

SELEÇÃO E RECOMENDAÇÃO DE GENITORES ENDOGÂMICOS
S₇ E HÍBRIDOS F₁ DE MILHO-PIPOCA VISANDO RESISTÊNCIA A
Fusarium verticillioides

GEFERSON ROCHA SANTOS

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
OUTUBRO - 2025

SELEÇÃO E RECOMENDAÇÃO DE GENITORES ENDOGÂMICOS
S₇ E HÍBRIDOS F₁ DE MILHO-PIPOCA VISANDO RESISTÊNCIA A
Fusarium verticillioides

GEFERSON ROCHA SANTOS

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

Orientador: Prof. Marcelo Vivas

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
OUTUBRO – 2025

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S237

Santos, Geferson Rocha.

Seleção e recomendação de genitores endogâmicos S_7 e híbridos F_1 de milho-pipoca visando resistência a *Fusarium verticillioides* / Geferson Rocha Santos. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.

74 f.

Bibliografia: 45 - 58.

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

1. Dialelo parcial. 2. Variabilidade genética. 3. Segurança alimentar. 4. Análises multi-ambientais. 5. Estresses bióticos. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

SELEÇÃO E RECOMENDAÇÃO DE GENITORES ENDOGÂMICOS
S₇ E HÍBRIDOS F₁ DE MILHO-PIPOCA VISANDO RESISTÊNCIA A
Fusarium verticillioides

GEFERSON ROCHA SANTOS

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

Aprovado em 24 de outubro de 2025.

Comissão Examinadora:



Documento assinado digitalmente

YURE PEQUENO DE SOUZA

Data: 21/11/2025 11:36:41-0300

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

Prof. Yure Pequeno de Souza (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - IFMT



Documento assinado digitalmente

GABRIEL MORENO BERNARDO GONCALVES

Data: 21/11/2025 13:12:02-0300

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

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

Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

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

Digo ao Senhor

“Ele é o meu Deus, o meu refúgio, a minha fortaleza e Nele confiarei. Não temerei os terrores da noite, nem a seta que voa de dia, nem a peste perniciosa que anda na escuridão. Mil cairão ao teu lado, dez mil a tua direita, mas eu não serei atingido.”

Salmo 91

DEDICATÓRIA



Sandra Rocha P. Pereira
Gelson de Jesus Santos

Letícia C. de Souza Santos
Alana Vitória Rocha Santos



AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus e à Nossa Senhora Aparecida, cujas bênçãos e proteção foram fundamentais em cada etapa desta jornada. A força divina e a intercessão de Nossa Senhora concederam-me coragem, serenidade e inspiração para superar desafios e seguir adiante, guiando-me com sabedoria e zelo;

Registro minha profunda gratidão aos meus pais, verdadeiros pilares de sustentação e motivação. Ao meu pai, Gelson de Jesus Santos, e à minha mãe, Sandra Rocha Prates Pereira, agradeço por todo amor, incentivo e pelos inúmeros sacrifícios feitos para que eu pudesse alcançar meus sonhos. Seu apoio incondicional e sua fé no meu potencial foram essenciais para que eu chegasse até aqui;

À minha esposa, Letícia Casseano de Souza Santos, expresso meu sincero agradecimento pela compreensão, paciência e amor demonstrados ao longo de toda esta trajetória. Sua parceria constante me ajudou a equilibrar os desafios acadêmicos com a vida familiar. À minha amada filha, Alana Vitória Rocha Santos, agradeço pela alegria e motivação que trouxe aos meus dias e por ser fonte permanente de inspiração, força e persistência. Sua presença iluminou cada etapa desta jornada, motivando-me a seguir adiante mesmo diante dos maiores desafios;

Meu agradecimento especial ao meu orientador e amigo Marcelo Vivas, cujo conhecimento, orientações e dedicação foram cruciais para o desenvolvimento deste trabalho. Sua expertise e apoio foram inestimáveis, moldando e refinando

minhas ideias e pesquisas. Sou profundamente grato pelo tempo e esforço investidos em minha formação acadêmica;

Aos meus conselheiros, Gabriel Moreno Bernado Gonçalves e Alexandre Pio Viana, agradeço pelas contribuições de excelência, pela experiência compartilhada e pelos ensinamentos que embasaram este documento;

Aos meus amigos, Patrícia Soares Furno Fontes e Alexandre Fontes, agradeço pelo apoio constante durante minha trajetória acadêmica e por serem referências que me inspiram a buscar sempre a excelência profissional;

Aos meus colegas e amigos do Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG) — Hércules Santos, Rafael Nunes, Yure Pequeno, Luana Vasconcelos, Marcelo Serafin e Ana Lúcia Rangel — registro minha gratidão pela colaboração nas etapas experimentais e nas avaliações, sempre com disposição e companheirismo;

Ao secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, José Daniel, agradeço pela solicitude, eficácia e excelência profissional, fundamentais para o bom andamento de todo o processo acadêmico;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), expresso minha gratidão por possibilitar a concretização deste passo essencial em minha trajetória profissional e acadêmica;

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, agradeço pela oportunidade de adquirir e compartilhar conhecimentos científicos que contribuíram amplamente para minha formação;

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

Por fim, agradeço a todos os colaboradores que contribuíram, direta ou indiretamente, para o desenvolvimento desta pesquisa.

SUMÁRIO

RESUMO	xi
ABSTRACT	xiii
1 INTRODUÇÃO	1
2 OBJETIVOS	4
2.1 Objetivo geral	4
2.2 Objetivos específicos	4
3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	5
3.1 Aspectos gerais da cultura do milho	5
3.2 Aspectos socioeconômicos do cultivo de milho	6
3.3 Podridão de espigas e micotoxinas associadas	8
3.4 Capacidade de combinação entre genitores	11
3.5 Delineamento genético topcross	12
3.6 Escolha de testadores	13
4 MATERIAL E MÉTODOS	15
4.1 Germoplasma	15
4.2 Obtenção dos híbridos topcrosses	16
4.3 Delineamento experimental e avaliação dos híbridos	18
4.4 Variáveis e análises estatísticas	21
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
5.1 Análise de variância e capacidade de combinação	25
5.2 Estimativas das capacidades combinatória	28

5.3 Análise GGE biplot.....	34
6 CONCLUSÕES.....	44
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	45

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Ilustração demonstrando a capacidade de expansão (CE) do grão de milho-pipoca durante sua transformação em pipoca	2
Figura 2. Esquema didático ilustrando a evolução da cultura do milho, destacando as principais etapas de domesticação, melhoramento genético e avanços tecnológicos ao longo do tempo	6
Figura 3. Esquema ilustrativo da infecção ocasionada pelo fungo do gênero <i>Fusarium</i> em diferentes níveis de intensidade, em espigas e grãos de milho-pipoca.....	8
Figura 4. Croqui representativo da configuração espacial dos quatro testadores e das 18 diferentes linhagens de milho-pipoca, que fizeram parte do cruzamento em delineamento genético topcross, para obtenção dos híbridos F ₁	17
Figura 5. Croqui esquemático da configuração espacial das parcelas de híbridos de milho-pipoca obtidos em delineamento genético topcross e avaliados em delineamento estatístico de blocos casualizados com 2 repetições.....	19
Figura 6. Valores quinzenais, referentes à temperatura média (°C), precipitação (mm) e umidade relativa do ar (%) durante a condução experimental do ensaio a campo em Campos dos Goytacazes (a), Itaocara (b) e Cambuci (c), estado do Rio de Janeiro, Brasil de 2022.....	20

Figura 7. Escala diagramática para avaliação da severidade de FER em milho-pipoca proposta por Cymmyt (1994), com modificações em incrementos de 5% em 5% nas notas de severidade.....	22
Figura 8. Gráfico “discriminante vs. representativo” da análise biplot Genótipo x Ambiente (GGE) para severidade de <i>Fusarium</i> em 72 híbridos de milho-pipoca avaliados em três ambientes do Norte e Noroeste Fluminense (Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara).....	36
Figura 9. Gráfico “média vs. estabilidade” da análise biplot Genótipo x Ambiente (GGE) para severidade de <i>Fusarium</i> em 72 híbridos de milho-pipoca avaliados em três ambientes do Norte e Noroeste Fluminense (Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara).....	38
Figura 10. Desempenho de 72 híbridos de milho-pipoca avaliados em Itaocara, quanto à resistência à FER, medida com base na ASE. A linha tracejada representa a média geral do desempenho para a característica. Letras minúsculas sobre as barras indicam o agrupamento de médias de Scott-Knott (1974) ($p < 0,05$).....	40
Figura 11. Desempenho de 72 híbridos de milho-pipoca avaliados em Cambuci, quanto à resistência à FER, medida com base na ASE. A linha tracejada representa a média geral do desempenho para a característica. Letras minúsculas sobre as barras indicam o agrupamento de médias de Scott-Knott (1974) ($p < 0,05$).....	41
Figura 12. Desempenho de 72 híbridos de milho-pipoca avaliados em Campos dos Goytacazes, quanto à resistência à FER, medida com base na ASE. A linha tracejada representa a média geral do desempenho para a característica. Letras minúsculas sobre as barras representam o agrupamento de médias de Scott-Knott (1974) ($p < 0,05$).....	42
Figura 13: Diagrama de Venn evidenciando o número de linhagens, testadores e combinações L×T superiores para a redução da severidade de <i>Fusarium</i> em ambientes da região Norte e Noroeste Fluminense.....	43

