistência vertical. Já quando a resistência é inespecífica contra todas as raças do patógeno e controlada por um grande número de genes, ela é denominada como resistência horizontal (Sabato e Teixeira, 2015).

Para desenvolver cultivares resistentes, deve-se primeiramente identificar possíveis fontes de resistência. Identificada a fonte de resistência nas linhagens, é possível fazer uso das mesmas como genitores com o intuito de desenvolver híbridos resistentes a partir de um ou apenas alguns cruzamentos. Dentro de um programa de melhoramento genético com ênfase na resistência genética a doenças, o conhecimento dos efeitos gênicos responsáveis por governar a resistência, possibilitam uma abordagem otimizada das estratégias de melhoramento, contribuindo, assim, para a obtenção de ganhos seletivos desejáveis e de segregantes superiores. Neste contexto, avaliações dos efeitos genéticos aditivos e de dominância oriundos de métodos de cruzamentos como dialelos e *testcross*, viabilizam a compreensão da base genética das populações em investigação, possibilitando a implantação da estratégia de seleção mais eficaz a fim de identificar cultivares de interesse agrônomo (Silva et al., 2001).

Kumar et al. (2016) em trabalho realizado para estudo da herança e fontes de resistência à mancha de helmintosporiose maidis em milho indicou que a natureza de resistência a mancha foliar causada pelo fungo *B. maydis* é quantitativa de ação gênica dominante, sendo assim devendo ser explorado métodos de melhoramento que explorem esse tipo de resistência.

Santos et al. (2019) investigaram os efeitos gênicos e as capacidades combinatórias em milho-pipoca, com abordagem para a resistência ao fungo *Bipolaris maydis* em um conjunto de 56 híbridos (F1's e recíprocos) obtidos de cruzamentos dialélicos completos e concluíram ausência de efeito recíproco para as características avaliadas, uma vez que não houve efeito significativo desta fonte de variação na análise dialélica. Além disso, observaram no estudo que para a incidência e a severidade os componentes de dominância foram superiores aos de aditividade.

Kurosawa et al. (2020), trabalharam a fim de investigar a capacidade genética adaptativa de plantas de milho-pipoca em relação à ocorrência da mancha de helmintosporiose maidis em ambientes contrastantes quanto à disponibilidade

de nitrogênio. Os autores observaram que os efeitos genéticos dominantes prevaleceram na expressão da resistência à mancha de helmintosporiose maidis e propuseram o aproveitamento do efeito heterótico contido na combinação L77 X P7 que se destacou para a resistência ao fungo nas condições avaliadas.

Saluci (2019), avaliou o desempenho de linhagens de milho-pipoca de diferentes genealogias quanto à resistência ao fungo *Bipolaris maydis* e aos atributos agronômicos e concluiu ser possível identificar linhagens como fontes de resistência ao fungo e com bom potencial agronômico, obtendo um grupo de dez linhagens promissoras para resistência ao patógeno.

3.5. *Testcross*

A aplicação de delineamentos genéticos permite a inferência das capacidades combinatórias entre genitores, permitindo deduzir a ação gênica predominante envolvida na expressão dos caracteres de interesse (Maphumulo et al., 2021). Dentre os métodos de delineamento genéticos está o cruzamento *testcross* desenvolvido por Davis (1927), que tinha inicialmente como finalidade realizar estimativas sobre a capacidade de combinação entre linhagens. No âmbito desse método, Davis (1927) sugeriu que as linhagens objeto de estudo fossem cruzadas com um testador comum.

A obtenção dos híbridos *testcross* é realizado fazendo-se o cruzamento de um ou mais genótipos testadores com uma série de linhagens ou progênies a serem avaliadas. Após a obtenção dos híbridos *testcross*, estas então são avaliadas para estimar as capacidades gerais e específicas dos híbridos formados, eliminando aqueles que apresentam baixo desempenho agronômico (Sawazaki et al., 2004; Borém e Miranda, 2013).

A escolha das linhagens testadoras é uma decisão chave dentro do método *testcross*, sendo esta escolha feita de forma empírica na maioria das vezes, considerando apenas a intuição do melhorista e sua experiência. Um bom testador é aquele que demonstra confiabilidade nas informações referente ao desempenho das linhagens e apresenta facilidade de uso. A quantidade de pólen é um atributo essencial na escolha do testador, pois a baixa produção de pólen inviabiliza a eficiência dos cruzamentos (Duarte et al., 2003; Araújo, 2014).

No *testcross* a avaliação é realizada por meio da capacidade de combinação das linhagens com o testador. Os conceitos de Capacidade Geral de Combinação (CGC) e Capacidade Específica de Combinação (CEC) são importantes para a caracterização de genitores utilizados em cruzamentos (Santos Junior, 2019). A Capacidade Geral de Combinação está relacionada aos efeitos aditivos, enquanto que a Capacidade Específica de Combinação está associada aos efeitos não-aditivos, incluindo a dominância e a epistasia (Sprague e Tatum 1942; Ramalho et al., 1993; Cruz et al., 2014).

O processo de melhoramento do milho caracteriza-se por ser demorado e possuir alta demanda de recursos (financeiros e humanos), constituindo como os fatores limitantes para o melhoramento da cultura. Nesse cenário, o *testcross* se torna uma boa opção para os programas de melhoramento, uma vez que possibilita averiguar o desempenho de várias linhagens para obtenção de um híbrido (Hallauer et al., 2010; Paterniani et al., 2010)

Santos Junior et al. (2022), avaliaram 75 híbridos *testcrosses* quanto às características rendimento de grãos, capacidade de expansão e à resistência genética a múltiplas doenças foliares. Os resultados da pesquisa apontaram que o uso de *testcross* foi eficiente na discriminação *per se* das linhagens e testadores de milho-pipoca avaliados. Além disso, o estudo destacou cinco linhagens com potencial de resistência para as três doenças estudadas, bem como uma combinação híbrida promissora para as características agronômicas e baixa incidência e severidade às três manchas foliares. Estudos anteriores utilizaram delineamento genético em *testcross* para investigar características de maior interesse econômico na cultura (Seifert et al., 2006; Viana et al., 2007; Scapim et al., 2008). No entanto, pesquisas que abordem simultaneamente características agronômicas e resistência genética a doenças ainda são limitadas. Esse contexto justifica a realização do presente estudo, que possui como objetivo não apenas estudar as características de maior relevância econômica, mas também investigar a resistência a uma das principais doenças que impactam a cultura

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material genético

As linhagens utilizadas para compor os híbridos *testcrosses* foram selecionadas a partir da avaliação *per se* de 190 linhagens de milho-pipoca, conduzida em experimentos prévios pelo grupo de pesquisa (Saluci et al., 2024). Nesses estudos, as linhagens foram avaliadas individualmente quanto a diversas características agronômicas, incluindo resistência a doenças (helmintosporiose maidis, helmintosporiose comum, ferrugem polissora e podridão da espiga), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE) nas safras de inverno e verão no Colégio Agrícola Antônio Sarlo, localizado em Campos dos Goytacazes – RJ. As linhagens superiores em relação a esses atributos, foram escolhidas para participar do cruzamento em *testcross*, com o objetivo de gerar híbridos com potencial elevado para essas mesmas características. Dentro das 190 linhagens que compõem o Banco de Germoplasma de milho-pipoca da UENF, foram selecionadas 18 linhagens (genitoras femininas) e quatro testadores (genitores masculinos), com o objetivo de formar um conjunto de 72 híbridos (Tabela 1 e 2).

Tabela 1. Relação dos testadores (genitores masculinos) selecionados para a obtenção de híbridos *testcrosses* de milho-pipoca, com informações sobre a população de origem, capacidade de expansão (CE), rendimento de grãos (RG) e severidade de *Bipolaris maydis* (SBm) (Saluci et al., 2024).

Genitores masculinos				
Genótipo	População de origem	CE (mL.g ⁻¹)	RG (Kg.h ⁻¹)	SBm (%)
L291	URUG	24,2	1.374	1,61
L322	Barão de Viçosa	32,2	902,0	3,27
L690	UENF 14	31,7	1.245	1,98
L76	Viçosa	25,0	2.017	2,54

Tabela 2. Relação das linhagens (genitoras femininas) selecionadas para a obtenção de híbridos *testcrosses* de milho-pipoca, com informações sobre a população de origem, capacidade de expansão (CE), rendimento de grãos (RG) e severidade de *Bipolaris maydis* (SBm) (Saluci et al., 2024).

Genitoras femininas				
Genótipos	População de origem	CE (mL.g ⁻¹)	RG (Kg.h ⁻¹)	SBm (%)
L204	IAC 125	23,3	1.025	2,23
L207	IAC 125	28,0	711,0	6,71
L216	IAC 125	23,3	1.017	3,8
L217	IAC 125	27,1	1.180	4,51
L221	IAC 125	29,1	1.080	5,05
L292	URUG 298	25,0	2.417	1,54
L294	URUG 298	26,5	860,0	4,46
L325	Barão de Viçosa	27,6	773,0	2,81
L326	Barão de Viçosa	28,2	1.356	0,95
L332	Barão de Viçosa	25,8	735,0	2,49
L357	PR 023	29,0	699,0	2,16
L381	SAM	25,5	2.068	3,02
L383	SAM	23,0	1.031	3,93
L386	SAM	26,8	960,0	3,6
L394	SAM	19,7	726,0	1,01
L689	UENF 14	23,1	1.460	3,42
L691	UENF 14	30,2	872,0	2,09
L80	Viçosa	20,08	681,9	4,17

4.2. Obtenção dos híbridos *testcrosses*

Os híbridos foram obtidos entre os meses de setembro e dezembro de 2021, em área experimental do Colégio Agrícola Antônio Sarlo, localizado em

Campos dos Goytacazes – RJ. Para a compor os híbridos, 18 linhagens S7 (genitoras femininas) foram cruzadas com quatro testadores (L291, L322, L690 e L76 – genitores masculinos), resultando em um total de 72 híbridos (Tabela 1 e Tabela 2).

As linhagens foram semeadas manualmente em três linhas de 9 m de comprimento, espaçadas 1,0 m entre linhas e 0,45 m entre plantas, utilizando-se três sementes por cova. Passados 20 dias após a semeadura foi realizado o desbaste, mantendo-se uma planta por cova, totalizando ao final 20 plantas por linha. As linhagens testadoras foram semeadas em três linhas de 36,0 m de comprimento cada, com espaçamento de 1,0 m entre linhas e 0,45 m entre plantas. As linhas testadoras foram semeadas de forma escalonada, adotando-se um intervalo de semeadura entre linhas de oito dias, de modo a garantir constante produção de pólen no decorrer dos cruzamentos para obtenção dos híbridos *testcrosses*. As adubações foram realizadas mediante a recomendação para a cultura, assim como o controle de plantas daninhas e insetos-pragas.

Os cruzamentos foram realizados manualmente. As linhas femininas foram as receptoras de pólen, e as linhas testadoras as doadoras de pólen. Durante o florescimento das linhas femininas, as espigas superiores foram protegidas antes da emergência dos estigmas com saquinhos plásticos transparentes. Após a identificação de espigas protegidas e receptivas ao pólen, os pendões das linhas testadoras foram cobertos com sacolas de papel Kraft 24h antes da realização do cruzamento. Os cruzamentos foram realizados utilizando-se um bulk de pólen coletado de várias plantas do mesmo testador. As polinizações das linhagens femininas foram realizadas, protegendo-as com sacolas de papel 'Kraft', garantindo sua proteção segura até o momento da colheita.

4.3. Área experimental

Quatro experimentos foram realizados em três municípios do estado do Rio de Janeiro, Brasil. O primeiro ocorreu entre março e junho de 2022 na Estação Experimental da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), situada no Colégio Agrícola Estadual Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, com coordenadas geográficas de 21° 45' de latitude sul, 41° 20' de longitude oeste e a uma altitude de 11 metros. O segundo ocorreu entre setembro

e dezembro de 2022 na Unidade Experimental da UENF na Ilha do Pomba, em Itaocara, com coordenadas geográficas de 21°40' de latitude sul, 42°04' de longitude oeste e a uma altitude de 76 metros. O terceiro experimento foi conduzido 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 e último experimento foi realizado de setembro de 2023 a janeiro de 2024, novamente no Colégio Agrícola Estadual Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes. Os dados de temperatura, umidade e precipitação são apresentados na Figura 1.