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Relação de linhagens e testadores utilizados em delineamento genético topcross para obtenção de 72 híbridos F ₁	16
Tabela 2. Resumo da ANOVA conjunta para severidade de <i>Fusarium</i> nos grãos (FER), em 72 híbridos topcrosses de milho-pipoca, avaliados em três municípios da região Norte e Noroeste Fluminense (Cambuci, Campos dos Goytacazes e Itaocara).....	26
Tabela 3. Resumo da análise de variância individual para severidade de <i>Fusarium</i> nos grãos (FER), em 72 híbridos topcrosses de milho-pipoca avaliados em três municípios da região Norte e Noroeste Fluminense (Cambuci, Campos dos Goytacazes e Itaocara).....	27
Tabela 4. Estimativas dos efeitos das capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação entre 18 linhagens, quatro testadores e 72 híbridos de milho-pipoca para resistência à podridão de espiga (FER), avaliados em Cambuci/RJ.....	30
Tabela 5. Estimativas dos efeitos das capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação entre 18 linhagens, quatro testadores e 72 híbridos de milho-pipoca para resistência à podridão de espiga (FER), avaliados em Campos dos Goytacazes/RJ.....	31
Tabela 6. Estimativas dos efeitos das capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação entre 18 linhagens, quatro testadores e 72 híbridos de milho-pipoca para resistência à podridão de espiga (FER), avaliados em Itaocara/RJ.....	33

RESUMO

SANTOS, Geferson Rocha; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; outubro de 2025; Seleção e recomendação de genitores endogâmicos S₇ e híbridos F₁ de milho-pipoca visando resistência a *Fusarium verticillioides*; Orientador: D.Sc. Marcelo Vivas; Conselheiros: D.Sc. Alexandre Pio Viana e D.Sc. Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves.

A alta severidade de podridão de espigas (FER), ocasionada por fungos do gênero *Fusarium*, compromete a qualidade do milho-pipoca e, devido à síntese de micotoxinas por esses patógenos, representa ameaça à saúde humana. Diante desse cenário, o objetivo deste estudo foi selecionar híbridos estáveis e resistentes, bem como proceder a seleção de parentais como fontes de alelos favoráveis para resistência à FER. Para isso, foram obtidos híbridos topcrosses a partir do cruzamento de 18 linhagens com quatro testadores. Os híbridos foram avaliados a campo em três ambientes, em delineamento de blocos casualizados (DBC). A severidade de FER foi estimada com auxílio de escala diagramática, sendo os dados utilizados para análise dialélica e cálculo da área sadia da espiga (ASE). As informações de ASE foram submetidas às análises de variância individual e conjunta (ANOVA) pelo teste F ($p < 0.05$). Considerando o efeito significativo da interação G×A, procedeu-se à análise GGE biplot, complementada pelo teste de agrupamento de médias. Para facilitar a visualização das relações entre os conjuntos de linhagens, testadores e híbridos, em cada ambiente e no conjunto deles, elaborou-se um diagrama de Venn. Todas as análises foram conduzidas com

o software estatístico R. As análises de variâncias demonstraram a existência de variabilidade genética, permitindo a seleção de híbridos, linhagens e testadores com maior resistência à FER. Os coeficientes de variação (CV%) foram baixos, indicando boa condução experimental e confiabilidade dos resultados obtidos. A análise GGE biplot explicou 82,53% da variação total, permitindo identificar híbridos adaptados e linhagens elite nos diferentes ambientes. A capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação exerceram influência expressiva sobre a resistência à FER em milho-pipoca. Verificou-se resposta diferencial dos híbridos conforme os ambientes. Para promover ganhos na resistência à FER, recomenda-se a utilização de parentais com altos valores médios de ASE e elevada CGC.

Palavras-chave: dialelo parcial; variabilidade genética; segurança alimentar; análises multi-ambientais; estresses bióticos.

ABSTRACT

SANTOS, Geferson Rocha; D.Sc.; State University of North Fluminense Darcy Ribeiro; october 2025. Selection and recommendation of inbred lines S₇ and F₁ hybrids of popcorn corn for resistance to *Fusarium verticillioides*; Advisor: D.Sc. Marcelo Vivas; Committee members: D.Sc. Alexandre Pio Viana and D.Sc. Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves.

The high severity of ear rot (FER), caused by fungi of the *Fusarium* genus, compromises popcorn quality and, due to the synthesis of mycotoxins by these pathogens, poses a risk to human health. In this context, the objective of this study was to select stable and resistant hybrids, as well as to select parental lines as sources of favorable alleles for resistance to FER. To achieve this, topcross hybrids were obtained by crossing 18 inbred lines with four testers. The hybrids were evaluated under field conditions across three environments, using a randomized complete block design (RCBD). FER severity was estimated using a diagrammatic scale, and the data were used for diallel analysis and calculation of the healthy ear area (ASE). ASE data were subjected to individual and combined analyses of variance (ANOVA) using the F-test ($p < 0.05$). Given the significant genotype-by-environment interaction (G×A), a GGE biplot analysis was performed, complemented by a mean-clustering test. To facilitate visualization of the relationships among line sets, testers, and hybrids in each environment and across all environments, a Venn diagram was constructed. All analyses were performed using the R statistical software. The analyses of variance revealed substantial

genetic variability, enabling the selection of hybrids, inbred lines, and testers with improved resistance to FER. The coefficients of variation (CV%) were low, indicating good experimental precision and reliability of the results. The GGE biplot explained 82.53% of the total variation, allowing the identification of well-adapted hybrids and elite lines across environments. The general (GCA) and specific (SCA) combining abilities exerted strong influence on FER resistance in popcorn maize. Differential hybrid responses across environments were observed. To enhance FER resistance, the use of parental lines with high mean ASE values and strong GCA effects is recommended.

Keywords: partial diallel; genetic variability; food safety; multi-environment analyses; biotic stresses

1 INTRODUÇÃO

No atual contexto da agricultura mundial, o milho (*Zea mays* subsp. *mays*) é uma espécie vegetal de importância significativa, não somente pelo seu expressivo valor econômico, mas também por sua relevância social. Nos países menos desenvolvidos, o consumo do milho é de extrema importância na subsistência da população humana, graças ao seu elevado valor energético, por ser rico em amido, proteína, lipídeos, fibras, micronutrientes, vitaminas hidrossolúveis, β -caroteno e minerais essenciais, como magnésio, zinco, fósforo e cobre (Ildiz et al., 2019). O milho contém antioxidantes que protegem de várias doenças degenerativas (Shah et al., 2016). No Brasil, o milho assume papel preponderante, visto que sua utilização abrange tanto a alimentação humana quanto a animal, sendo, a terceira cultura alimentar mais importante, depois do arroz e do trigo (Prestes et al., 2019).

Entre as diversas finalidades do milho, destaca-se o cultivo do milho-pipoca (*Zea mays* var. *Everta*), pertencente ao grupo dos milhos especiais, que têm ganhado espaço tanto no mercado consumidor quanto em programas de melhoramento genético. Essa variedade apresenta grãos com características morfofisiológicas que favorecem a capacidade de expansão (CE) quando estes são submetidos a altas temperaturas. Este fenômeno, descrito como *popping expansion* (Silva et al., 1993; Larish e Brewbaker, 1999), é fundamental para a transformação dos grãos em pipoca (Figura 1), sendo influenciado por atributos como teor de umidade, espessura do pericarpo e proporção de endosperma vítreo.



Figura 1. Ilustração demonstrando a capacidade de expansão (CE) do grão de milho-pipoca durante sua transformação em pipoca.

Esse fenômeno ocorre devido à presença de um endosperma duro e resistente que retém vapor d'água quando aquecido, gerando pressão e, logo, a explosão do grão (Faria Junior et al., 2019). Além disso, o milho-pipoca apresenta uma composição nutricional única, com alta concentração de fibras e antioxidantes (Paes, 2006), tornando-o uma opção saudável para o consumo humano.