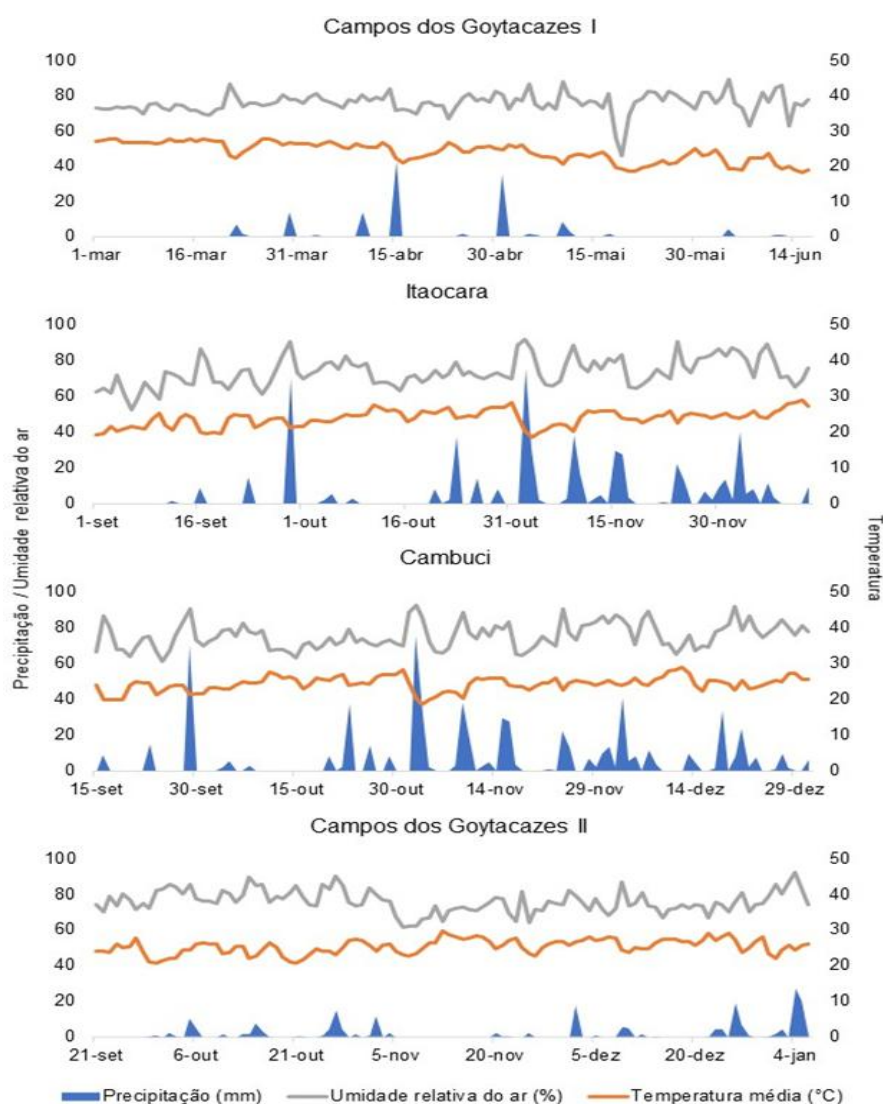


Figura 1. Dados de precipitação, umidade relativa do ar e temperatura dos ambientes utilizados para a avaliação de 72 híbridos *testcrosses*. Dados processados a partir do Banco de dados Meteorológicos do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET) durante o período em que os ensaios foram conduzidos a campo.

Para Campos dos Goytacazes I, a precipitação total observada durante o período do experimento a campo foi de 139,4 mm. Para o mesmo ambiente, a temperatura média foi de 24,0°C, enquanto a umidade relativa média alcançou 75,6%. Para o ambiente de Itaocara, a temperatura média registrada foi de 23,8°C, umidade relativa de 73,4% e precipitação total observada de 558,2 mm. Já em Cambuci, a precipitação total alcançou 869,8 mm, enquanto a temperatura média foi de 24,2°C e a umidade relativa média de 75,9%. Em Campos dos Goytacazes II, a precipitação total foi de 224,8 mm, com temperatura média de 25,5°C e a umidade média 75,9%.

4.4. Delineamento experimental e tratos culturais

Os híbridos *testcrosses* foram conduzidos a campo sob delineamento de blocos casualizados com duas repetições, em quatro ambientes. Cada parcela 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 adicionadas três linhas de bordadura externas às parcelas experimentais.

As áreas destinadas à semeadura passaram pelos processos de aragem e gradagem. A adubação na semeadura foi realizada com 80 g por metro linear de N-P-K na formulação 04-14-08, aplicados no sulco. A semeadura foi realizada de forma manual, utilizando-se duas sementes por cova. Aproximadamente 20 dias após a semeadura, foi realizado o desbaste, mantendo-se uma planta por cova. As adubações de cobertura foram realizadas aos 20 e 40 dias após a semeadura, com a aplicação de 20 g de ureia por metro linear no sulco. Os experimentos foram irrigados por aspersão até o período de maturação fisiológica dos grãos. Para a limpeza das respectivas áreas experimentais foram realizadas capinas manuais. O manejo de pragas foi realizado mediante ao uso de inseticidas regularmente registrados no AGROFIT. Não foi utilizado nenhum tipo de fungicida, garantindo assim o desenvolvimento da doença por infecção natural.

4.5. Características avaliadas

4.5.1. Severidade de *Bipolaris maydis*

A severidade de *Bipolaris maydis* (SBm) foi avaliada visualmente na folha anexa à espiga mais alta, com auxílio da escala diagramática proposta por James (1971), na qual os valores percentuais para a área lesionada são de 1%, 5%, 25% e 50%, respectivamente (Figura 2). As estimativas de severidade foram coletadas em quatro plantas alternadas dentro de cada parcela experimental, desconsiderando as quatro primeiras e as quatro últimas plantas de cada parcela. Foram realizadas três avaliações, após o florescimento masculino, respeitando intervalo de 10 dias entre cada avaliação.



Figura 2. Escala diagramática proposta por James (1971), para estimativa da severidade de *B. maydis*.

Dentre as três avaliações de severidade coletadas para cada tratamento, apenas a maior estimativa observada foi utilizada na análise estatística, representando o pico máximo de severidade registrado em cada tratamento avaliado.

4.5.2. Avaliação de rendimento de grãos

O rendimento de grãos (RG) foi quantificado a partir da colheita de todas as espigas de cada parcela experimental. As espigas colhidas foram limpas e posteriormente debulhadas. Após a debulha, os grãos foram submetidos ao

processo de triagem pelo sistema de peneiras. Apenas os grãos retidos na peneira de 5 mm (diâmetro comercial) tiveram sua massa aferida. A massa dos grãos de cada parcela foi então corrigida para 13% de umidade e convertida para t.ha⁻¹, considerando a área útil e estande de cada parcela experimental.

4.5.3. Avaliação da capacidade de expansão

A capacidade de expansão (CE) foi determinada com auxílio da pipoqueira elétrica Cadence, modelo POP205, com potência de 1200W. Foram preparadas duas amostras de 30 g de cada tratamento. Cada amostra foi submetida ao processo de pipocamento por dois minutos e dez segundos. O volume da pipoca expandida foi determinado utilizando-se uma proveta de 1000 ml. A CE, foi determinada pela razão entre o volume da pipoca expandida (ml) e o peso da amostra de grãos (g). O valor final da CE foi obtido pela média das duas amostras de cada unidade experimental.

4.6. Análise estatística

Pretendendo-se averiguar a homogeneidade das variâncias residuais, os dados de todas as características foram submetidos à análise de variância para cada ambiente (ANOVA individual). Para tanto, o seguinte modelo estatístico foi adotado:

$$y_{ij} = m + b_j + g_i + \varepsilon_{ij}$$

Onde:

Y_{ij} : valor fenotípico do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

m : constante geral da característica;

b_j : efeito do j-ésimo bloco;

g_i : efeito do i-ésimo genótipo;

ε_{ij} : erro experimental associado à observação y_{ij} .

De posse dos quadrados médios dos resíduos de todas as variáveis, obtidos da ANOVA individual, procedeu-se a análise da homogeneidade das

variâncias residuais através do teste de Hartley (1950), ou seja, foi feita a razão do maior pelo menor quadrado médio do resíduo para cada variável e verificou-se que para RG e CE a razão foi menor que 7 e, portanto, as variâncias foram consideradas homogêneas, o que possibilitou a análise de variância conjunta dos quatro ambientes. No entanto, para SBm a ANOVA conjunta só foi possível ser realizada para três dos quatros ambientes (Campos dos Goytacazes I, Itaocara e Cambuci). O ambiente Campos dos Goytacazes II apresentou variância residual muito discrepante dos demais e, assim, foi analisado individualmente. Dessa forma, procedeu-se análise de variância conjunta, considerando o efeito de genótipos como aleatório e de ambientes como fixo, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + (b/a)_{jk} + a_j + g_i + ga_{ij} + e_{ijk}$$

Onde:

Y_{ijk} : = é a observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente no k-ésimo bloco;

m = média geral do ensaio;

b/a_{jk} = é o efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente;

a_j = efeito fixo do j-ésimo ambiente;

g_i = efeito aleatório do i-ésimo genótipo;

ga_{ij} = efeito aleatório da interação entre o i-ésimo genótipo e o j-ésimo ambiente j;

e

e_{ijk} = k é o efeito do erro aleatório experimental associado à observação Y_{ijk} .

A herdabilidade (h^2) foi estimada de acordo com a seguinte expressão:

$$h^2 = \frac{(QM_g - QM_r)}{QM_g} \times 100$$

Onde:

h^2 : Herdabilidade no sentido amplo;

QM_g : Quadrado médio do genótipo; e

QM_r : Quadrado médio do resíduo.

Após a análise de variância conjunta, os dados foram submetidos ao teste de agrupamento de médias de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Para a seleção dos 20 híbridos superiores para as três variáveis avaliadas simultaneamente, foi

utilizado o índice de seleção de soma de postos de Mulamba e Mock (1978), o qual foi calculado para cada ambiente de acordo com a seguinte expressão:

$$I = \sum_k ar_{ik}$$

Onde:

ar_{ik} é o posto da progênie i para a característica k .

Após a obtenção dos 20 híbridos superiores pelo índice de Mulamba e Mock (1978) em cada ambiente, foi construído um diagrama de Venn para auxiliar na seleção dos melhores híbridos entre os ambientes. Os 20 híbridos superiores para cada ambiente foram plotados no diagrama de Venn com o auxílio do pacote “VennDiagram” disponível no software estatístico R.

A análise do dialelo parcial foi realizada com base no método 4 de Griffing (1956), adaptado a dialelos parciais em múltiplos ambientes. Para RG e CE análise conjunta foi realizada para os quatro ambientes, enquanto para SBm a análise conjunta foi feita considerando apenas três ambientes, uma vez que o ambiente Campos dos Goytacazes II apresentou discrepância residual e por este motivo foi analisado de forma individual. O modelo genético-estatístico adotado da análise conjunta foi o seguinte:

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

Onde:

Y_{ijk} : valor médio observado da combinação híbrida entre a i -ésima progênie S7 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 o i -ésimo testador com a j -ésima linhagem;

ga_{ik} : efeito da interação entre a capacidade geral de combinação do i-ésimo 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 o i-ésimo testador e o j-ésima linhagem com o k-ésimo ambiente; e

$\bar{e}_{ijk}$: erro experimental médio, obtido a partir da soma dos quadrados médios dos resíduos, ajustado para o número de observações.

Todas as análises genético-estatística realizadas, utilizaram os recursos do programa GENES (Cruz, 2013). Os gráficos para capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação foram realizados com recursos do software R (R Foundation, 2017).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Análise de variância

Na ANOVA conjunta considerando a SBm, houve efeito significativo para genótipo, ambientes e a interação genótipo x ambientes. Considerando a mesma característica, mas na análise de variância individual para o ambiente de Campos dos Goytacazes II, também foi possível observar efeito significativo ao nível de 1% de probabilidade para genótipo (Tabela 3).

No que diz respeito às características RG e CE, observou-se por meio da ANOVA conjunta que houve efeito significativo ao nível de 1% de probabilidade para as fontes de variação genótipo, ambiente e para a interação genótipo x ambiente, para ambas as variáveis. Esses resultados demonstram a existência de variabilidade genética entre os genótipos, indicando potencial ganho de seleção para todas as características avaliadas, que é fundamental para a seleção de genótipos superiores.

A significância encontrada na interação genótipo x ambiente indica que o desempenho dos híbridos variou entre os ambientes avaliados, ou seja, houve variação na resposta dos genótipos em diferentes condições ambientais. Dessa forma, torna-se essencial avaliar o desempenho de cada híbrido individualmente em cada ambiente.

Tabela 3. Análise de variância conjunta para severidade foliar de *Bipolaris maydis* (SBm) nos ambientes Campos dos Goytacazes I, Itaocara e Cambuci, e para rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE) nos ambientes Campos dos Goytacazes I, Itaocara, Cambuci e Campos dos Goytacazes II, seguida da análise de variância individual para SBm em Campos dos Goytacazes II.

ANOVA CONJUNTA					
FV	G.L	Quadrados médios			
		SBm (%)	G.L	RG (t.ha ⁻¹)	CE (mL.g ⁻¹)
Bloco/Ambiente	3	1159,37	4	0,38	4,01
Genótipo (G)	71	72,52**	71	6,69**	122,44**
Ambiente (A)	2	7787,69*	3	204,31**	1869,35**
G x A	142	24,07**	213	1,43**	31,39**
Resíduo	213	13,83	284	0,62	5,69
Média		13,48		3,46	30,55
CV _e (%)		27,58		22,87	7,81
<i>h</i> ²		80,92		90,60	95,34
Médias de Ambientes					
Campos I		20,53 a		2,83 c	34,25 a
Itaocara		14,07 b		3,32 b	25,86 d
Cambuci		5,85 c		5,19 a	29,90 c
Campos II		-		2,53 d	32,24 b
ANOVA INDIVIDUAL - CZII					
FV	G.L	Quadrado médio			
		SBm (%)			
Bloco	1	1,66			
Genótipo (G)	71	0,46**			
Resíduo	71	0,07			
Média		1,01			
CV _e (%)		27,54			
<i>h</i> ²		83,15			

FV = Fonte de variação; G.L= Graus de liberdade; SBm = Severidade de *Bipolaris maydis*; RG = Rendimento de grãos; CE = Capacidade de expansão; CV_e = Coeficiente de variação experimental; *h*² = Herdabilidade; **, * = significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente. Médias seguidas de mesma letra não diferem pelo teste de agrupamento de médias de Scott-Knott.

A herdabilidade (*h*²) é um parâmetro genético que quantifica o quanto da variação fenotípica observada em uma característica é devido a diferenças genéticas. Quanto maior o valor estimado para esse parâmetro genético, maior a probabilidade de sucesso na seleção de genótipos superiores (Vasconcelos et al., 2012). Foram observadas altas estimativas de *h*² para as características avaliadas no presente estudo. Para SBm foi observado *h*² de 80,92% considerando a análise

conjunta de três ambientes e 83,15% na análise individual onde foi considerado apenas o ambiente de Campos dos Goytacazes II (Tabela 3). Os valores encontrados estão em concordância com os relatados por outros autores, como Amaral Júnior et al. (2019), que avaliaram genótipos de milho-pipoca para resistência a *Bipolaris maydis* em condições de alta e baixa disponibilidade de fósforo, obtendo estimativas de herdabilidade para severidade de 90,36% e 76%, respectivamente. Da mesma forma, Marcos et al. (2015) avaliaram a severidade de *Bipolaris maydis* em híbridos de *Panicum maximum* e relataram valores de herdabilidade 87,19% e 83,89%.

Quanto às características de interesse econômico da cultura, RG e CE, o h^2 observado foi alto ($> 90\%$) (Tabela 3). Em geral, valores elevados de h^2 relacionados à CE são frequentemente encontrados em estudos com a cultura (Santos et al., 2008; Barreto et al., 2012; Miotto et al., 2016). As maiores estimativas de h^2 para CE em relação ao RG estão em conformidade com outros trabalhos que avaliaram esse parâmetro em milho-pipoca (Pereira e Amaral Júnior, 2001; Rangel et al., 2011). Isso sugere que, embora a CE tenha uma herança quantitativa, assim como RG, é governada por um conjunto menor de genes, e conseqüentemente, sofre menor influência ambiental, o que acaba corroborando para maiores valores de herdabilidade.

Os coeficientes de variação experimental (CV_e) para as características avaliadas variaram de 7,81% a 27,58% (Tabela 3). Gomes (2023) define que os coeficientes de variação experimental para experimentos agrícolas são baixos quando inferiores a 10%, medianos quando se encontram entre 10% e 20%, altos quando estão entre 20% e 30% e muito altos quando superiores a 30%. No entanto ainda há um debate sobre a faixa ideal de CV_e para ensaios agrícolas, uma vez que a classificação proposta por Pimentel-Gomes (2023) é muito abrangente e não considera aspectos relacionadas a espécie e natureza das variáveis estudadas (Scapim et al., 1995). Os valores mais altos de CV_e foram observados para SBm (27,58%) e RG (22,87%). Estudos anteriores com a cultura também demonstraram valores altos de CV_e associados a essas características (Barreto et al., 2012; Saluci et al., 2023; Saluci et al., 2024), evidenciando que, por se tratarem de características quantitativas, diretamente influenciada por fatores genéticos e ambientais, podem apresentar grande variabilidade na expressão fenotípica, o que resulta em altos CV_e .

O teste de agrupamento de médias de Scott-Knott, a 5% de probabilidade, realizado entre ambientes (Tabela 3), considerando as três características avaliadas no presente estudo, demonstrou que o ambiente de Cambuci obteve a menor média para SBm e a maior média de RG, enquanto o ambiente de Campos dos Goytacazes I se destacou para CE. As menores estimativas de SBm em Cambuci, em relação aos demais ambientes, podem estar relacionadas ao fato de que esse ambiente não possui um cultivo sequencial da cultura, como ocorre nos demais ambientes, o que pode ter acarretado em uma menor pressão de inóculo na área experimental e, conseqüentemente, menor severidade da doença.

5.2. Desempenho médio dos híbridos *testcrosses*

O índice de soma de postos (ou “ranks”) de Mulamba e Mock (1978) é uma técnica utilizada no melhoramento de plantas para a seleção de genótipos superiores, considerando simultaneamente múltiplas características. É obtido através do ordenamento dos genótipos para cada característica de interesse e posterior somatório de suas classificações. (Cruz et al., 2012). Na figura 3, encontra-se o ranqueamento via índice de Mulamba e Mock dos 20 híbridos com melhor desempenho quanto a severidade de *Bipolaris maydis* (SBm), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE) para cada ambiente de estudo.

Dentre os 20 híbridos selecionados em Campos dos Goytacazes I, com base nas características avaliadas, três testadores se destacaram por participarem de 30% dos cruzamentos cada, sendo eles o L322, L690 e L76 (Figura 3). Em relação às linhagens, a L204 e a L217 foram as mais frequentes compondo os híbridos superiores. Vale ressaltar que ambas as linhagens são oriundas da população IAC 125. As médias para SBm entre os híbridos superiores neste ambiente variaram de 11,13% a 22,84%. Para RG, as médias oscilaram entre 2,64 t.ha⁻¹ a 4,39 t.ha⁻¹. A CE apresentou variação de 32,42 mL.g⁻¹ a 40,42 mL.g⁻¹.

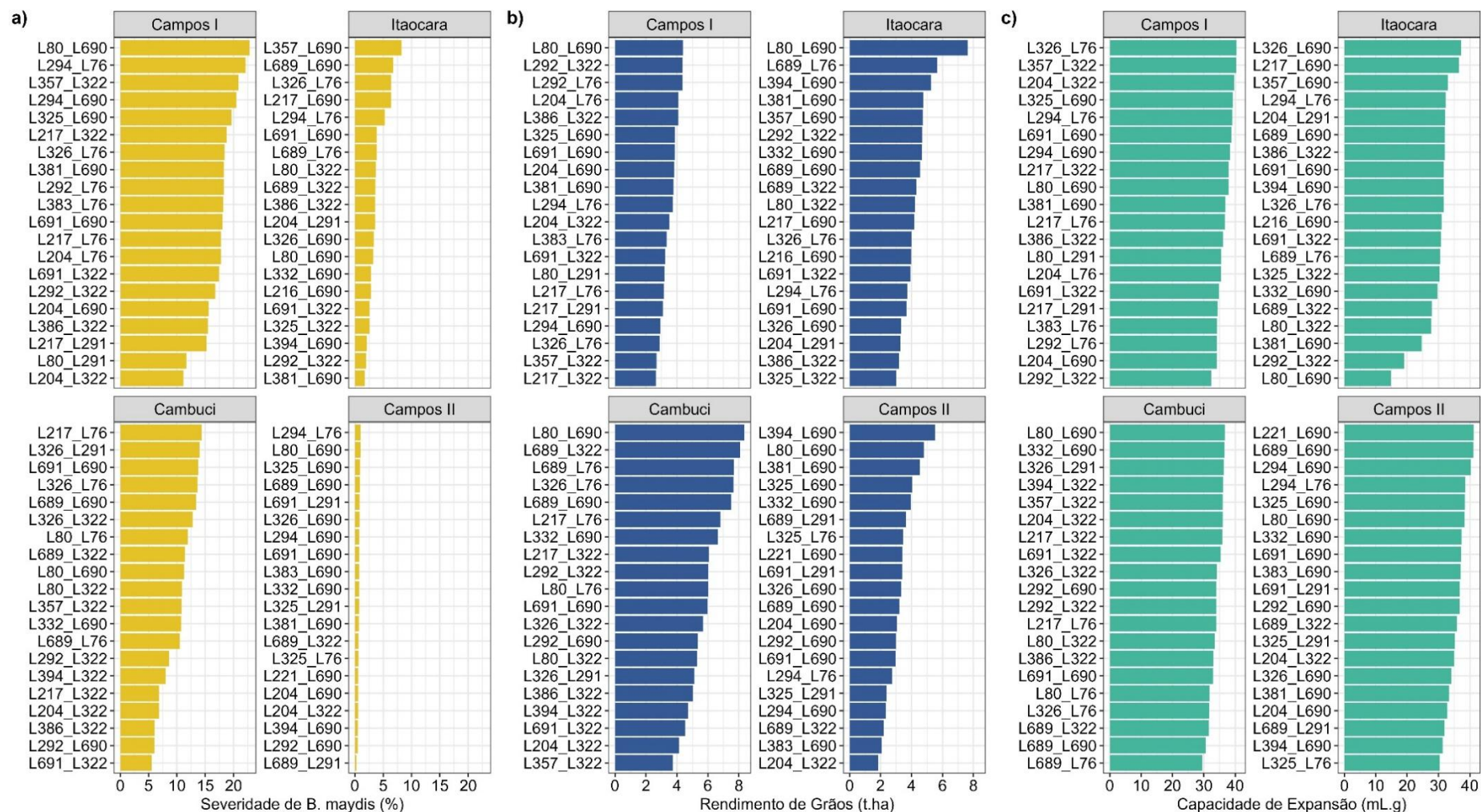


Figura 3. Relação dos 20 melhores híbridos entre os 72 *testcrosses* de milho-pipoca selecionados via índice da soma de ranks (Mulamba e Mock): a) Severidade de *B. maydis* (SBm); b) Rendimento de grãos (RG); e c) Capacidade de expansão (CE) em quatro ambientes.

Em Itaocara, entre os 20 híbridos superiores selecionados, o testador L690 contribuiu em 50% dos cruzamentos realizados. Dentre as linhagens, a L689 foi a que mais contribuiu nos cruzamentos superiores. Tanto a linhagem testadora, quanto a L689 são originárias da população UENF 14. As médias para SBm entre os híbridos superiores variaram de 1,75 a 8,25%. Para RG a menor média observada foi de 2,63 t.ha⁻¹ e a maior 7,62 t.ha⁻¹. Para CE as médias oscilaram de 14,83 mL.g⁻¹ a 37,17 mL.g⁻¹ (Figura 3). O híbrido L80 x L690 apresentou CE de 14,83 g mL⁻¹, considerada uma média baixa para essa característica. Contudo, destacou-se com a maior média de RG no ambiente, atingindo 7,62 t.ha⁻¹. Esse resultado pode ser atribuído à correlação negativa existente entre as duas características, conforme descrito por Rangel et al. (2011), Freitas et al. (2013) e Amaral Júnior et al. (2016).

No ambiente de Cambuci, o testador L322 participou de 50% dos cruzamentos entre os 20 híbridos superiores selecionados. As linhagens mais frequentes entre esses híbridos foram a L326 (Barão de Viçosa), L689 (UENF 14) e L80 (Viçosa). As médias para SBm variaram de 5,59 a 14,38%. Para RG as médias oscilaram de 3,74 t.ha⁻¹ a 8,36 t.ha⁻¹. A menor média observada para CE entre os melhores híbridos foi de 29,42 mL.g⁻¹, enquanto a maior média observada foi de 36,67 mL.g⁻¹ (Figura 3).

Por fim, em Campos dos Goytacazes II, o testador L690 esteve presente em 65% das 20 combinações híbridas superiores (Figura 3). Entre as linhagens, a L325 (Barão de Viçosa) e a L689 (UENF 14) foram as mais frequentes nas combinações híbridas. As médias para SBm considerando os 20 híbridos superiores neste ambiente variaram de 0,30 a 1,03%. Para a característica RG, as médias oscilaram de 1,84 t.ha⁻¹ a 5,53 t.ha⁻¹. Já para CE, a menor média observada foi de 30,42 mL.g⁻¹ e a maior foi de 41,25 mL.g⁻¹.

Informações sobre a produtividade do milho-pipoca são escassas, além disso, a produção da cultura varia conforme a região de cultivo e práticas agrícolas adotadas. De acordo com Silva (2023), a produtividade do milho-pipoca aumentou de 50 para quase 100 sacas por hectare nos últimos anos, isso equivale a uma produtividade média de quase 6 mil toneladas por hectare. Considerando os 20 melhores híbridos selecionados (Figura 7) em cada ambiente de estudo, foi possível observar médias de produtividade similares às relatadas. Em Itaocara e

Cambuci, por exemplo, o híbrido L80 x L690 obteve médias de RG acima de 7 t.ha⁻¹, desempenho superior a cultivar UENF 14 adaptada as condições do Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro (Amaral Júnior et al., 2013).

De acordo com a Norma de Identidade e Qualidade de Milho-Pipoca estabelecida pelo MAPA, a CE mínima para registro de uma cultivar de milho-pipoca é de 30 mL.g⁻¹. Todavia, para a indústria de milho-pipoca no Brasil, a capacidade de expansão mínima requerida varia de 30 a 35 mL.g⁻¹, sendo os valores acima de 35 mL.g⁻¹ considerados excelentes (Matta e Viana, 2001). Dentre os híbridos superiores foi possível observar valores desejáveis de CE. No ambiente de Campos dos Goytacazes II, o híbrido L221 x L690 obteve média de CE de 41,25 mL.g⁻¹. De modo geral, o testador L690, contribui significativamente para altas médias de CE, evidenciando seu potencial para exploração em programas de melhoramento.

O diagrama de Venn (Figura 4), traz a representação gráfica dos híbridos superiores selecionados via índice de Mulamba e Mock para SBm, RG e CE considerando os quatro ambientes de estudo (Campos dos Goytacazes I, Itaocara, Cambuci e Campos dos Goytacazes II). Em Campos dos Goytacazes I, cinco híbridos foram superiores considerando as três variáveis analisadas, sendo eles L204 x L76, L80 x L291, L292 x L76, L217 x L291 e L383 x L76. Para o ambiente de Itaocara os híbridos com as maiores médias considerando as três características foram L216 x L690, L325 x L322, L204 x L291, L217 x L690 e L357 x L690. No ambiente de Cambuci, os híbridos que se destacaram foram L394 x L322, L326 x L322, L80 x L76 e L326 x L291. E por fim, no ambiente de Campos dos Goytacazes II, os híbridos que se destacaram simultaneamente para as três variáveis de estudo foram L221 x L690, L689 x L291, L691 x L291, L325 x L291, L383 x L690 e L325 x L76.

As combinações superiores identificadas no diagrama de Venn, considerando dois ambientes de estudo, incluem os híbridos L689 x L76 e L80 x L322 nos ambientes de Itaocara e Cambuci. Híbrido L292 x L690 em Cambuci e Campos dos Goytacazes II. Para os ambientes de Itaocara e Campos II os híbridos L394 x L690 e L326 x L690 apresentaram maior destaque. Em Campos I e Cambuci três híbridos foram superiores, sendo eles L217 x L76, L217 x L322 e L357 x L322. Já em Campos I e Campos II, três híbridos se destacaram, sendo eles L325 x 690, L204 x L690 e L294 x L690.