O cultivo de milho-pipoca apresenta alta rentabilidade e valor econômico visto que este pode ser comercializado com preços acima do valor do milho comum (Freire et al., 2020). Atualmente, o Brasil é o segundo maior produtor mundial de milho-pipoca, produzindo aproximadamente 268.402 mil toneladas do grão (0,23% do volume de milho comum) (Blecher, 2019; Feltrin, 2022). Essa diferença entre a produção de milho-pipoca e milho comum pode ser explicada pela indisponibilidade de sementes de milho-pipoca no mercado brasileiro, tornando necessária a importação destas de outros países produtores, o que dificulta a expansão do cultivo nacional (Catão e Caixeta, 2017; Catão et al., 2020; Santos, 2022).

Outro entrave que dificulta a expansão da espécie no Brasil, é a sua suscetibilidade a doenças, uma vez que as cultivares cultivadas são oriundas de clima temperado e não são totalmente adaptadas às condições tropicais. As doenças de plantas constituem manifestações patológicas complexas que resultam do mau funcionamento das células ou tecidos do hospedeiro, provocado por irritação persistente ou contínua causada por agentes patogênicos (fatores bióticos) ou pelo ambiente (fatores abióticos), configurando um processo dinâmico e multifatorial (Agrios, 2004).

Entre os fatores bióticos, os fungos se destacam como causadores de uma variedade de doenças em plantas, incluindo infecções que afetam diferentes partes da planta, como raízes, caules, folhas e frutos. Além dos danos à produtividade das lavouras de milho-pipoca, as doenças fúngicas também podem comprometer significativamente a qualidade dos grãos colhidos, como é o caso da *Fusarium* Ear Rot (FER), causada pelo fungo *Fusarium verticillioides* (Sacc.) Nirenberg (Folcher et al., 2009). Essa doença é particularmente preocupante por provocar redução no peso e no tamanho dos grãos, além da formação de manchas, desenvolvimento de mofo e contaminação por fumonisinas. As fumonisinas constituem um grupo de micotoxinas produzidas por algumas espécies de fungos do gênero *Fusarium*, principalmente pela espécie *F. verticillioides* (Gelderblom et al., 1988).

As fumonisinas mais importantes são a FB1 e a FB2, que são regulamentadas em níveis máximos em alimentos para evitar a exposição excessiva e proteger a saúde pública (ANVISA, 2017). As autoridades reguladoras estabelecem limites de tolerância para a presença dessas micotoxinas em alimentos, com base em evidências científicas e avaliações de risco à saúde humana e animal (Marasas, 2001; Raquema et al., 2011). A exposição crônica às fumonisinas pode acarretar problemas de saúde, incluindo danos ao fígado, rins, sistema imunológico e sistema nervoso central, além de serem classificadas como potenciais agentes carcinogênicos e induzirem morte celular programada (Riley e Merrill, 2019). A contaminação por fumonisinas também pode afetar a cadeia produtiva animal, gerando impactos econômicos negativos sobre a pecuária (Munkvold et al., 2019).

Conforme descreve Nazareno et al. (2018), o melhoramento genético de plantas é uma alternativa eficiente e sustentável para lidar com doenças fúngicas em culturas comerciais, como por exemplo o milho-pipoca. Neste sentido, a obtenção de híbridos simples oriundo de cruzamentos controlados de linhagens endogâmicas é de suma importância para lançamento de novas cultivares (Duvick, 2005; Troyer, 2006). Por meio do uso de delineamentos genéticos, é possível identificar a herança de características de interesse, como a resistência a *Fusarium*, o que contribui para o desenvolvimento de estratégias de melhoramento viáveis e ambientalmente sustentáveis. Esse processo possibilita a obtenção de novas variedades candidatas a fontes de resistência, as quais podem ser utilizadas para aprimorar a produção de alimentos e promover a segurança alimentar.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Selecionar híbridos topcross de milho-pipoca estáveis e resistentes, bem como selecionar linhagens parentais como fontes de alelos favoráveis à resistência à FER no Norte e Noroeste do Rio de Janeiro.

2.2 Objetivos específicos

- Compreender a contribuição dos efeitos aditivos (CGC) e não aditivos (CEC) na resistência ao FER em híbridos de milho-pipoca;
- Orientar estratégias de melhoramento para resistência ao FER em milho-pipoca com base na natureza dos efeitos genéticos; e
- Avaliar a eficácia de ferramentas analíticas para melhorar a interpretação dos resultados da CGC e da CEC.

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 Aspectos gerais da cultura do milho

O milho é uma planta diploide ($2n = 2x = 20$), alógama, que se reproduz preferencialmente por fecundação cruzada. Pertencente à família Poaceae e ao gênero *Zea*, cinco espécies são comumente reconhecidas: *Z. diploperennis*, *Z. luxurians*, *Z. nicaraguensis*, *Z. perennis* e *Z. mays*, amplamente distribuídas do norte do México ao sul da América Central. A espécie *Z. mays* inclui três subespécies: o milho da região central da Guatemala (*Z. mays* subsp. *huehuetenangensis*), o milho das montanhas do planalto central do México (*Z. mays* subsp. *mexicana*) e o milho domesticado (*Z. mays* subsp. *mays*), cultivado em larga escala e composto por diversas variedades, incluindo o milho-pipoca (*Z. mays* var. *Everta*) (Manchanda et al., 2018).

Diversos estudos indicam que a América Central, mais especificamente nas proximidades da Bacia do Rio Balsas, na região Sudoeste do México, constitui o centro de origem do milho (Matsuoka et al., 2002; Piperno et al., 2009; Van Heerwaarden et al., 2011).

Cultivado há aproximadamente oito a dez mil anos (Paterniani et al., 2000), o milho foi uma das culturas mais relevantes para as civilizações asteca, maia e inca. O nome científico da espécie foi atribuído por Lineu em sua classificação de gêneros e espécies: “zeia”, do grego, significa “grãos” ou “cereal”, e “mays” faz referência aos maias, um dos principais povos da América. A importância do milho

extrapola fronteiras geográficas, sendo utilizado em diferentes culturas e tradições ao redor do mundo.

A domesticação do milho ocorreu a partir de seu ancestral comum, o teosinte (*Z. mays* subsp. *parviglumis*), em um processo antigo que remonta a cerca de 9 mil anos, segundo Stitzer e Ross-Ibarra (2018). De acordo com Wang et al. (2020), as plantas passaram por uma contínua seleção artificial e melhoramento genético, originando múltiplas variedades com características distintas, preservando a ampla variabilidade genética da espécie (Figura 2).

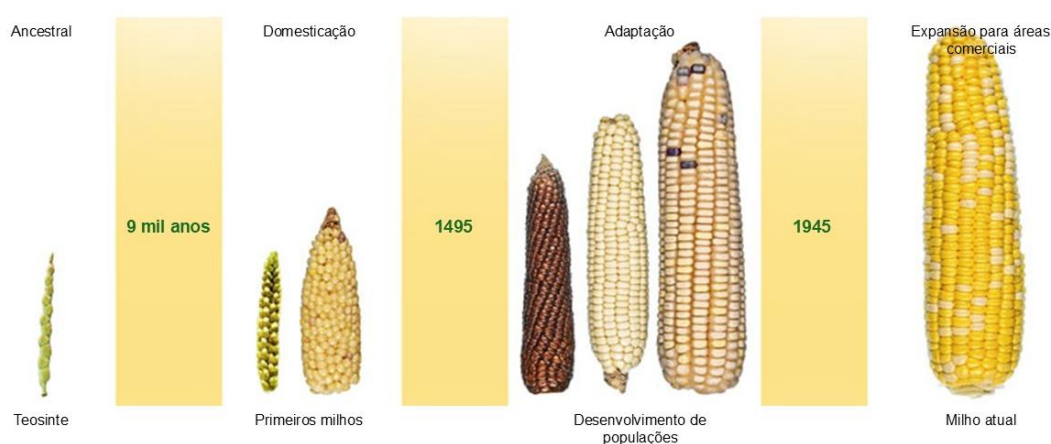


Figura 2. Esquema didático ilustrando a evolução da cultura do milho, destacando as principais etapas de domesticação, melhoramento genético e avanços tecnológicos ao longo do tempo.

De acordo com Silva et al. (2017), o milho-pipoca se diferencia do milho comum pela presença de uma fina cápsula que envolve o endosperma do grão, o que confere aos grãos um tamanho menor e a capacidade de estourar e formar os flocos característicos da pipoca quando submetidos ao calor. Além disso, a composição química do milho-pipoca é distinta, com maior quantidade de amido e menor teor de proteína e açúcares, como apontado por Freire et al. (2020). Essas características são fundamentais para o sucesso do milho-pipoca como um produto único e muito apreciado, que tem conquistado cada vez mais espaço no mercado devido ao seu alto valor agregado.

3.2 Aspectos socioeconômicos do cultivo de milho

O milho é um cultivo de grande importância socioeconômica em escala global, devido ao seu impacto na dieta humana e às suas múltiplas aplicações em diversos setores industriais. O endosperma do grão apresenta composição química rica em nutrientes, proteínas essenciais e vitaminas, incluindo as do complexo C, que desempenham papel relevante na prevenção do escorbuto. Além disso, o milho constitui matéria-prima fundamental para a produção de biocombustíveis, polímeros industriais, bebidas, artesanatos e diversas outras aplicações (Santos et al., 2015).

De acordo com informações divulgadas pela Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB (2022), a produção de milho no Brasil em 2021 totalizou aproximadamente 113,47 milhões de toneladas. Deste montante, o milho comum correspondeu a cerca de 99,66% da produção total, alcançando 113,2 milhões de toneladas. Já a produção de milho-pipoca representou cerca de 0,24% do total, totalizando cerca de 270 mil toneladas.

Embora a produção de milho-pipoca seja inferior à do milho comum, o cultivo de milhos especiais destinados à alimentação humana tem-se mostrado bastante atrativo devido ao seu elevado valor agregado. Conforme destacado por Brandão (2018) e Freire et al. (2020), a pipoca é uma variedade de milho especial amplamente apreciada no Brasil, sobretudo por apresentar valor comercial superior ao do milho comum. Apesar de sua popularidade, a área destinada ao cultivo de milho-pipoca ainda é reduzida, representando menos de 0,5% da área total cultivada com milho, segundo a CONAB (2022). Esse nicho de mercado tem atraído crescente interesse de produtores e investidores, que buscam aproveitar o potencial de lucratividade associado ao cultivo de milhos especiais.

Segundo informações da SEGS (2019), o Brasil ocupa a segunda posição no ranking mundial de consumo de pipoca, tendo consumido cerca de 250 mil toneladas do grão em 2018, movimentando aproximadamente US\$ 630 milhões. Para 2024, projeta-se um incremento de 130 mil toneladas no consumo, o que poderá gerar cerca de US\$ 850 milhões. Diante dessa previsão de aumento na demanda nacional por pipoca, é razoável supor que haja também maior procura por novas variedades de milho-pipoca no mercado. Essa tendência reafirma a necessidade de que os programas de melhoramento genético invistam substancialmente em recursos para a obtenção de genótipos promissores, dotados de características agronômicas desejáveis, como resistência a doenças fúngicas

que afetam o cultivo da espécie, especialmente aquelas causadas por patógenos do gênero *Fusarium*.

3.3 Podridão de espigas e micotoxinas associadas

A podridão de espiga em milho-pipoca, também conhecida como *Fusarium* Ear Rot (FER), é uma doença fúngica causada predominantemente pelo agente etiológico *Fusarium verticillioides* (Sacc.) Nirenberg (Nirenberg e O'Donnell, 1998) (sinônimo *Fusarium moniliforme*, Sheldon, teleomorfo *Gibberella moniliformis*). A complexa interação entre o patógeno e a planta hospedeira resulta em diversos sintomas, incluindo estrias rosadas nos grãos, que são responsáveis pelo nome popular da doença (Carbas et al., 2021). A FER é responsável por perdas consideráveis de rendimento de milho em todo o mundo (Bottalico, 1998). Os sintomas de FER estão relacionados ao genótipo da planta, condições ambientais e grau de infecção (Bacon et al., 2008).

Sabato et al. (2013) descrevem que a manifestação dos sintomas da FER se dá na espiga, com a presença de grãos que apresentam coloração rosa, dispersos individualmente ou agrupados. Em alguns casos, é possível observar a presença de micélio cottonoso rosado sobre os grãos afetados. Quando a infecção ocorre em estágios mais avançados, os grãos podem apresentar diversas estrias brancas em diferentes níveis de infecção (Figura 03).



Figura 3. Esquema ilustrativo da infecção ocasionada pelo fungo do gênero *Fusarium* em diferentes níveis de intensidade, em espigas e grãos de milho-pipoca. Fonte: Geferson Rocha Santos (2024).

De acordo com Marín et al. (1996), a germinação dos conídios do fungo *F. verticillioides* é influenciada por fatores como a umidade relativa, temperatura e potencial hidrogeniônico (pH). Pesquisas estabeleceram que a temperatura ideal para o crescimento desse fungo gira entre 22,5 e 27,5°C, com temperaturas máximas oscilando entre 32,0 e 37,0°C e mínimas oscilando entre 22,5 e 27,5°C (Bacon e Nelson, 1994). Porém, em um estudo feito por Marín et al. (1995), foi observado que o desenvolvimento do *F. verticillioides* e do *F. proliferatum* ocorreu em uma temperatura de 40,0°C, com atividade hídrica acima de 0,94 (alta disponibilidade de água). Vale ressaltar que essas informações são relevantes para entender as condições ideais para o crescimento do fungo e, assim, desenvolver estratégias de controle da doença.

A crescente incidência fúngica e o surgimento de diversas doenças ao cultivo de milho, podem ser explicados por vários fatores, como expansão do plantio para duas safras, intensificação do cultivo em áreas irrigadas, o uso de variedades não adaptadas, ampla utilização de defensivos, elevada população de plantas e atraso na colheita (Juliatti et al., 2007).

A presença de FER nos cultivos de milho-pipoca causa grandes prejuízos, e o método de controle mais eficiente e sustentável consiste na obtenção de híbridos resistentes ao fungo *F. verticillioides*. Até o momento, sabe-se que a resistência à FER apresenta herança poligênica e controle genético complexo (Mesterházy et al., 2012). Apesar da ocorrência errática de epidemias, a doença necessita de controle, pois o patógeno contamina os grãos com micotoxinas nocivas (Munkvold, 2003; Missmer et al., 2006).

O gênero *Fusarium* é amplamente reconhecido como um dos mais relevantes no campo da patologia vegetal a nível global, frequentemente associado à murcha e a outras doenças de espécies vegetais de elevada importância econômica (Booth, 1971). Ademais, diversas espécies produzem micotoxinas capazes de provocar enfermidades em humanos e animais (Hawksworth et al., 1995; Jouany, 2007), o que torna o tema ainda mais relevante. Entre as micotoxinas produzidas por espécies de *Fusarium*, destacam-se os tricotecenos, a zearalenona, as fumonisinas e a moniliformina.

As infecções causadas por fungos do gênero *Fusarium* podem resultar em drástica redução na produtividade no momento da colheita, ocasionando perdas econômicas significativas. Segundo Uhlig et al. (2007), várias espécies do gênero

estão associadas a doenças de plantas, merecendo destaque *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. avenaceum*, *F. verticillioides*, *F. roseum*, *F. oxysporum*, *F. tricinctum* e *F. nivale*. Algumas são altamente patogênicas; outras produzem micotoxinas extremamente prejudiciais à saúde humana e animal.

De acordo com Marín et al. (1999), *F. verticillioides* é especialmente relevante na produção de micotoxinas, pois pode contaminar grãos de milho tanto antes quanto após a colheita, produzindo, em condições favoráveis, toxinas pertencentes ao grupo das fumonisinas. Zhou et al. (2018) reforçam que as fumonisinas são predominantemente produzidas por *F. verticillioides* e *F. proliferatum*.

As micotoxinas acumuladas em plantas infectadas ou em grãos armazenados podem causar neurotoxicidade, hepatotoxicidade e nefrotoxicidade em animais e humanos (Gaikpa e Miedaner, 2019; Li et al., 2019). Esposito et al. (2016) relatam a identificação de 28 tipos de fumonisinas, classificadas nos grupos A, B, C e P. Entre elas, as fumonisinas B1 (FB1), B2 (FB2) e B3 (FB3) são as mais prevalentes. A estrutura dessas toxinas é caracterizada por uma cadeia aminopolihidroxialquílica de 20 carbonos esterificada com duas moléculas de ácido tricarboxílico (TCA), variando nas quantidades e posições dos grupos hidroxila (–OH), o que lhes confere diferenças estruturais.

Ross et al. (1992) afirmaram que a ingestão de grãos contaminados com fumonisinas pode causar leucoencefalomalácia em equinos e coelhos, caracterizada por amolecimento e cavitações na substância branca do cérebro.

Além disso, Desjardins et al. (1998) relataram que suínos expostos a essas toxinas podem desenvolver inchaço e edema pulmonar. Em roedores, a exposição resulta no desenvolvimento de câncer hepático (Desjardins, 2006). Em algumas regiões da África do Sul, observou-se correlação significativa entre o consumo de grãos com elevados níveis de fumonisinas e a ocorrência de câncer de esôfago em humanos (Munkvold e Desjardins, 1997).

As micotoxinas apresentam efeitos nefrotóxicos, hepatotóxicos e imunossupressores amplamente documentados. Consequentemente, a contaminação micotoxicológica do milho pode impactar seriamente a saúde animal, além de gerar prejuízos econômicos para as cadeias produtivas de grãos e de proteína animal, além de causar prejuízos econômicos para a cadeia de produção de grãos e para cadeia de produção animal (Munkvold et al., 2019).