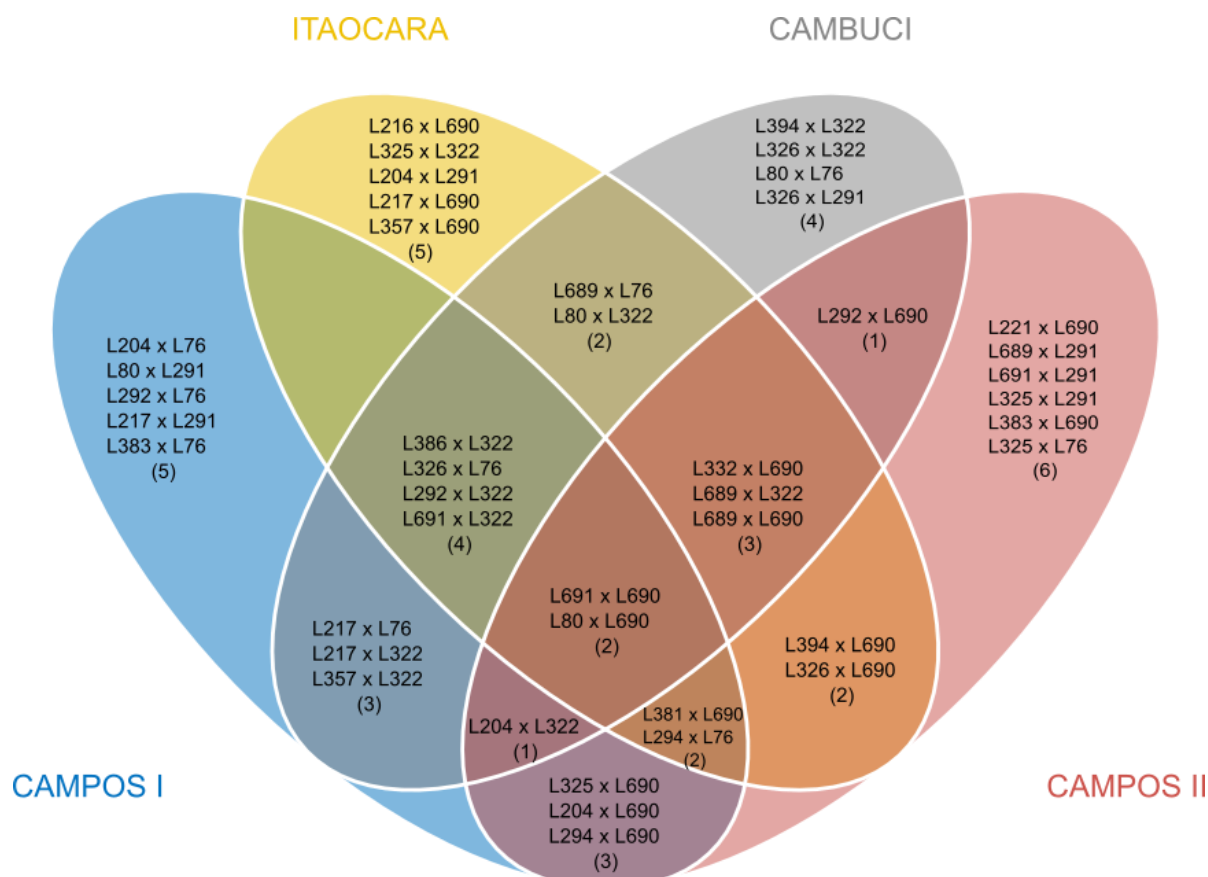


Figura 4. Diagrama de Venn para os 20 híbridos superiores para severidade de *Bipolaris maydis* (SBm), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE) selecionados via índice da soma de ranks (Mulamba e Mock).

Também foi possível alocar grupos de híbridos superiores considerando três ambientes, por exemplo, em Campos dos Goytacazes I, Itaocara e Cambuci quatro combinações híbridas foram superiores, sendo elas L386 x L322, L326 x L76, L292 x L322 e L691 x L322. Nos ambientes de Itaocara, Cambuci e Campos dos Goytacazes II, três combinações híbridas obtiveram médias superiores, a L332 x L690, L689 x L322 e L689 x L690. As combinações híbridas L381 x L690 e L294 x L76 foram as únicas com médias superiores nos ambientes de Campos dos Goytacazes I, Itaocara e Campos dos Goytacazes II. A combinação híbrida L204 x L322 foi a única superior para os ambientes de Campos dos Goytacazes I, Itaocara e Campos dos Goytacazes II (Figura 4).

Dois híbridos foram capazes de performar as melhores médias para as três características avaliadas nos quatro ambientes, sendo eles: L691 x L690 e L80 x L690 (Figura 4). Vale destacar que as linhagens L691 e L690 são originárias da mesma população (UENF 14), a superioridade na combinação entre essas duas

linhagens contraria o que é preconizado pela maioria dos melhoristas, de que a distância genética é um dos preditores da heterose. Todavia, é importante ressaltar que a UENF 14, genitora das linhagens em questão, se encontra no 5º ciclo de seleção recorrente intrapopulacional, em que prioriza os efeitos aditivos e a maior frequência de alelos favoráveis (Amaral et al., 2013). Ribeiro et al. (2016), constataram que a população UENF 14 ainda continha uma elevada variabilidade genética podendo isto ter influenciado na superioridade da combinação das linhagens de mesma genealogia.

5.3. Análise em dialelo parcial e capacidades combinatórias

A Tabela 4 contém a análise de variância dialélica conjunta e individual para capacidade geral de combinação (CGC I e CGC II) e capacidade específica de combinação (CEC) obtidas para severidade do fungo *Bipolaris maydis* (SBm), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). Para SBm foi possível realizar ANOVA dialélica conjunta apenas para três ambientes (Campos dos Goytacazes I, Itaocara e Cambuci). Em contrapartida, para rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE), a análise dialélica conjunta foi realizada considerando os quatro ambientes de estudo.

Houve efeito significativo ($p < 0,01$ e $p < 0,05$) para CGC I, CGC II e CEC tanto na análise conjunta para SBm, RG e CE, quanto na análise individual para SBm em Campos dos Goytacazes II. A significância encontrada para CGC e CEC demonstram variabilidade entre os genótipos estudados e sugerem que para as características e ambientes avaliados tanto os efeitos aditivos quanto os efeitos não-aditivos dos genes foram importantes. Assim, são recomendadas estratégias que combinem a fixação dos efeitos aditivos em linhagens superiores e a exploração de híbridos que maximizem os ganhos associados aos efeitos de dominância.

Tabela 4. Análise dialélica conjunta para severidade de *Bipolaris maydis* (SBm) nos ambientes Campos dos Goytacazes I, Itaocara e Cambuci, e para rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE) nos ambientes Campos dos Goytacazes I, Itaocara, Cambuci e Campos dos Goytacazes II, seguida da análise dialélica individual para SBm no ambiente Campos dos Goytacazes II.

ANOVA CONJUNTA					
FV	G.L	Quadrados médios			
		SBm		RG	CE
Tratamento (Trat)	71	108,76*	71	6,69**	112,45**
CGC I	3	665,43*	3	48,83**	301,15*
CGC II	17	194,10**	17	8,57**	275,77**
CEC	51	47,58**	51	3,59**	60,83**
Ambiente (Amb)	2	11681,07**	3	204,41**	1869,53**
Trat x Amb	142	36,11**	213	1,43**	31,39**
CGC I X Amb	6	108,87**	9	2,81**	69,95**
CGC II X Amb	34	50,08**	51	1,90**	45,52**
CEC X Amb	102	27,17**	153	1,191**	24,41**
Resíduo	213	13,83	284	0,62	5,69
SQ% CGC I		25,85		30,81	10,39
SQ% CGC II		42,73		30,67	53,92
SQ% CGC Total		68,58		61,48	64,31
SQ% CEC		31,42		38,52	35,68
ANOVA INDIVIDUAL - CZII					
FV	G.L	Quadrado médio			
		SBm			
Tratamento	71			0,70**	
CGC I	3			2,93**	
CGC II	17			1,36**	
CEC I X II	51			0,34**	
Resíduo	71			0,07	
SQ% CGC I				17,66	
SQ% CGC II				46,66	
SQ% CGC				64,32	
Total					
SQ% CEC				35,67	

FV = Fonte de variação; GL = Graus de liberdade; SBm = Severidade de *Bipolaris maydis*; RG = Rendimento de grãos; CE = Capacidade de expansão; CGC I = Capacidade Geral de Combinação dos testadores; CGC II = Capacidade Geral de Combinação das linhagens; CEC = Capacidade Específica de Combinação; SQ% CGC I = Contribuição da Soma de Quadrados para CGC I; SQ% CGC II = Contribuição Soma de Quadrados para a CGC II; SQ% CEC = contribuição da Soma de Quadrados para CEC; ** e * = significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F.

Entretanto, ao analisar as contribuições relativas dos efeitos das capacidades gerais e específicas de combinação (SQ% CGCI, SQ% CGCII e SQ% CEC), foi possível observar que os efeitos de CGC contribuíram em maior

proporção para todas as características avaliadas. Para SBm, a contribuição das progênies foi de 68,58% e 64,32% para a ANOVA dialélica conjunta e individual, respectivamente, indicando a predominância dos efeitos aditivos para o controle da característica. Os resultados obtidos no presente estudo estão em concordância com os relatados de Kumar et al. (2016), que observaram que a resistência genética ao fungo *Bipolaris maydis* em milho tropical é predominantemente influenciada pelos efeitos aditivos. No entanto, outros estudos que avaliaram a resistência genética ao *B. maydis* em milho-pipoca observaram uma maior contribuição dos efeitos não-aditivos (Santos et al., 2020; Santos Junior et al., 2022). Dessa forma, recomenda-se considerar tanto os efeitos aditivos quanto os não-aditivos na resistência à doença, adotando métodos de melhoramento que maximizem ganhos genéticos considerando ambos os efeitos.

Considerando RG e a CE os efeitos aditivos também apresentaram maior importância em virtude da maior contribuição da soma de quadrados da CGC total para ambas as características (SQ CGC total >60%) (Tabela 4). Sendo assim, híbridos promissores para tais características podem ser selecionados com base nos efeitos previstos de CGC dos genitores. Bispo et al. (2023) avaliaram as capacidades combinatórias de linhagens de milho-pipoca para várias características agrônômicas e de raiz em condições irrigadas e de estresse hídrico e observaram que os efeitos aditivos desempenharam papel mais significativo para CE, enquanto para RG os efeitos de dominância obtiveram maior relevância em condições ideais de irrigação.

Vieira et al. (2011) avaliaram um conjunto de híbridos obtidos a partir de um dialelo parcial circulante quanto ao rendimento de grãos, à capacidade de expansão e a resistência à ferrugem. Constataram que a capacidade geral de combinação foi mais importante do que a capacidade específica de combinação para todas as características avaliadas no estudo, indicando que os efeitos aditivos foram predominantes e o melhoramento com abordagem de seleção recorrente é mais recomendável.

No entanto, os efeitos não-aditivos também têm sido relatados como de maior influência para rendimento de grãos e capacidade de expansão. Santos et al. (2020) estudaram o controle genético de um conjunto de linhagens de milho-pipoca para múltiplas doenças foliares e para as características agrônômicas e concluíram que os efeitos não-aditivos apresentaram maior influência para todas as

características avaliadas no estudo, incluindo o rendimento de grãos e a capacidade de expansão.

Oliveira et al (2018) avaliaram 36 híbridos dialélicos de milho-pipoca e seus recíprocos quanto ao rendimento de grãos e capacidade de expansão a fim de estudar a variabilidade genética e identificar grupos heteróticos em populações sintéticas. Concluíram que, para o estudo em questão, os efeitos aditivos e não-aditivos foram importantes para o controle genético de rendimento de grãos, enquanto para capacidade de expansão apenas os efeitos não-aditivos foram importantes.

Para o presente estudo, e partindo do pressuposto que a CGC e a CEC foram significativas para todas as características avaliadas, o mais recomendado é uma abordagem que explore ambos os efeitos genéticos, como a seleção recorrente recíproca, por exemplo.

A significância das interações Trat x Amb, CGC I x Amb, CGC II x Amb e CEC x Amb na ANOVA conjunta para SBm, RG e CE (Tabela 4) indicam uma resposta diferente dos genitores e híbridos nos diferentes ambientes avaliados, sendo assim, o estudo e a seleção de genótipos superiores devem ser específicos por ambiente.

As estimativas da CGC têm como finalidade avaliar o desempenho médio de um genitor quando cruzado com um conjunto de outros genitores, o que reflete em informações sobre os genes de efeitos aditivos (Mafra et al., 2018). Na Figura 5 encontra-se as estimativas de capacidade de combinação para severidade do fungo de *B. maydis*, rendimento de grãos e capacidade de expansão avaliadas em quatro ambientes distintos. Na imagem as barras azuis referem-se aos quatro genitores masculinos (CGC-I), enquanto as barras em vermelho correspondem às genitoras femininas (CGC-II).

Com base na SBm, para o ambiente de Campos dos Goytacazes I, os testadores que contribuíram para a redução da doença foram o L322 (-2,10) e o L291 (-0,44). Quanto às linhagens as menores estimativas para a CGC foram observadas em 10 linhagens, sendo as cinco mais promissoras para a redução da severidade do fungo a L204 (-4,84), L80 (-3,11), L394 (-2,42), L381 (-2,27) e L383 (-1,71).

No ambiente de Itaocara, três testadores contribuíram para a redução da SBm, sendo eles o L322 (-1,51), L690 (-0,953) e o L291 (-0,151). Considerando o

grupo das 18 linhagens selecionadas para o estudo, 11 delas apresentaram estimativas negativas de CGC para severidade de *B. maydis*. As cinco linhagens que mais contribuíram para a redução da doença neste ambiente foram a L394 (-2,71), L204 (-2,32), L292 (-2,23), L80 (-1,98) e L325 (-1,90).