Diversos fatores como a genética das sementes, o solo, a irrigação, a localização e as condições climáticas podem levar a variações na qualidade do grão (Liu et al., 2020), na sua composição nutricional (Vargas et al., 2023), no nível de contaminação micotoxicológica (Tyska et al., 2022) e, consequentemente, nos custos de formulação das rações (Mallmann et al., 2019). Assim, à medida que se amplia o conhecimento sobre os fatores que geram variabilidade no milho, torna-se possível otimizar o uso desse ingrediente nas cadeias produtivas que dele dependem.

3.4 Capacidade de combinação entre genitores

A identificação de progênies e híbridos superiores é essencial para garantir a disponibilização de novas cultivares e de genitores para futuros cruzamentos. O desenvolvimento de híbridos baseia-se no fenômeno da heterose, que consiste no aumento do vigor e da aptidão de um indivíduo híbrido em relação aos seus genitores (Shull, 1952). Para que a heterose seja explorada de forma eficiente, é necessário identificar pais com potencial para originar combinações híbridas de elevado desempenho. Entretanto, genitores com características agronômicas superiores nem sempre as transmitem às suas progênies. Para superar essa limitação, o conceito de capacidade de combinação tem sido amplamente empregado na seleção de pais em programas de melhoramento de plantas híbridas (Chen et al., 2019).

A capacidade geral de combinação (CGC) refere-se ao valor médio de uma linhagem quando cruzada em múltiplas combinações, sendo determinada principalmente pelos efeitos aditivos dos genes e expressando-se em termos de desempenho médio dos híbridos formados. Por sua vez, a capacidade específica de combinação (CEC) avalia o desempenho de uma combinação híbrida particular, refletindo o valor genético resultante do cruzamento entre duas linhagens específicas em determinado ambiente. A CEC é influenciada predominantemente por efeitos gênicos não aditivos, enquanto a CGC resulta, em maior parte, da ação aditiva dos genes (Viégas e Miranda Filho, 1978).

Segundo Sprague e Tatum (1942), a CGC é afetada principalmente pela ação gênica aditiva, que exerce efeito linear sobre o desempenho dos híbridos. Por esse motivo, a CGC é considerada fundamental para a seleção de genitores, uma

vez que linhagens com alta CGC tendem a originar híbridos superiores, em média. Em contraste, a CEC está associada a interações gênicas — como dominância, epistasia e interação genótipo × ambiente — o que a torna mais difícil de prever e mais suscetível à variabilidade decorrente tanto dos genitores utilizados quanto das condições ambientais. Assim, a seleção de genitores com elevada CEC é essencial para o desenvolvimento de híbridos altamente adaptados a condições específicas de cultivo.

3.5 Delineamento genético topcross

No início dos estudos com milho híbrido, verificou-se que a avaliação fenotípica das linhagens não era um bom indicador de seu desempenho em cruzamentos. No entanto, conforme Paterniani e Campos (1999), a avaliação de um grande número de linhagens por meio de cruzamentos pode tornar-se impraticável quando estas já apresentam elevado grau de homozigose.

Por exemplo, em cruzamentos dialélicos, nos quais cada um dos n genitores é cruzado com todos os demais $n - 1$ genitores, obtêm-se $n(n - 1)$ combinações possíveis. Essas combinações podem ser agrupadas em três categorias distintas, de acordo com Griffing (1956):

- O primeiro grupo de combinações corresponde às autofecundações dos genitores, que originam as próprias linhas puras;
- O segundo grupo corresponde aos cruzamentos entre pares de genitores diferentes, resultando em híbridos F_1 heterozigóticos. Existem $\frac{n(n-1)}{2}$ desses híbridos F_1 ; e
- O terceiro grupo corresponde aos híbridos F_1 recíprocos, que são produzidos quando cada um dos n genitores é utilizado como pai em um cruzamento e como mãe em outro. Assim como no caso dos híbridos F_1 heterozigóticos, existem $\frac{n(n-1)}{2}$ híbridos F_1 recíprocos possíveis.

No entanto, uma das principais restrições impostas pelo uso dos cruzamentos dialélicos completos é a grande quantidade de genitores envolvidos, gerando um número elevado de combinações híbridas a serem avaliadas, o que é

inviável para os programas de melhoramento genético, principalmente, por conta dos altos custos envolvidos (Veiga et al., 2000). Um método alternativo é o uso do modelo de análise dialélica parcial, que proporciona reduções no número de combinações formadas, devido à avaliação de somente dois grupos de variedades ou linhagens, possibilitando maior economia para a estimação de parâmetros genéticos (Miranda Filho e Geraldi, 1984).

Apesar das vantagens proporcionadas pelo uso de dialelos parciais na redução da complexidade e dos custos dos cruzamentos, ainda persistem desafios significativos para sua aplicação em larga escala na indústria, tanto no que se refere à execução dos cruzamentos quanto à avaliação das linhagens resultantes (Moreira Júnior, 1995).

Devido às dificuldades e aos custos envolvidos no uso de dialelos parciais em programas de melhoramento, Davis (1927) sugeriu a utilização de topcross, em que as linhagens são avaliadas em cruzamentos com um testador comum. Esse processo permite a seleção das linhagens com melhor desempenho e descarte das menos promissoras, o que torna os programas de desenvolvimento de híbridos mais eficientes e racionalizados (Elias et al., 2000; Miranda Filho e Gorgulho, 2001).

Conforme evidencia Hallauer et al. (2010), o emprego deste método tem como objetivos avaliar a capacidade de combinação das linhagens para a formação de híbridos e analisar os valores genéticos dos genótipos da população que se deseja melhorar. Contudo, um problema encontrado no uso do topcross é a escolha de testadores que proporcionem a melhor discriminação entre as linhagens, de acordo com a finalidade do programa de seleção.

3.6 Escolha de testadores

Em consonância com com Hallauer e Miranda Filho (1981), as diferenças entre testadores de base genética ampla e estreita estão relacionadas, principalmente, às frequências gênicas. Em um testador de base genética ampla, as frequências para diferentes *loci* variam de 0 a 1, o que permite sua utilização sob a suposição de que a superioridade das linhagens selecionadas é devida à sua maior capacidade geral de combinação, associada aos efeitos gênicos aditivos. Já em um testador de base genética estreita, as frequências gênicas são limitadas a 0 ou 1 nas linhagens, e a 0, 0.5 ou 1 nos híbridos simples.

Hull (1945) sugeriu que um bom testador deve preservar o valor fenotípico das linhagens cruzadas, evitando assim a alteração dele. Para alcançar esse objetivo, ele propôs a utilização de testadores com homozigose recessiva ou com baixa frequência de genes favoráveis, especialmente em loci importantes para a seleção. No entanto, há discordância entre os pesquisadores sobre essa abordagem. Keller (1949) argumentou que os testadores devem ter alta produtividade e que a escolha deve levar em consideração as linhagens que serão avaliadas.

Segundo Hallauer e Lopez-Perez (1979), os fatores que influenciam na escolha dos testadores são: (i) Base genética ampla “versus” base genética estreita; (ii) Alta frequência “versus” baixa frequência de genes desejados; (iii) Capacidade geral de combinação “versus” capacidade específica de combinação; (iv) Alta produção “versus” baixa produção; (v) Disponibilidade de testadores; (vi) Estágio de desenvolvimento do programa; (vii) Tipos de material sob teste; e (viii) Tipo de material a ser sintetizado posteriormente.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Germoplasma

No âmbito deste estudo, as linhagens utilizadas foram submetidas a um processo prévio de seleção, que consistiu na avaliação per se de 190 das linhagens de milho-pipoca, provenientes do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, durante dois anos de ensaio. Neste processo, as características de maior relevância para a cultura, a saber, o rendimento de grãos (RG) e a capacidade de expansão (CE), foram consideradas para a escolha dos testadores e linhagens.

Além dos critérios de seleção principais, características secundárias, como a cor e o formato dos grãos, também foram consideradas no processo de escolha dos genitores, uma vez que esses atributos estão diretamente relacionados à qualidade comercial e ao perfil de aceitação pelo mercado de milho-pipoca. A coloração alaranjada, por exemplo, é frequentemente associada a maior conteúdo de carotenoides, enquanto o formato pérola está ligado à melhor performance de expansão. Dessa forma, a avaliação conjunta desses aspectos fenotípicos permitiu uma seleção mais criteriosa de 18 linhagens e 4 testadores com o intuito de formar um conjunto de 72 híbridos topcrosses (Tabela 1).

Tabela 1: Relação de linhagens e testadores utilizados em delineamento genético topcross para obtenção de 72 híbridos F₁.

Nº	Testador	Origem	País	Instituição	RG	CE	FER*
1	L291	URUG	Uruguai	CIMMYT	1548,13	27,56	Médio
2	L322	Barão	Brasil	UFV	877,56	29,72	Bom
3	L690	UENF 14	Brasil	UENF	1296,39	31,11	Bom
4	L76	Viçosa	Brasil	UFV	1668,47	29,75	Bom
Nº	Linhagem	Origem	País	Instituição	RG	CE	FER*
1	L204	IAC 125	Brasil	IAC	915,23	25,39	Médio
2	L207	IAC 125	Brasil	IAC	1011,35	27,44	Bom
3	L216	IAC 125	Brasil	IAC	707,47	24,06	Bom
4	L217	IAC 125	Brasil	IAC	2889,25	31,81	Bom
5	L221	IAC 125	Brasil	IAC	716,45	26,67	Bom
6	L292	URUG 298	Uruguai	CIMMYT	2249,14	29,72	Médio
7	L294	URUG 298	Uruguai	CIMMYT	802,86	23,89	Médio
8	L325	Barão	Brasil	UFV	676,74	27,72	Ruim
9	L326	Barão	Brasil	UFV	1748,54	26,17	Médio
10	L332	Barão	Brasil	UFV	588,12	27,28	Médio
11	L357	PR 023	Brasil	UENF	396,54	28,66	Ruim
12	L381	SAM	USA	UENF	1986,11	22,28	Médio
13	L383	SAM	USA	UENF	900,81	25,83	Bom
14	L386	SAM	USA	UENF	1123,54	26,44	Médio
15	L394	SAM	USA	UENF	835,5	23,56	Bom
16	L689	UENF 14	Brasil	UENF	1228,71	20,94	Bom
17	L691	UENF 14	Brasil	UENF	1000,15	34	Bom
18	L80	Viçosa	Brasil	UFV	645,67	22,33	Bom

CIMMYT: Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo; UFV: Universidade Federal de Viçosa; UENF: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; IAC: Instituto Agrônomo de Campinas.

*Escala de severidade utilizada: Bom (0 a 10%), Médio (11 a 20%), Ruim (>20%).

4.2 Obtenção dos híbridos topcrosses

Inicialmente, em setembro de 2021, a área de obtenção de sementes pertencente ao Colégio Agrícola Antônio Sarlo, localizado no município de Campos

dos Goytacazes – RJ, foi devidamente preparada, com auxílio de mecanização agrícola, para receber a instalação do delineamento genético topcross. Após o preparo da área, foi realizado a demarcação com bordadura e as sementes das 28 linhagens e dos 4 testadores foram semeadas em fileiras individuais. As linhagens (receptoras de pólen) foram dispostas em linhas de 9,00 metros de comprimento e os testadores (doadores de pólen) foram dispostos em linhas de 39,00 metros. Com o intuito de facilitar os cruzamentos, ambos os genitores contaram com um espaçamento de 1,00 metro entre fileiras e 0,40 metros entre covas (Figura 4).

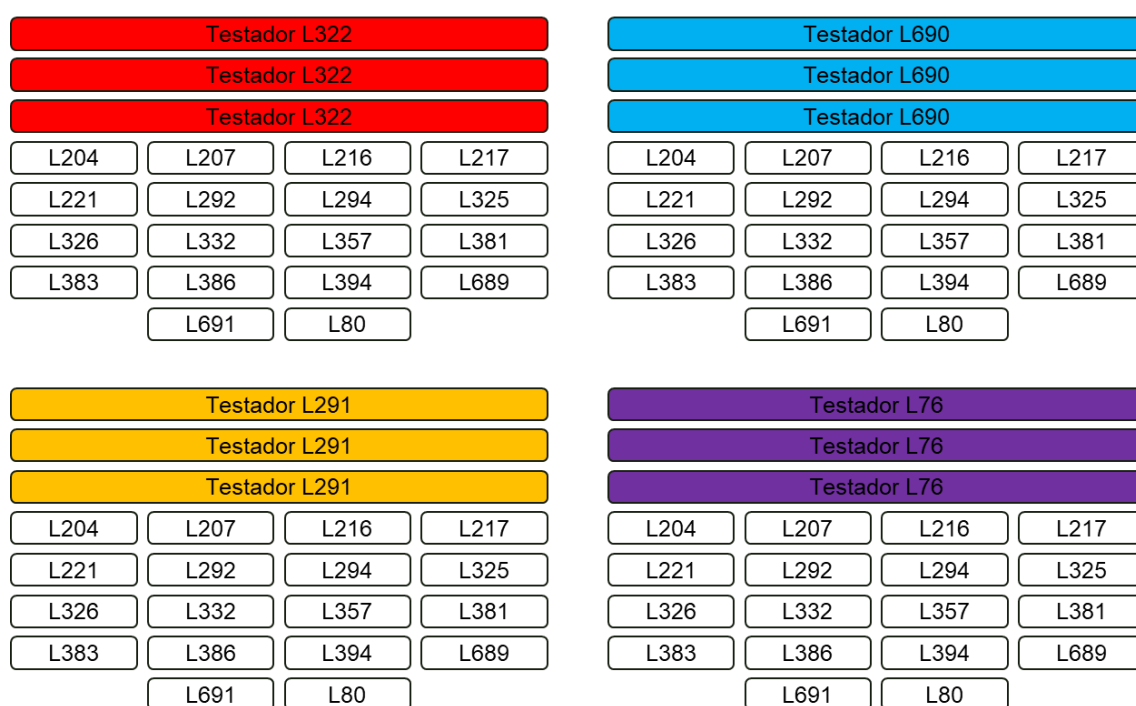


Figura 4. Croqui representativo da configuração espacial dos quatro testadores e das 18 diferentes linhagens de milho-pipoca, que fizeram parte do cruzamento em delineamento genético topcross, para obtenção dos híbridos F₁.
Fonte: Geferson Rocha Santos (2025).

Com o objetivo de garantir a uniformidade no suprimento de pólen, as sementes dos testadores (fileiras masculinas) foram semeadas em três épocas distintas, espaçadas por um intervalo de sete dias. Essa estratégia visou minimizar possíveis variações no tempo de florescimento dos testadores, de forma a garantir a disponibilidade constante de pólen para as linhagens receptoras durante todo o período de polinização. Essa abordagem é fundamental para obtenção de resultados confiáveis e consistentes no delineamento genético topcross.

Visando evitar a ocorrência de contaminação cruzada entre as linhagens doadoras e receptoras de pólen durante o processo de cruzamento controlado, foram implementadas algumas medidas de proteção, tais como a aplicação de sacolas plásticas específicas nas espigas receptoras, antecedendo a emissão dos estilos estigmas. Essa medida de proteção visa garantir a integridade das espigas receptoras. O pólen das linhagens doadoras foi coletado pela utilização de sacos kraft, os quais foram posicionados sobre os pendões de cada planta quando estavam aptas à liberação de pólen, com a finalidade de minimizar a contaminação cruzada durante o processo de coleta.

4.3 Delineamento experimental e avaliação dos híbridos

O preparo da área experimental foi realizado mecanicamente, seguido por uma gradagem e pela abertura dos sulcos, cuja profundidade variou de 5 a 8 cm. Após a sulcagem, procedeu-se à semeadura, utilizando três sementes híbridas por cova. Decorridos 20 dias da semeadura, foi efetuado o desbaste, mantendo-se apenas uma planta por cova, de modo a garantir uniformidade no estande e minimizar efeitos de competição entre plantas.

Os 72 híbridos topcrosses foram avaliados em delineamento de blocos casualizados, com duas repetições, totalizando 144 parcelas experimentais. Cada parcela foi constituída por duas linhas de plantio de 3,00 m de comprimento, com espaçamento de 0,20 m entre plantas e 0,80 m entre linhas, resultando em uma população final de 62.500 plantas ha⁻¹. Ao longo do ciclo da cultura, as áreas experimentais foram mantidas livres de ervas daninhas por meio de capinas manuais. Não foram realizadas aplicações de fungicidas, permitindo que a FER se expressasse naturalmente nas espigas, uma vez que não houve inoculação artificial e a contaminação ocorreu de forma espontânea devido ao histórico da área.

As parcelas receberam irrigação por aspersão, aplicada conforme a necessidade hídrica da milho, visando proporcionar condições adequadas para o seu desenvolvimento. Além disso, monitorou-se periodicamente o estado nutricional e fitossanitário das plantas, de modo a identificar possíveis limitações e assegurar que o ambiente experimental permanecesse uniforme, permitindo que as diferenças observadas entre os híbridos fossem atribuídas predominantemente ao seu potencial genético.