Para o ambiente de Cambuci, dois testadores tiveram destaque para a redução da doença, sendo eles o L322 (-4,02) e o L690 (-0,159). Dentre as 18 linhagens avaliadas, 12 linhagens foram superiores ao contribuir para a redução da severidade da doença fúngica, sendo as cinco linhagens superiores com as menores estimativas de CGC a L292 (-4,81), L80 (-2,90), L204 (-2,79), L217 (-2,73) e L394 (-2,43).

No último ambiente avaliado, três dos quatro testadores analisados contribuíram para a redução da severidade do fungo, embora as estimativas dessa redução tenham sido mínimas em comparação aos ambientes anteriores. Os testadores que apresentaram estimativas negativas foram L690 (-0,20), L322 (-0,07) e L291 (-0,04). Entre as 18 linhagens avaliadas, 10 apresentaram estimativas negativas de CGC em relação à severidade do fungo. As cinco linhagens que mais se destacaram para essa característica neste ambiente foram: L394 (-0,45), L689 (-0,35), L221 (-0,29), L204 (-0,24) e L292 (-0,23) (Figura 3).

O testador L322 destacou-se como o único a contribuir para a redução da severidade da doença fúngica simultaneamente nos quatro ambientes de estudo. Entre as linhagens avaliadas, a L204, L292, L394 e L80 demonstraram superioridade para essa característica nos quatro ambientes analisados. Saluci et al. (2024) avaliaram 184 linhagens de milho-pipoca quanto a severidade causada pelo fungo *B. maydis* em Campos dos Goytacazes – RJ, em duas safras, e identificaram potencial de resistência para as linhagens L381, L332 e L76. Todavia, no presente estudo, a L76 não apresentou contribuição significativa para a redução da severidade da doença fúngica nos ambientes avaliados. Por outro lado, as linhagens L381 e L332 demonstraram potencial para redução da severidade em pelo menos três dos quatro ambientes avaliados.

Para rendimento de grãos no ambiente de Campos dos Goytacazes I (Figura 5), os testadores que mais contribuíram para esta característica foram o L690 (0,86) e o L76 (0,57), respectivamente. Do total das 18 linhagens avaliadas, nove contribuíram para o incremento de RG no presente ambiente, sendo as cinco linhagens superiores a L204 (0,96), L292 (0,58), L386 (0,56), L689 (0,56) e L80 (0,44).

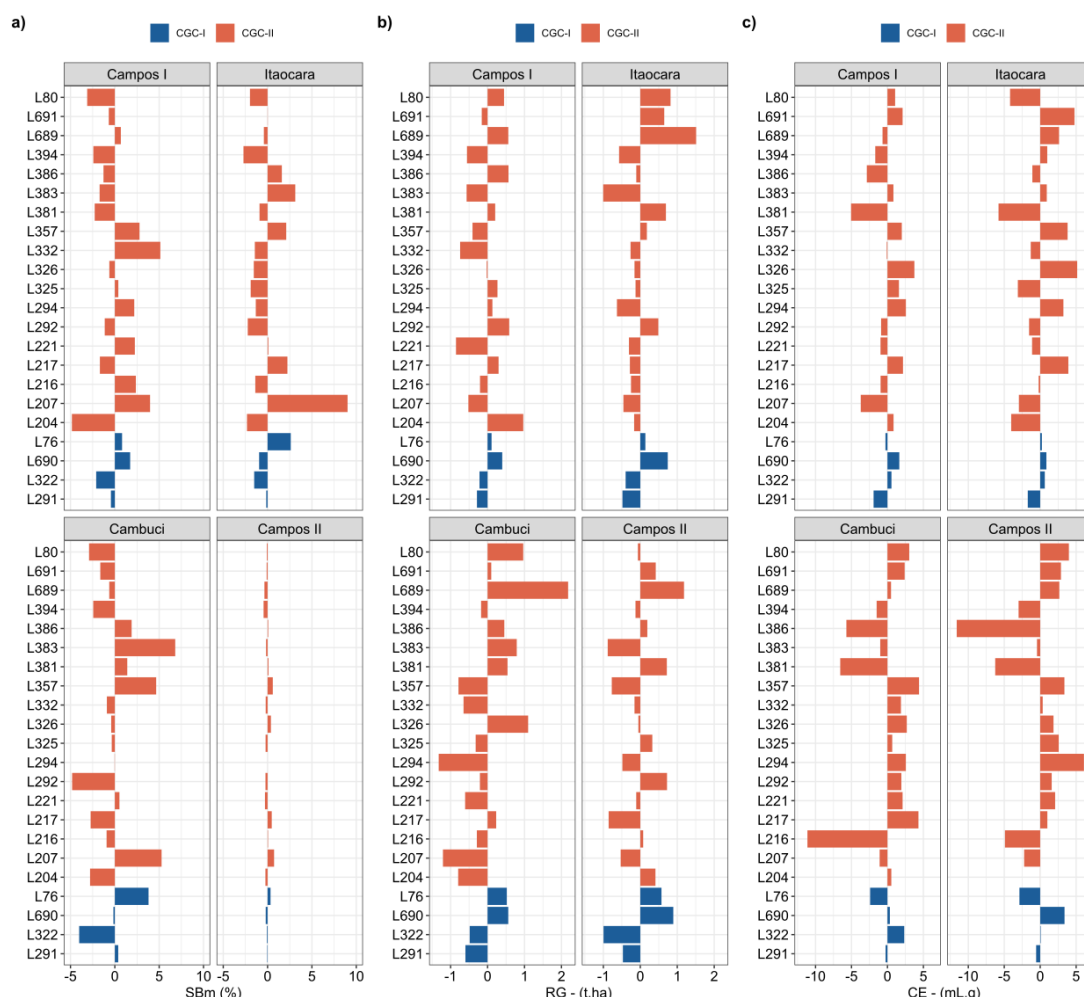


Figura 5: Capacidade geral de combinação (CGC) entre quatro testadores (CGC-I) e 18 linhagens (CGC-II) de milho-pipoca para: a) severidade de *Bipolaris maydis* (SBm); b) rendimento de grãos (RG); e c) capacidade de expansão (CE), avaliadas em quatro ambientes.

Analisando o ambiente de Itaocara, os testadores que apresentaram estimativas superiores de CGC para RG foram o L690 (0,74) e o L76 (0,13). Dentre as 18 linhagens avaliadas, apenas seis linhagens contribuíram para ganhos de RG: L689(1,51), L80 (0,81), L381 (0,69), L691 (0,64), L292 (0,48) e L357 (0,17) (Figura 3).

Em Cambuci, os testadores com estimativas superiores de CGC para RG foram o L690 (0,56) e o L76 (0,51). Quanto às linhagens oito contribuíram para o aumento do RG. As cinco linhagens de maior destaque para essa característica neste ambiente foram a L689 (2,18), L326 (1,09), L80 (0,96), L383 (0,79) e L381 (0,54) (Figura 3).

Levando em consideração o último ambiente, Campos dos Goytacazes II (Figura 5), os testadores que apresentaram estimativas positivas de CGC para RG

foram o L690 (0,89) e o L76 (0,57). Entre as 18 progenitoras femininas avaliadas, oito contribuíram positivamente para o RG. As cinco linhagens com o melhor desempenho neste ambiente foram a L689 (1,18), L292 (0,72), L381 (0,71), L691 (0,42) e a L204 (0,41).

Os testadores L690 e L76 contribuíram simultaneamente com estimativas positivas de CGC para RG nos quatro ambientes de estudo. Entre as linhagens, a L381 e a L689 foram as únicas capazes de contribuir positivamente para a CGC de RG nos quatro ambientes de estudo.

Ainda conforme observado na figura 5, dentre os testadores avaliados no presente estudo, no ambiente de Campos dos Goytacazes I, apenas o L690 (1,64) e o L322 (0,55) contribuíram positivamente na CGC para CE. Dentre as linhagens, nove contribuíram para incremento da CE. As cinco linhagens que mais contribuíram na CGC para a CE foram a L326 (3,74), L294 (2,56), L217 (2,16), L691 (2,10) e L357 (1,99).

No ambiente de Itaocara (Figura 5), os testadores que apresentaram CGC superior para CE foram o L690 (0,86), L322 (0,68) e L76 (0,23). Quanto às linhagens, oito apresentaram estimativas de CGC positiva para CE, sendo as cinco de maior destaque a L326 (5,14), L691 (4,76), L217 (3,91), L357 (3,81) e L294 (3,22).

Para o ambiente de Cambuci os testadores L322 (2,33) e L690 (0,33) foram os únicos que apresentaram estimativas de CGC positiva para CE. Dentre as 18 linhagens avaliadas, 12 contribuíram positivamente para a CGC para CE. As cinco linhagens com melhor desempenho foram a L357 (4,39), L217 (4,31), L80 (3,03), L326 (2,68) e L294 (2,56) (Figura 5).

Em Campos dos Goytacazes II (Figura 5), o testador L690 (3,38) foi o que mais contribuiu para a CGC para CE. O testador L322 (0,06) também obteve estimativa positiva, embora sua contribuição tenha sido baixa. Um total de 11 linhagens contribuíram para ganhos de CE. As cinco linhagens com as maiores estimativas de CGC foram L294 (6,10), L80 (3,99), L357 (3,36), L691 (2,88) e L689 (2,66). Os testadores que simultaneamente obtiveram estimativas positivas de CGC para CE nos quatro ambientes de estudo foram L322 e L690. As linhagens que contribuíram positivamente para CE considerando os quatro ambientes foram L217, L294, L326, L357 e L691. Entre as genitoras femininas, a linhagem L689 apresentou as melhores estimativas de CGC para as três variáveis analisadas nos ambientes de Itaocara, Cambuci e Campos dos Goytacazes II. Já entre os

testadores, apenas a linhagem L690 destacou-se com estimativas superiores de CGC para as mesmas características e nos mesmos ambientes.

A figura 6 refere-se à Capacidade Específica de Combinação (CEC) de 72 híbridos *testcrosses* avaliados em quatro ambientes diferentes quanto a severidade do fungo *B. maydis*. As combinações híbridas com melhores estimativas para CEC, não necessariamente são os que apresentam médias superiores para uma dada característica, uma vez que é dependente da CGC (Hallauer et al., 2010).

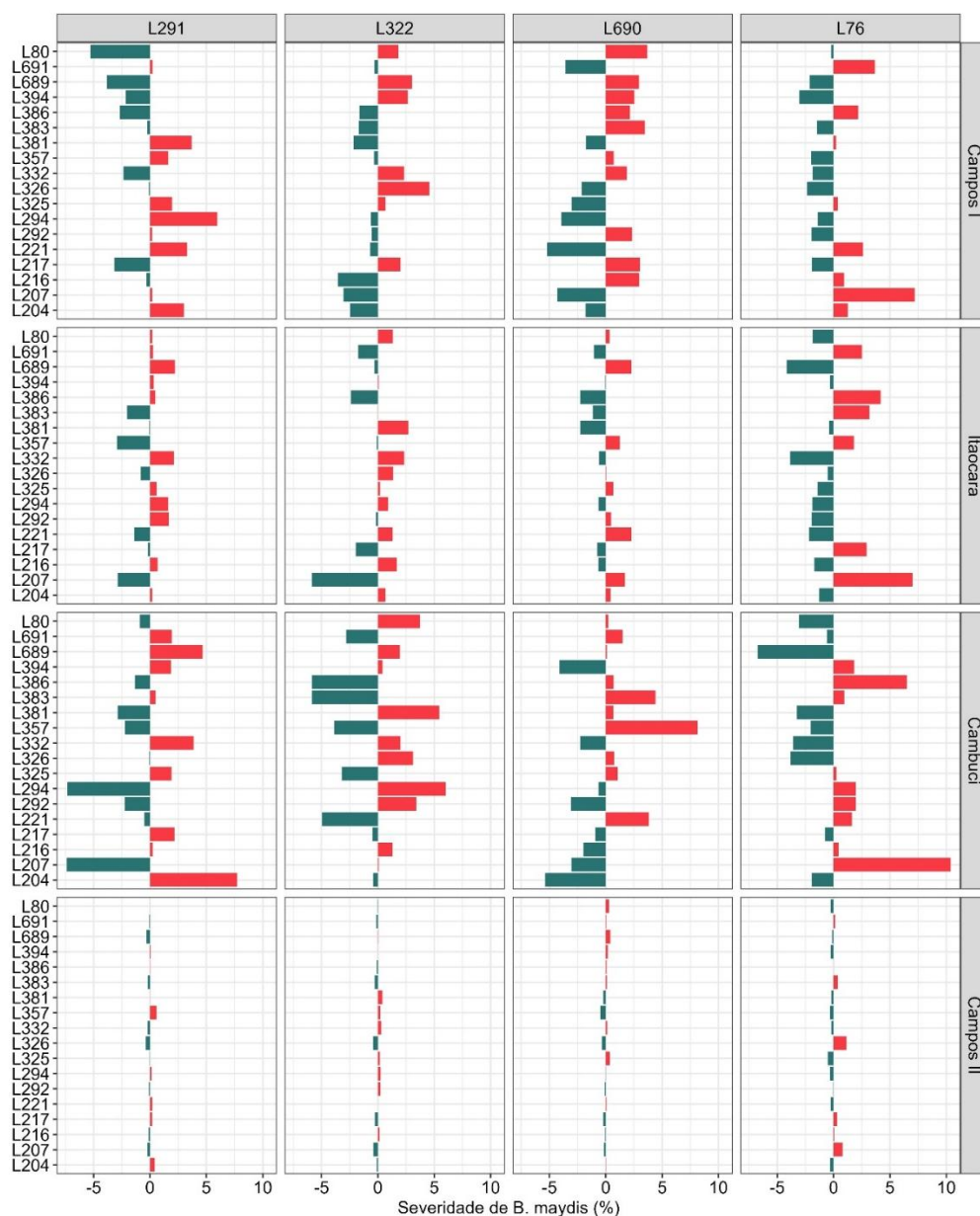


Figura 6: Capacidade Específica de Combinação (CEC) para severidade de *B. maydis* (SBm) em 72 híbridos *testcrosses* de milho-pipoca avaliados em quatro ambientes. As barras verdes representam combinações com desempenho superior para a característica, enquanto as barras vermelhas indicam aquelas com menor responsividade nos respectivos ambientes.