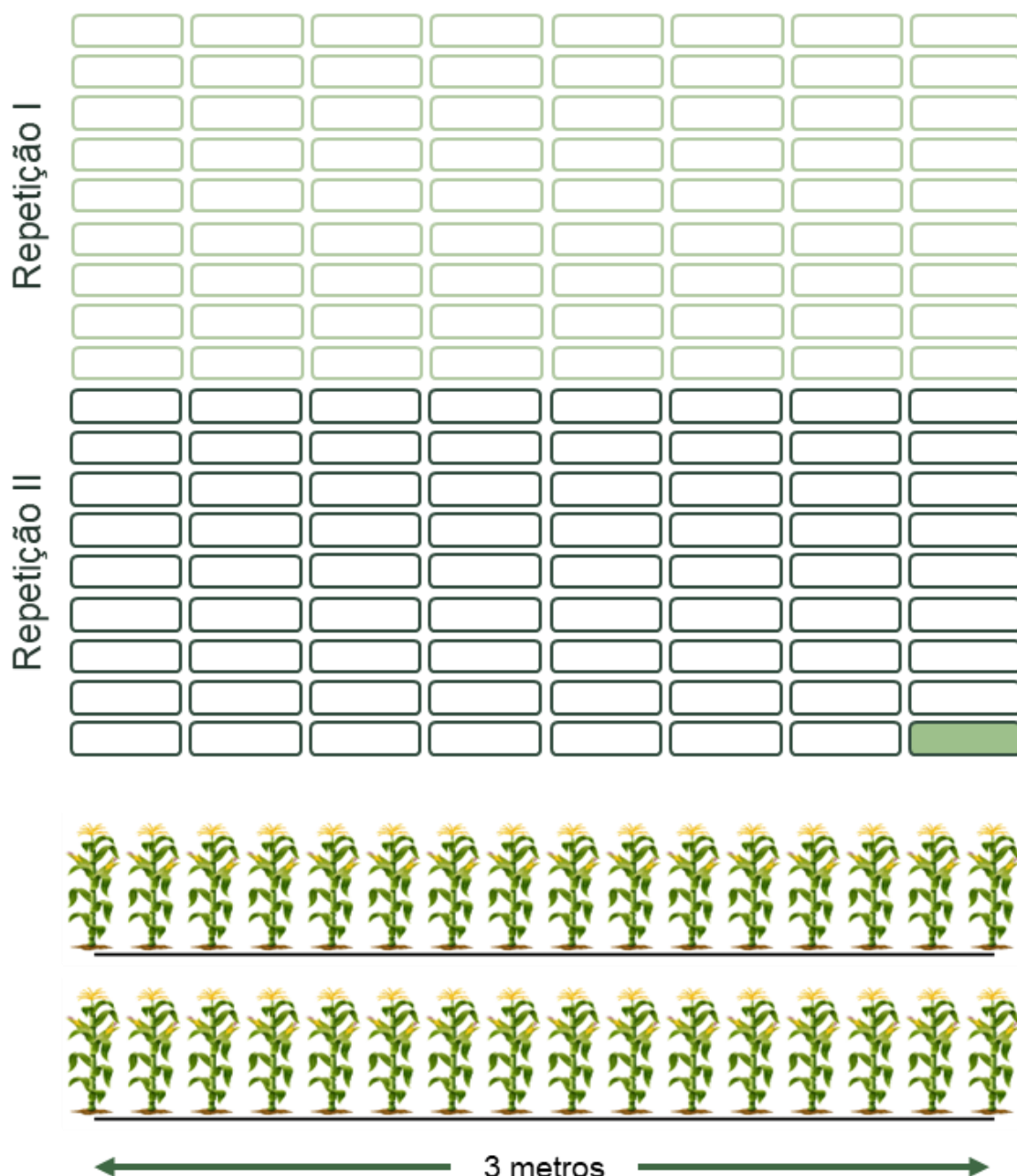


Figura 5. Croqui esquemático da configuração espacial das parcelas de híbridos de milho-pipoca obtidos em delineamento genético topcross e avaliados em delineamento estatístico de blocos casualizados com 2 repetições.

Fonte: Geferson Rocha Santos (2025).

Visando o estudo de adaptabilidade e estabilidade, o ensaio foi instalado em três ambientes, sendo: AMB1 – Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes; AMB2 – Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba em Itaocara e AMB3 – Instituto Federal Fluminense Campus Avançado Cambuci em Cambuci, todos localizados na região Norte e Noroeste do estado do Rio de

Janeiro. A temperatura média (°C), precipitação (mm) e a umidade relativa do ar (%) foram mensuradas com auxílio de estações meteorológicas próximas aos locais de instalação experimental (Figura 6).

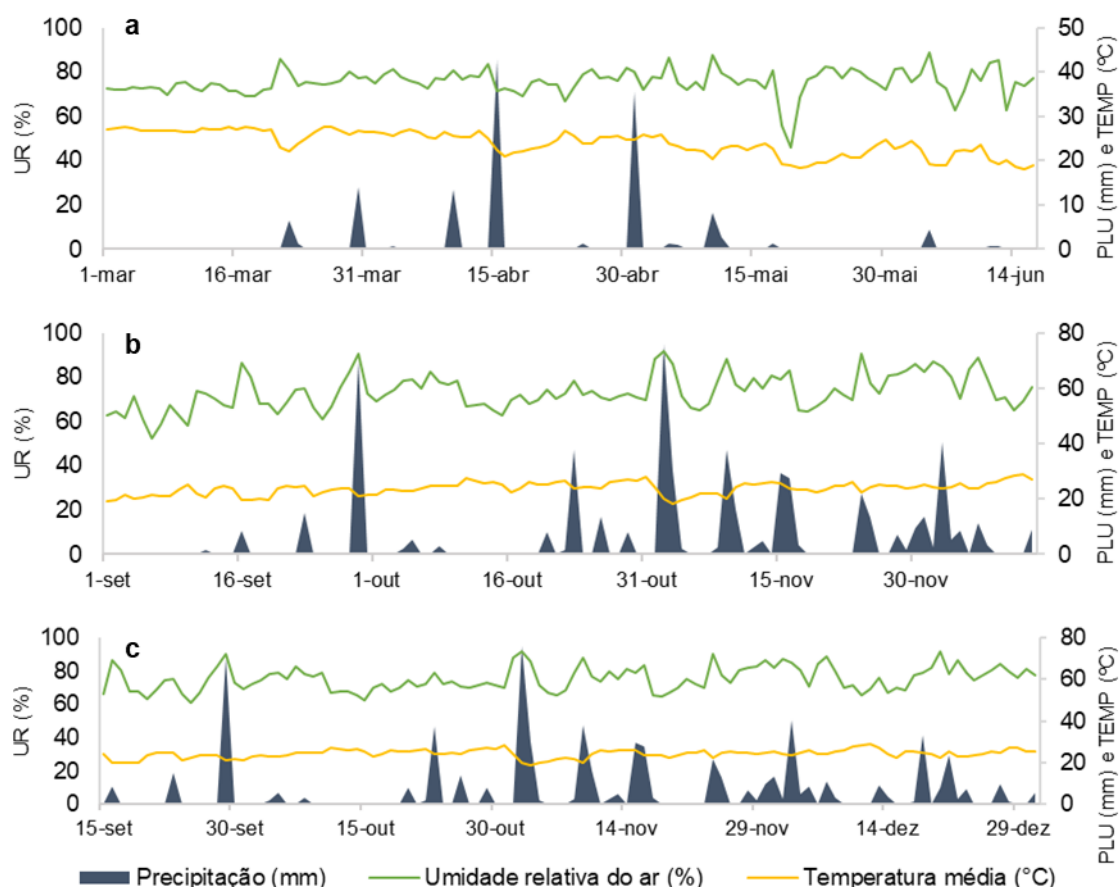


Figura 6. Valores quinzenais, referentes à temperatura média (°C), precipitação (mm) e umidade relativa do ar (%) durante a condução experimental do ensaio a campo em Campos dos Goytacazes (a), Itaocara (b) e Cambuci (c), estado do Rio de Janeiro, Brasil de 2022.

Os gráficos apresentam os valores quinzenais de temperatura média, precipitação e umidade relativa do ar durante a condução dos ensaios a campo em Campos dos Goytacazes, Itaocara e Cambuci, no estado do Rio de Janeiro, em 2022. De forma geral, Campos dos Goytacazes manteve temperaturas mais amenas, em torno de 22–24°C, com umidade relativa estável e elevada (70–85%) e baixa ocorrência de chuvas, registrando apenas picos isolados de precipitação. Em Itaocara, as temperaturas ficaram levemente superiores (23–25°C), com maior variabilidade da umidade relativa (65–85%) e maior frequência e intensidade de

eventos de chuva ao longo do período. Cambuci apresentou as condições mais quentes entre os três ambientes, com temperaturas médias próximas de 24–26°C, umidade variando entre 60 e 80% e precipitações mais frequentes e irregulares, especialmente na segunda metade do ciclo. Esses padrões evidenciam diferenças climáticas importantes entre os municípios, que influenciam diretamente a performance dos híbridos e na severidade de FER.