Para o ambiente de Campos dos Goytacazes I, 52,77% dos híbridos avaliados contribuíram para a redução da doença fúngica. As estimativas de CEC para SBm variaram de -5,28% (L80 x L291) a 7,18% (L207 x L76). As combinações superiores por testador em ordem hierárquica foram: testador L291x [linhagens L80, L689, L217, L386, L332, L394, L216, L383 e L326]; testador L322 x [linhagens L216, L207, L204, L381, L383, L386, L221, L294, L292, L357 e L691]; testador L690 x [linhagens L221, L207, L294, L691, L325, L326, L204 e L381] e testador L76 x [linhagens L394, L326, L689, L357, L292, L217, L332, L383, L294 e L80].

Em Itaocara, 48,61% dos híbridos avaliados contribuíram para diminuir a severidade da doença fúngica. As estimativas de CEC para SBm variaram de -5,86% (L207 x L322) a 7,0% (L207 x L76). Para este ambiente as combinações superiores em ordem hierárquica foram: testador L291 x [linhagens L357, L207, L383, L221, L326, L217 e L381]; testador L322 x [linhagens L207, L386, L217, L691, L689, L292 e L357]; testador L690 x [linhagens L386, L381, L383, L691, L217, L216, L294, L332 e L394]; testador L76 x [linhagens L689, L332, L221, L292, L294, L80, L216, L325, L204, L326, L381 e L394].

No ambiente de Cambuci, 47,22% dos híbridos avaliados contribuíram para menores estimativas de SBm. A menor estimativa observada para a característica foi de -7,37% (L207 x L291), enquanto a maior foi de 10,36% (L207 x L76). As combinações que apresentaram as menores estimativas para CEC em ordem hierárquica foram: testador L291 x [linhagens L207, L294, L381, L292, L357, L386, L80, L221 e L326]; testador L322 x [linhagens L383, L386, L221, L357, L325, L691, L217 e L204]; testador L690 x [linhagens L204, L394, L292, L207, L332, L216, L217 e L294]; testador L76 x [linhagens L689, L326, L332, L381, L80, L357, L204, L217 e L691].

Em Campos dos Goytacazes II, 50% dos híbridos avaliados apresentaram estimativas negativas de CEC para SBm. Os valores observados para a característica oscilaram de -0,5% (L325 x L76) a 1,14 % (L326 x L76). Os híbridos superiores por testador foram: testador L291 x [linhagens L326, L689, L207, L332, L383, L216, L292, L691 e L325]; testador L322 x [linhagens L326, L207, L383, L217, L691, L204 e L386]; testador L690 x [linhagens L357, L326, L217, L381, L207, L292, L216 e L294]; testador L76 x [linhagens L325, L294, L357, L204, L221,

L394, L332, L381, L689 e L292]. Os híbridos que simultaneamente contribuíram para a redução da SBm nos quatro ambientes simultaneamente foram o L691 x L322, L386 x L322, L294 x L690, L80 x L76, L332 x L76, L689 x L76.

A figura 7 apresenta as estimativas de CEC para a variável rendimento de grãos (RG) para 72 híbridos *testcrosses* avaliados em quatro ambientes. No ambiente de Campos dos Goytacazes I, 50% dos híbridos contribuíram para ganhos de RG, onde as estimativas variaram de 1,32 t.ha⁻¹ (L689 x L76) a -1,18 t.ha⁻¹ (L292 x L690). As combinações híbridas superiores por testador em ordem decrescente foram: testador L291 x [linhagens L207, L221, L394, L383, L216, L326, L294, L204, L217 e L80]; testador L322 x [linhagens L292, L386, L691, L357, L394, L332 e L689]; testador L690 x [linhagens L332, L691, L80, L325, L386, L381, L216, L326, L357, L217 e L221]; testador L76 x [linhagens L689, L383, L381, L292, L294, L325, L204, e L357].

Para o ambiente de Itaocara, 52,77% dos híbridos avaliados apresentaram estimativas positivas de CEC para RG. As estimativas oscilaram de 2,74 t.ha⁻¹ (L80 x L690) a -1,92 t.ha⁻¹ (L80 x L76). Os híbridos superiores nesse ambiente, organizados em ordem decrescente para cada testador, foram: testador L291 x [linhagens L691, L204, L294, L383, L207, L221, L394, L689 e L325]; testador L322 x [linhagens L292, L221, L80, L386, L691, L383, L325, L216, L381 e L217]; testador L690 x [linhagens L80, L394, L332, L357, L386, L217, L207 e L216]; testador L76 x [linhagens L294, L325, L689, L326, L292, L381, L204, L357, L332, L383 e L216].

Em Cambuci, 48,61% das combinações híbridas apresentaram estimativas superiores de CEC para a característica. Os valores observados variaram de 2,04 t.ha⁻¹ (L216 x L322 e L386 x L291) a -2,59 t.ha⁻¹ (L216 x L690). As combinações superiores foram: testador L291 x [linhagens L386, L394, L383, L325, L204, L691, L357 e L294]; testador L322 x [linhagens L216, L292, L689, L217, L221, L204, L394 e L381]; testador L690 x [linhagens L80, L332, L381, L204, L386, L357, L207, L325, L691 e L383]; testador L76 x [linhagens L216, L207, L332, L217, L326, L294, L325, L381 e L221].

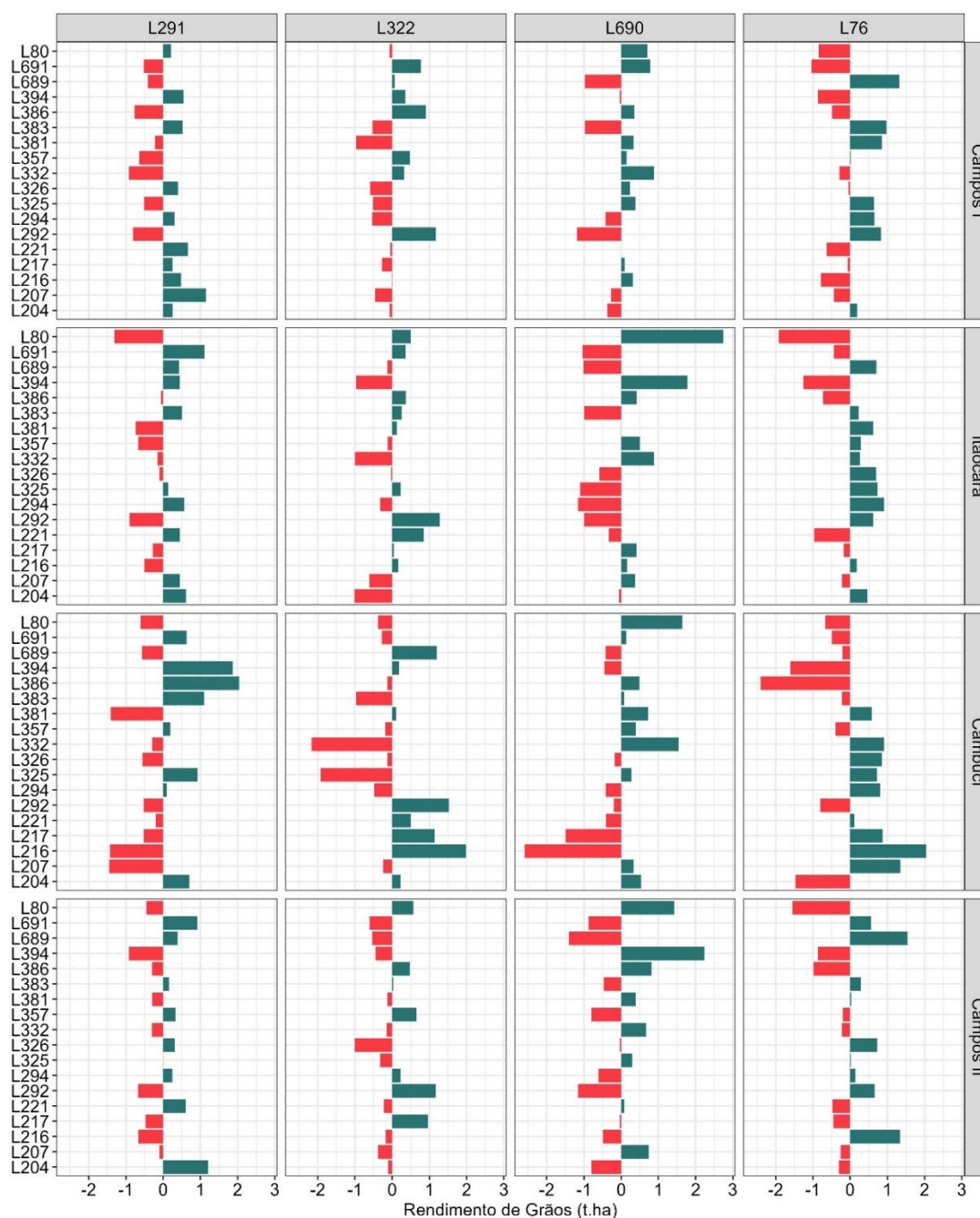


Figura 7: Capacidade Específica de Combinação (CEC) para rendimento de grãos (RG) em 72 híbridos *testcrosses* de milho-pipoca avaliados em quatro ambientes. As barras verdes representam combinações com desempenho superior para a característica, enquanto as barras vermelhas indicam aquelas com menor responsividade nos respectivos ambientes.

Para o último ambiente, Campos dos Goytacazes II, 45,83% das combinações híbridas obtiveram estimativas favoráveis a ganhos de RG. As estimativas de CEC para RG variaram de 2,23 t.ha⁻¹ (L394 x L690) a -1,55 t.ha⁻¹ (L80 x L76). Os híbridos que contribuiriam positivamente para RG por testador

foram: testador L291 x [linhagens L204, L691, L221, L689, L357, L326, L294, L383 e L325]; testador L322 x [linhagens L292, L217, L357, L80, L386, L294 e L383]; testador L690 x [linhagens L394, L80, L386, L207, L332, L381, L325 e L221]; testador L76 x [linhagens L689L216, L326, L292, L691, L383, L294, L381 e L325]. Os híbridos que simultaneamente destacaram-se na CEC para RG em ambos os ambientes foram o L80 x L690, L204 x L291, L292 x L322, L386 x L690, L332 x L690, L294 x L291, L383 x L291, L294 x L76, L381 x L76 e L325 x L76.

Na figura 8, estão apresentadas as estimativas de CEC para CE nos quatro ambientes de estudo. No ambiente de Campos dos Goytacazes I, 52,77% das combinações híbridas possibilitaram ganhos de CE. As estimativas de CEC para CE variaram de 6,04 mL.g⁻¹ (L381 x L690) a -5,47 mL.g⁻¹ (L207 x L291). Os híbridos superiores por ordem decrescente por testador foram: testador L291 x [linhagens L394, L294, L80, L691, L689, L292, L325, L383 e L216]; testador L322 x [linhagens L207, L386, L204, L357, L326, L689, L383, L217 e L221]; testador L690 x [linhagens L381, L221, L357, L332, L386, L325, L207, L80, L691 e L216]; testador L76 x [linhagens L326, L294, L394, L216, L292, L332, L204, L217, L689 e L80].

Em Itaocara, 50% dos híbridos avaliados contribuíram para ganhos na CE. As estimativas de CEC para CE oscilaram de 12,0 mL.g⁻¹ (L204 x L291) a -12,2 mL.g⁻¹ (L216 x L322). Entre as combinações híbridas superiores, ordenadas de forma decrescente por testador, destacam-se: testador L291 x [linhagens L204, L325, L383, L386, L80, L357, L221 e L381]; testador L322 x [linhagens L207, L386, L204, L357, L326, L689, L383, L217 e L221]; testador L690 x [linhagens L217, L326, L216, L332, L394, L381, L689, L357 e L691]; testador L76 x [linhagens L80, L216, L207, L204, L294, L691, L381, L689, L332, L326 e L221].

Considerando o ambiente de Cambuci, 56,16% dos híbridos avaliados obtiveram estimativas positivas de CEC para CE. As estimativas oscilaram de 6,47 mL.g⁻¹ (L386 x L322) a -9,72 mL.g⁻¹ (L207 x L291). As combinações híbridas superiores por testador em ordem decrescente foram: testador L291 x [linhagens L386, L326, L383, L204, L294, L325, L394, L217, L332 e L691]; testador L322 x [linhagens L386, L394, L207, L204, L216, L383, L691 e L332]; testador L690 x [linhagens L381, L207, L332, L357, L80, L221, L292, L325, L383 e L691]; testador

L76 x [linhagens L325, L294, L204, L221, L217, L326, L689, L80, L216, L292 e L394].

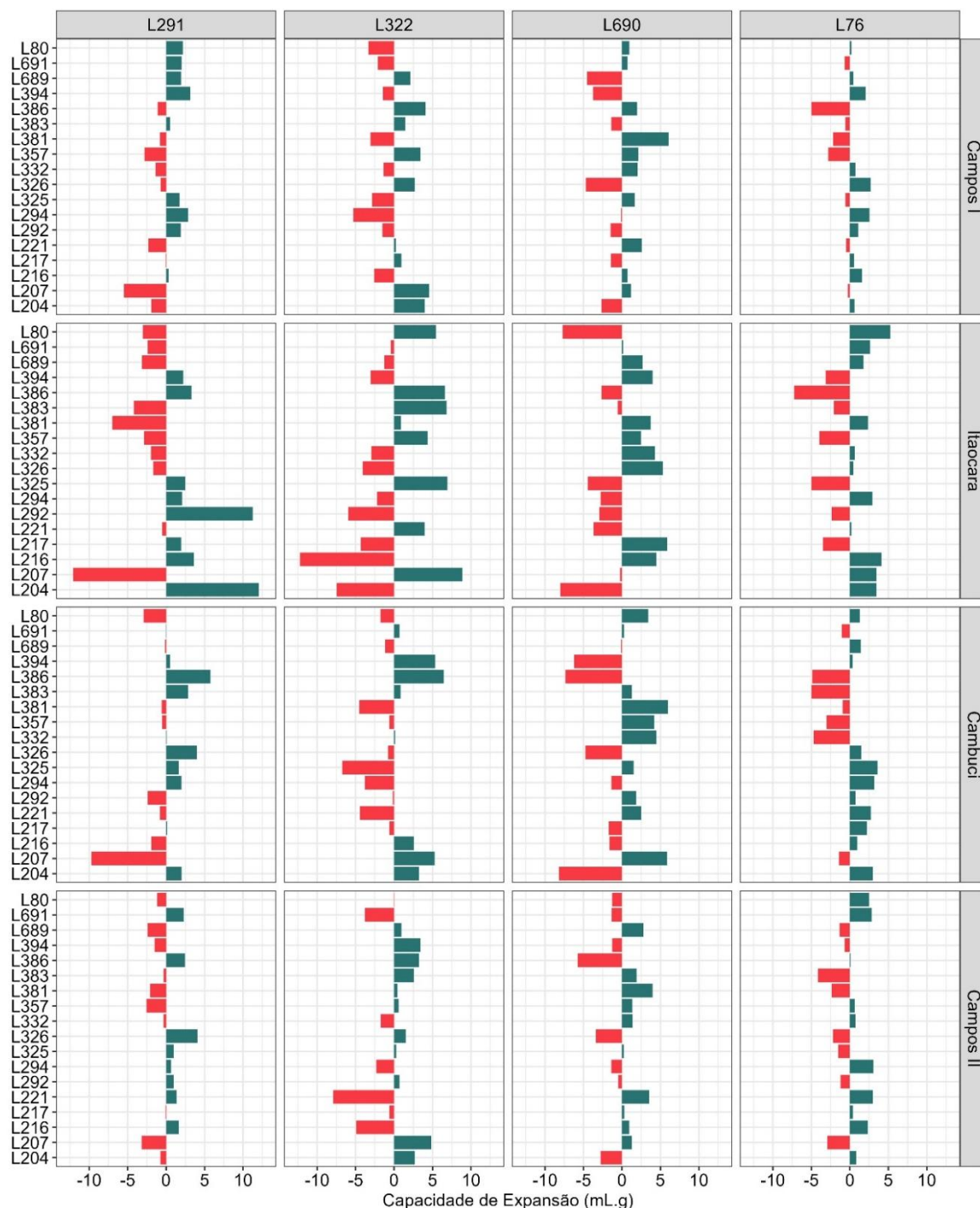


Figura 8: Capacidade Específica de Combinação (CEC) para capacidade de expansão (CE) em 72 híbridos *testcrosses* de milho-pipoca avaliados em quatro ambientes. As barras verdes representam combinações com desempenho superior para a característica, enquanto as barras vermelhas indicam aquelas com menor responsividade nos respectivos ambientes.

Por último, o ambiente no Campos dos Goytacazes II, 52,16% dos híbridos avaliados apresentaram estimativas positivas de CEC para CE. As estimativas de CEC variaram de 4,8 mL.g⁻¹ (L207 x L322) a -7,8 mL.g⁻¹ (L221 x L322). Os híbridos superiores neste ambiente por testador em ordem decrescente foram: testador L291 x [linhagens L326, L386, L691, L216, L221, L325, L3292 e L294]; testador L322 x [linhagens L207, L394, L386, L204, L383, L326, L689, L292, L357, L381 e L325]; testador L690 x [linhagens L381, L221, L689, L383, L332, L357, L207, L216, L217 e L325]; testador L76 x [linhagens L294, L221, L691, L80, L216, L204, L332, L357, L217 e L386].

Os híbridos superiores para ganhos de CE de maneira simultânea nos quatro ambientes analisados foram: L207 x L322, L381 x L690, L386 x L322, L294 x L76, L383 x L322, L80 x L76, L216 x L76, L332 x L690, L357 x L690, L325 x L291, L204 x L76 e L294 x L291.

Considerando que os efeitos genéticos aditivos apresentaram maior relevância no presente estudo, e visando à indicação de genótipos promissores para a continuidade de pesquisas em programas de melhoramento genético de milho-pipoca, o testador L690 destacou-se dos demais por apresentar estimativas superiores de capacidade geral de combinação (CGC) para as três características avaliadas. Tal desempenho indica seu potencial para uso como parental masculino na obtenção de híbridos resistentes à *Bipolaris maydis* e com elevado rendimento de grãos. Entre as linhagens avaliadas, L689, L80 e L326 apresentaram estimativas favoráveis de CGC para, pelo menos, duas das três características analisadas nos diferentes ambientes, evidenciando seu potencial para seleção em programas de melhoramento voltados à obtenção de genótipos superiores para múltiplos atributos agronômicos.

6. CONCLUSÕES

Neste estudo, observou-se a predominância dos efeitos aditivos, conforme indicado pelas maiores contribuições da soma de quadrados da capacidade geral de combinação total para severidade de *Bipolaris maydis*, rendimento de grãos e capacidade de expansão nos ambientes avaliados.

Dois híbridos foram capazes de performar as melhores médias para as três características avaliadas nos quatro ambientes, sendo eles o L691 x L690 e L80 x L690.

O testador L322 foi o único que obteve estimativas promissoras de CGC para SBm em todos os ambientes avaliados. Entre as genitoras femininas a L204, L292, L394 e L80 se destacaram por reduzir a doença fúngica nos quatro ambientes de estudo.

Para RG, os testadores L690 e L76 obtiveram as melhores estimativas de CGC nos quatro ambientes. Entre as linhagens, a L381 e a L689 foram as únicas capazes de contribuir positivamente para a CGC para RG nos quatro ambientes.

Os testadores que simultaneamente obtiveram estimativas positivas de CGC para CE nos quatro ambientes foram o L322 e L690, enquanto cinco linhagens (L217, L294, L326, L357 e L691) demonstraram destaque com estimativas positivas de CGC para CE nos quatro ambientes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Amaral Júnior, A. D., Santos, A. D., Gerhardt, I. F. S., Kurosawa, R. N. F., Moreira, N. F., Pereira, M. G., ... & Silva, F. D. L. (2016). Proposal of a super trait for the optimum selection of popcorn progenies based on path analysis. *Genetics and Molecular Research*, 15(4), 1-9.
- Amaral Júnior, A. T. D., Gonçalves, L. S. A., Freitas Júnior, S. D. P., Candido, L. S., Vittorazzi, C., Pena, G. F., ... & Carvalho, G. F. D. (2013). UENF 14: a new popcorn cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 13, 218-220.
- Amaral Júnior, A. T. D., Poltronieri, T. P. D. S., Santos, P. H. D. D., Vivas, M., Gerhardt, I. F. S., Carvalho, B. M., ... & Silveira, S. F. D. (2019). Reaction of popcorn lines (S7) cultivated in distinct phosphorus levels to *Bipolaris maydis* infection. *Summa Phytopathologica*, 45, 18-22.
- Amaral Jr, A. T. D., Gerhardt, I. F., Ribeiro, R. M., Lima, V. J. D., Kamphorst, S. H., Viana, F. N., ... & Santos, P. H. A. D. (2023). UENF P01, UENF P02 and UENF P03: popcorn hybrids with high phosphorus use efficiency. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 23, e44102318.
- Araújo, Juliano Ribeiro. (2014) Uso de *topcross* como indicador do potencial de híbrido de milho para extração de linhagens. Lavras: UFLA, 46p. Dissertação - Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Lavras.

- Barreto, R. R., Scapim, C. A., do Amaral Júnior, A. T., de Araújo Rodovalho, M., Vieira, R. A., & Schuelter, A. R. (2012). Avaliação da capacidade de combinação de famílias S2 de milho-pipoca por meio de diferentes testadores. *Semina: Ciências Agrárias*, 33(3), 873-890.
- Bernardo Gonçalves, G. M., Mayer, L. B., Souza, R. D., & Ogliari, J. B. (2019). Yield and popping expansion components in local popcorn varieties from Southern Brazil. *Acta Agronómica*, 68(3), 213-221.
- Bispo, R. B., Junior, A. T. D. A., Kamphorst, S. H., Lima, V. J. D., Pena, G. F., Santos, T. D. O., ... & Khan, S. (2023). Assessing Combining Abilities of Popcorn Inbred Lines for Agronomic and Root Traits under Contrasting Water Conditions: Towards Developing Drought-Tolerant Genotypes. *Stresses*, 3(3), 586-604.
- Borém, A.; Miranda, G. V. (2013) In: Cultivares híbridos. Melhoramento de Plantas. Viçosa: Editora UFV, Cap. 24, p. 373.
- Borém, Aluizio; Miranda, Glauco V.; Fritsche-Neto, Roberto. (2021) Melhoramento de plantas (8. ed.). São Paulo: Oficina de Textos.
- Bruns, H. A. (2017). Southern corn leaf blight: a story worth retelling. *Agronomy Journal*, 109(4), 1218-1224.
- Casela, C. R.; Ferreira, A. da S.; Pinto, N. F. J. de A. (2006). Doenças na cultura do milho. Embrapa Milho e Sorgo-Circular Técnica 83. Sete Lagoas: 14p. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/490415/1/Circ83.pdf>. Acesso em: 15 de julho de 2023.
- Chagas, J. F. R., dos Santos, G. R., da Costa, R. V., Cota, L. V., da Silva, D. D., Simon, J., & Mourão, D. (2015). Principais doenças foliares da cultura do milho no Estado do Tocantins. Embrapa. Circular técnica 213.
- Chen, Y. L., Mao, X. W., Wang, J. X., Wu, L. Y., Zhou, M. G., & Hou, Y. P. (2018). Activity of the dinitroaniline fungicide fluazinam against *Bipolaris maydis*. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 148, 8-15.

- Costa, R. V.; da Silva, D. D.; Cota, L. V. (2014). Mancha-de-bipolaris-do-milho. Circular técnica n. 207. Embrapa Sete Lagoas, MG. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1012083/1/circ207.pdf>. Acesso em: 13 de maio de 2023.
- Cruz, C. D. (2013). Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35, 271-276.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 514p.
- Cruz, C. D.; Carneiro, P. C. S.; Regazzi, A. J. (2014). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3ª ed. Viçosa: UFV, 668p.
- Dai, Y., Gan, L., Ruan, H., Shi, N., Du, Y., Liao, L., ... & Yang, X. (2018). Sensitivity of *Cochliobolus heterostrophus* to three demethylation inhibitor fungicides, propiconazole, diniconazole, and prochloraz, and their efficacy against southern corn leaf blight in Fujian Province, China. *European Journal of Plant Pathology*, 152, 447-459.
- Davis, R. L. (1927). Report of the plant breeder. Annual Report Agricultural Experiment Station University of Porto Rico, Rio Piedras, 14-15.
- Duarte, I. D. A., Ferreira, J. M., & Nuss, C. N. (2003). Screening potential of three maize topcross testers. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38, 365-372.
- Dutra, Í. P. (2019). Avaliação de atributos agronômicos e da resistência de linhagens de milho-pipoca à podridão de espiga: Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Programa de Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro-UENF, Campos dos Goytacazes-RJ, 56f.
- Ferreira, C. M., Saluci, J. C. G., Vivas, M., Santos, J. S., de Andrade Junior, M. S., Vivas, J. M. S., ... & Graviana, G. A. (2024). Characterization of the *Bipolaris maydis*: symptoms and pathogenicity in popcorn genotypes (*Zea mays* L.). *Brazilian Journal of Biology*, 84, e256799.

- Freire, Ana Isabella et al. (2020). Teor de amilose e micromorfologia de progênies de milho-pipoca com diferentes volumes de expansão de estouro. *Ciência Rural*, 50(2), 1-8, janeiro.
- Freitas, I. L. D. J., Amaral Junior, A. T. D., Viana, A. P., Pena, G. F., Cabral, P. D. S., Vittorazzi, C., & Silva, T. R. D. C. (2013). Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48, 1464-1471.
- Pimentel-Gomes, F. (2023). Curso de estatística experimental. Digitaliza Conteúdo.
- Goodman, M. M.; Smith, J. S. C. (1987). Botânica. In: Paternianni, E., Viegas, G. P. (Ed.). Melhoramento e produção de milho. Campinas: Fundação Cargil, Cap. 1, 41-78p.
- Griffing, B. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Austr. J. Biol. Sci.*, 9, 463-493.
- Hallauer, A. R., Carena, M. J., & Miranda Filho, J. D. (2010). Quantitative genetics in maize breeding (Vol. 6). Springer Science & Business Media.
- Hartley, H. O. (1950). The maximum F-ratio as a short-cut test for heterogeneity of variance. *Biometrika*, 37(3/4), 308-312.
- James, W.C. (1971) A manual of assessment keys of plant diseases. Canada Department of Agriculture Publication, 1458, 80 p.
- Jeevan, B. et al. (2020) Análise genética da resistência à queima das folhas de maydis em germoplasma de milho subtropical (*Zea mays* L.). *Journal of Genetics*, v. 99, n. 1, pág. 1 a 9.
- Kist, Benno Bernardo; Carvalho, Cleonice de; Beling, Romar Rudolfo. Anuário brasileiro do milho (2021). Beling Romar Rudolfo (ed). Editora Gazeta, Santa Cruz do Sul, 88p.
- Kist, Benno Bernardo; Carvalho, Cleonice de; Beling, Romar Rudolfo. Anuário brasileiro do milho (2019). Beling Romar Rudolfo (ed). Editora Gazeta, Santa Cruz do Sul, 51p.

- Kistler, L., Maezumi, S. Y., Gregorio de Souza, J., Przelomska, N. A., Malaquias Costa, F., Smith, O., ... & Allaby, R. G. (2018). Multiproxy evidence highlights a complex evolutionary legacy of maize in South America. *Science*, 362(6420), 1309-1313.
- Kumar, B., Hooda, K. S., Gogoi, R., Kumar, V., Kumar, S., Abhishek, A., ... & Yadav, O. P. (2016). Inheritance study and stable sources of maydis leaf blight (*Cochliobolus heterostrophus*) resistance in tropical maize germplasm. *Cereal Research Communications*, 44(3), 424-434.
- Kurosawa, R. N. F., Vivas, M., Junior, A. T., Ribeiro, R. M., Miranda, S. B., Pena, G. F., ... & Mora, F. (2017). Popcorn germplasm resistance to fungal diseases caused by *Exserohilum turcicum* and *Bipolaris maydis*. *Bragantia*, 77, 36-47.
- Kurosawa, R. D. N. F., do Amaral Júnior, A. T., Vivas, J. M. S., Vivas, M., Kamphorst, S. H., de Lima, V. J., & de Almeida, R. N. (2020). Selection of popcorn hybrids resistant to southern corn leaf blight grown in distinct N availability. *European Journal of Plant Pathology*, 158(2), 485-493.
- Kutawa, A. B., Ahmad, K., Ali, A., Zobir, S. A. M., & Wahab, M. A. A. (2021). Identification and characterization of pathogen responsible for causing southern corn leaf blight (SCLB) disease in Malaysia. *Intl. J. Agric. Biol*, 26, 607-616.
- Lima, V. J. D., Amaral, A. T. D., Kamphorst, S. H., Santos, A. D., Schmidt, K. F. M., Azeredo, V. C., ... & Santos, P. H. A. D. (2021). UENF WS01: popcorn hybrid with water use efficiency for the State of Rio de Janeiro. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 21(4), e375821411.
- Mafra, G. S., Amaral Junior, A. T. D., Vivas, M., Santos, J. S. D., Silva, F. H. D. L., Guimarães, A. G., & Pena, G. F. (2018). The combining ability of popcorn S7 lines for *Puccinia polysora* resistance purposes. *Bragantia*, 77, 519-526.
- Mafra, G. S., de Almeida Filho, J. E., do Amaral Junior, A. T., Maldonado, C., Kamphorst, S. H., de Lima, V. J., ... & Mora-Poblete, F. (2021). Regional heritability mapping of quantitative trait loci controlling traits related to growth and productivity in popcorn (*Zea mays* L.). *Plants*, 10(9), 1845.

- Manamgoda, D. S., Rossman, A. Y., Castlebury, L. A., Crous, P. W., Madrid, H., Chukeatirote, E., & Hyde, K. D. (2014). The genus *Bipolaris*. *Studies in Mycology*, 79(1), 221-288.
- Manamgoda, D. S., Cai, L., Bahkali, A. H., Chukeatirote, E., & Hyde, K. D. (2011). *Cochliobolus*: an overview and current status of species. *Fungal Diversity*, 51, 3-42.
- Maphumulo, S., Derera, J., Sibiya, J., & Mathew, I. (2021). Combining ability, gene action and heterosis analyses of maize lines that were developed for maize streak virus resistance and acidic soil tolerance. *Euphytica*, 217, 1-18.
- Marcos, M. F., Jank, L., Fernandes, C. D., Verzignassi, J. R., Mallmann, G., Queiróz, C. D. A., & Batista, M. V. (2015). Reação à *Bipolaris maydis*, agente causal da mancha foliar, em híbridos apomíticos de *Panicum maximum*. *Summa Phytopathologica*, 41(3), 197-201.
- Martinez-Franzener, A. D. S. (2006). Avaliação do dano provocado por *Bipolaris maydis* em *Panicum maximum* cv. Tanzânia-1. Marechal Cândido Rondon: UNIOESTE, 41 f. Dissertação (Agronomia), Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Estadual do Oeste do Paraná.
- Matta, F. D. P., & Viana, J. M. S. (2001). Popping expansion tests in popcorn breeding programs. *Scientia Agricola*, 58, 845-851.
- Miotto, A. A., Pinto, R. J. B., Scapim, C. A., Matias, J. L., Coan, M. M. D., & Silva, H. A. D. (2016). Comparison of three tester parents in evaluating popcorn families derived from IAC-125. *Revista Ciência Agronômica*, 47(03), 564-571.
- Mulamba, N. N., Mock, J. J. (1978). Improvement of yield potential of the Et₀ Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 7, 40-51.
- Ngoko, Z., Cardwell, K. F., Marasas, W. F. O., Wingfield, M. J., Ndemah, R., & Schulthess, F. (2002). Biological and physical constraints on maize production

in the Humid Forest and Western Highlands of Cameroon. *European Journal of Plant Pathology*, 108, 893-902.

Oliveira, G. H. F. D., Amaral, C. B. D., Revolti, L. T. M., Buzinaro, R., & Moro, G. V. (2018). Genetic variability in popcorn synthetic population. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 41, e39497.

Parlevliet, J. E. (1979). Components of resistance that reduce the rate of epidemic development. *Annual Review of Phytopathology*, 17(1), 203-222.

Paterniani, M. E. A. G. Z., Ferreira, E. A., Duarte, A. P., & Gallo, P. B. (2010). Potencial de híbridos *topcrosses* de milho no estado de São Paulo. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 9(2), 163-176.

Pereira, M. G., & do Amaral Júnior, A. T. (2001). Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1(1).

Pereira Filho, I. A., Pacheco, C. A. P., & Cruz, J. C. (2010). A cultura do milho-pipoca. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica. Disponível em: Embrapa. Acesso em: 13 de setembro de 2023.

Pereira Filho, I. A., & Borghi, E. (2019). Milho-pipoca é um novo atrativo para o produtor? In: Revista Campo Negócios. Disponível em: Campo Negócios. Acesso em: 28 de agosto de 2023.

Ramalho, M.A.P., Santos, J.B., Zimmermann, M.J.O. (1993). Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia – GO, p 271.

Rangel, R. M., Amaral Júnior, T., Gonçalves, L. S., Paiva Freitas Júnior, S., & Candido, L. S. (2011). Biometric analysis of selection gains in popcorn population of the fifth cycle of recurrent selection. *Revista Ciência Agronômica*, 42(2), 473.

Ribeiro, R. M., Amaral Júnior, A. T. D., Pena, G. F., Vivas, M., Kurosawa, R. N., & Gonçalves, L. S. A. (2016). Effect of recurrent selection on the variability of the

- UENF-14 popcorn population. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16, 123-131.
- Sabato, E.O.; Teixeira, F.F. (2015) Processos para Avaliação da Resistência Genética de Genótipos de Milho aos Enfezamentos Causados por *Mollicutes*. *Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária*. Circular Técnica 210, versão eletrônica- 1^a edição, Embrapa, 8p.
- Saluci, J. C. G. (2019). *Performance* de linhagens de milho-pipoca quanto a resistência à helmintosporiose (*Bipolaris maydis*) e aos atributos agrônômicos. Campos dos Goytacazes: UENF, 70 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal), Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
- Saluci, J. C. G., Vivas, M., Dutra, Í. P., De Almeida, R. N., Santos, J. S., Junior, A. T. D. A., & Pelúzio, J. B. E. (2023). Sources of resistance to *Bipolaris maydis* in popcorn lines under field conditions. *European Journal of Plant Pathology*, 165(3), 545-557.
- Saluci, J. C. G., Vivas, M., de Almeida, R. N., Vasconcelos, L. C., Valadares, F. V., de Andrade Junior, M. S., et al. (2024). Evaluation and selection of sources of resistance in popcorn to southern corn leaf blight. *Plant Pathology*, 00, 1–10.
- Santos, F. S., Amaral Júnior, A. T. D., Freitas Júnior, S. D. P., Rangel, R. M., Scapim, C. A., & Mora, F. (2008). Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcorn population. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 30, 651-655.
- Santos, J. S., de Souza, Y. P., Vivas, M., do Amaral Junior, A. T., de Almeida Filho, J. E., Mafra, G. S., ... & Ferreira, F. R. A. (2020). Genetic merit of popcorn lines and hybrids for multiple foliar diseases and agronomic properties. *Functional Plant Breeding Journal*, 2(2).
- Santos, J. S., Júnior, A. T. D. A., Vivas, M., Vivas, J. M. S., Kurosawa, R. N. F., & Da Silveira, S. F. (2016). Características culturais e patológicas de *Bipolaris*

maydis em diferentes meios de cultura. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 15(3), 461-469.

Santos, J. S., Vivas, M., Amaral Júnior, A. T., Ribeiro, R. M., Mafra, G. S., & Pena, G. F. (2019). Gene effects from *Bipolaris maydis* incidence and severity on popcorn. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 14(4), 1-7.

SANTOS JUNIOR, D. R. Capacidades combinatórias das resistências a ferrugem polissora e helmintosporiose em milho-pipoca estivadas via 44 *testcrosses*. Campos dos Goytacazes: UENF, 2019. 120 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Programa de Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes.

Santos Junior, D. R., Ribeiro, R. M., do Amaral Junior, A. T., Vivas, M., Saluci, 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.

Santos, T. D. O., de Oliveira, F. T., Amaral Junior, A. T. D., de Almeida Filho, J. E., Bispo, R. B., de Freitas, M. S. M., ... & Trindade, R. D. S. (2022). Efeitos aditivos e não aditivos no controle de traços agronômicos chave em linhas de pipoca sob condições de fósforo contrastantes. *Plantas*, 11(17), 2216.

Sawazaki, E. (2001). A cultura do milho-pipoca no Brasil. *O Agrônomo*, Campinas, 53(2), 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*. Viçosa: Editora da UFV, p. 13-53.

Sawazaki, E. (2010). Milho pipoca. In: *An. do XXVIII Congr. Nac. Milho e Sorgo* Milho e Sorgo.

Scapim, C. A., Royer, M. R., Pinto, R. J. B., Júnior, A. T. D. A., Pacheco, C. A. P., & Moterle, L. M. (2008). Comparação de testadores na avaliação da capacidade de combinação de famílias S2 de milho-pipoca. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 7(01).

- Scapim, Carlos Alberto; De Carvalho, Claudio Guilherme Portela; Cruz, Cosme Damião. (1995). Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 30(5), 683-686.
- Seifert, A. L., Carpentieri-Pípolo, V., Ferreira, J. M., & Gerage, A. C. (2006). Combining ability analysis of popcorn populations in *topcrosses*. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41, 771-778.
- Silva, Eliane. (2023). Produção de milho-pipoca estoura no Brasil. Globo Rural. Disponível em: <https://globorural.globo.com>. Acesso em: 19 dez. 2024.
- Silva, H. P. D., Barbosa, M. P. M., Nass, L. L., & Camargo, L. E. A. (2001). Capacidade de combinação e heterose para resistência a *Puccinia polysora* Underw. em milho. *Scientia Agricola*, 58, 777-783.
- Silva, T. R. D. C., Amaral Júnior, A. T. D., Gonçalves, L. S. A., Candido, L. S., Vittorazzi, C., & Scapim, C. A. (2013). Agronomic performance of popcorn genotypes in Northern and Northwestern Rio de Janeiro State. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35, 57-63.
- Silva, V. Q. R., do Amaral Júnior, A. T., Gonçalves, L. S. A., Júnior, S. F., Candido, L. S., Vittorazzi, C., ... & Scapim, C. A. (2010). Combining ability of tropical and temperate inbred lines of popcorn. *Genetics and Molecular Research*, 9(3), 1742-1750.
- Sprague, G. F., & Tatum, L. A. (1942). General vs. specific combining ability in single crosses of corn. *Agronomy Journal*, 34(10), 923-932.
- Souza, Y. P., Teixeira do Amaral Junior, A., de Oliveira, F. T., Khan, S., Saltires Santos, J., & Kamphorst, S. H. (2023). Prospecting of popcorn inbred lines for nitrogen use efficiency and responsiveness. *Revista Ceres*, 70(6).
- Taguchi, V. (2024) Lavouras de pipoca "estouram" no Brasil e produção chega a 382 mil toneladas. *Band Agro*, 14 jun. 2024.
- Thakur, S., Kumar, R., Singh, B., Vikal, Y., Dhaliwal, H. S., Tyagi, V., & Sheikh, I. (2023). Development of southern corn leaf blight (SCLB) resistant and high-

popping volume composite popcorn using phenotypic and marker-assisted selection (MAS). *Cereal Research Communications*, 1-12.

Ullstrup, A. J. (1972). The impacts of the southern corn leaf blight epidemics of 1970-1971. *Annual Review of Phytopathology*, 10(1), 37-50.

Vasconcelos, E. S., Reis, M. S., Sediya, T., & Cruz, C. D. (2012). Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. *Semina: Ciências Agrárias*, 33(1), 65-76.

Viana, J. M. S., Condé, A. B. T., de Almeida, R. V., Scapim, C. A., & Valentini, L. (2007). Relative importance of per se and topcross performance in the selection of popcorn S3 families. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 7(1).

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, 774-780.

Vieira, R. A., et al. (2009). Análise dialélica da resistência a doenças foliares em cultivares endogâmicas de milho pipoca. *Genetics and Molecular Research*, 8(4), 1427-1436.

Voroniak, J. M. (2017). Simulação da produtividade do milho pipoca em diferentes épocas de semeadura na região noroeste do Paraná. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 72 f. Dissertação (Mestre em Agronomia) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Estadual de Maringá.