4.4 Variáveis e análises estatísticas

Em cada ambiente de cultivo, após um período aproximado de 130 dias desde a semeadura dos híbridos de milho-pipoca, as parcelas foram colhidas individualmente, devidamente identificadas e armazenadas em condições apropriadas para posterior análise. No galpão de apoio à pesquisa do Colégio Agrícola Antônio Sarlo, procedeu-se à estimativa da variável de interesse sFER e, a partir desta, obteve-se a variável secundária ASE.

- Severidade de *Fusarium* nos Grãos (sFER): A obtenção da estimativa da severidade de *Fusarium* será realizada inicialmente por meio de uma seleção aleatória de seis espigas sintomáticas por parcela experimental, a fim de se proceder a uma avaliação minuciosa da severidade de podridão, mediante a identificação visual de grãos com sintomas visíveis de ocorrência de *Fusarium*. Para tanto, a escala diagramática proposta por Cymmyt (1994), foi adaptada com notas de severidade média da espiga, que contemplaram um intervalo variando de 0 a 100% de severidade, com incrementos de 5% nas notas (Figura 7). É relevante salientar que a avaliação foi conduzida por um único avaliador, visando minimizar interferências ambientais garantindo maior homogeneidade na obtenção dos resultados e assegurar uniformidade na condução das análises.
- A ASE foi obtida por meio da subtração da sFER da área total da espiga, considerando que a área total corresponde a 100%, seguindo a equação:

$$ASE = (100 - sFER)$$

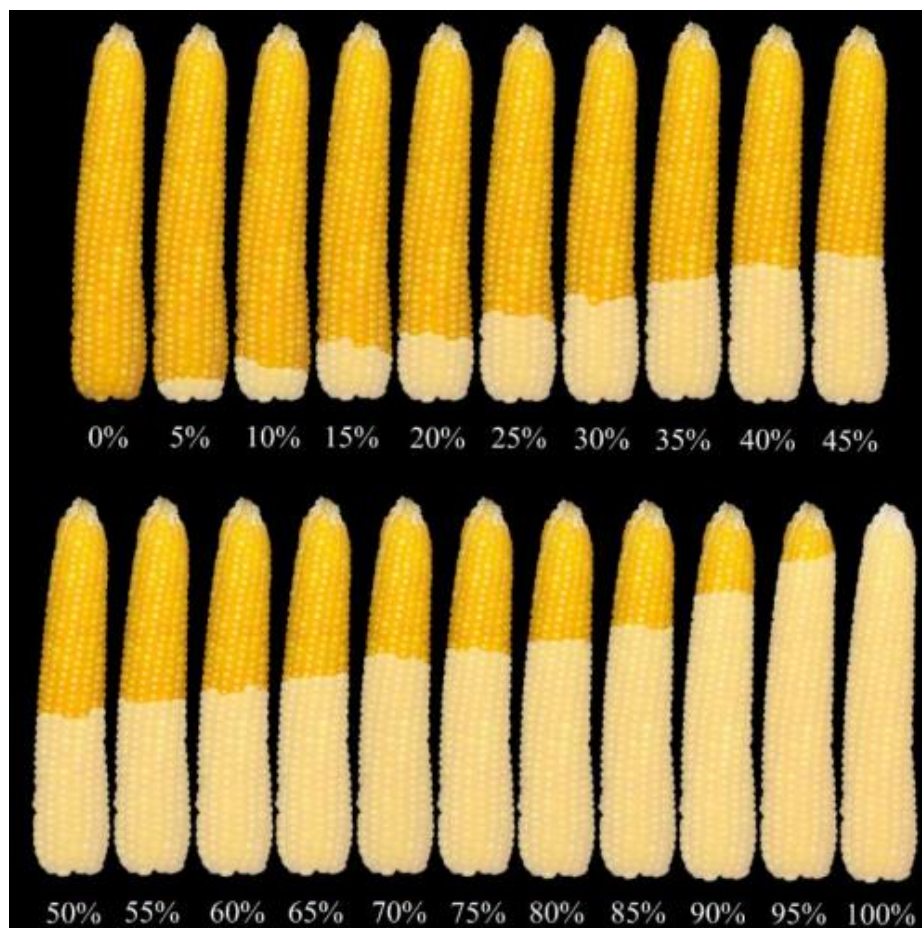


Figura 7. Escala diagramática para avaliação da severidade de FER em milho-pipoca proposta por Cymmyt (1994), com modificações em incrementos de 5% em 5% nas notas de severidade.

Os dados de sFER foram tabulados em planilhas eletrônicas e analisados para verificação dos efeitos de genótipo, bem como a homogeneidade residual via análise de variância individual dos ambientes, considerando o modelo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + e_{ij}$$

Onde: Y_{ij} = valor observado do i -ésimo genótipo avaliado no j -ésimo bloco; μ = média geral; G_i = efeito fixo do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 72$); B_j = efeito do j -ésimo bloco ($j = 1$ e 2); e e_{ij} = efeito aleatório do erro associado à observação Y_{ij} ($e_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$).

A homogeneidade residual entre ambientes foi testada via teste Hartley. Atendendo aos pressupostos do teste, procedeu-se à análise de variância conjunta, seguindo o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + B/A_{j(i)} + G_k + (G \times A)_{ik} + e_{ijk}$$

Onde: Y_{ijk} = valor observado no j -ésimo bloco, no i -ésimo ambiente, para o k -ésimo genótipo; μ = média geral; A_i = efeito fixo do i -ésimo ambiente ($i=1, 2$ e 3); $B/A_{j(i)}$ = efeito do j -ésimo bloco dentro do i -ésimo ambiente ($j=1$ e 2); G_k = efeito fixo do k -ésimo genótipo; $(G \times A)_{ik}$ = efeito fixo da interação entre o i -ésimo ambiente e o k -ésimo genótipo; e_{ijk} : efeito aleatório do erro associado à observação Y_{ijk} ($e_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$).

A análise dialélica foi realizada com base no modelo 4 de Griffing (1956), adaptado a dialelos parciais em múltiplos ambientes seguindo o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + A_k + G_i + G'_j + S_{ij} + G \times A_{ik} + G' \times A_{jk} + S \times A_{ijk} + \bar{e}_{ijk}$$

Onde: Y_{ijk} = valor médio observado da combinação híbrida entre i -ésimo testador e j -ésima linhagem no k -ésimo ambiente; μ = média geral; A_k = efeito fixo do k -ésimo ambiente; G_i = efeito da CGC do i -ésimo testador; G'_j = efeito da CGC da j -ésima linhagem; S_{ij} = efeito da CEC entre o i -ésimo testador com a j -ésima linhagem; $G \times A_{ik}$ = efeito da interação entre a CGC do i -ésimo testador e o k -ésimo ambiente; $G' \times A_{jk}$ = efeito da interação entre a CGC da j -ésima linhagem e o k -ésimo ambiente; $S \times A_{ijk}$ = efeito da interação entre a CEC entre o i -ésimo testador e a j -ésima linhagem no k -ésimo ambiente; $\bar{e}_{ijk}$ = efeito aleatório do erro experimental, obtido a partir da soma dos quadrados médios dos resíduos, ajustado para o número de observações Y_{ijk} ($\bar{e}_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$).

Com o objetivo de proporcionar uma melhor visualização gráfica dos dados, na análise GGE *biplot* e no teste de agrupamento de médias pelo algoritmo de Scott-Knott (1974), foi utilizada a ASE como variável resposta. Essa escolha se justifica pelo fato de que o *biplot* favorece a identificação de genótipos com maiores

valores para a característica analisada. Considerando que o objetivo deste estudo é selecionar híbridos com menor severidade de lesões causadas por *Fusarium*, a utilização da ASE, em substituição direta à FER, constitui uma adaptação metodológica coerente. Tal abordagem permite uma discriminação mais precisa dos materiais superiores em termos de resistência, conferindo maior fidedignidade à interpretação dos resultados. Os gráficos *biplot* foram plotados de acordo com Yan (2002), seguindo:

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

Onde: $\bar{Y}_{ij}$ = a ASE média dos genótipos i nos ambientes j ; $\bar{y}_j$ = a média geral dos genótipos no ambiente j ; $y_1 E_{i1} p_{j1}$ = o primeiro componente principal (PC1); $y_2 E_{i2} p_{j2}$ = o segundo componente principal (PC2); y_1 e y_2 = os valores próprios associados a IPCA1 e IPCA2, respectivamente; E_{i1} e E_{i2} = os valores do PC1 e PC2, respectivamente, do genótipo i ; p_{j1} e p_{j2} = os valores do PC1 e PC2, respectivamente, para o ambiente j ; e E_{ij} = erro associado com o modelo do i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente.

Todas as análises estatísticas foram realizadas por intermédio do programa R (R CORE TEAM, 2022), com suporte dos pacotes, '*ExpDes.pt*' (Ferreira et al., 2018) e '*Metan*' (Olivoto e Lúcio, 2020) para análises e '*ggplot2*' (Wickham et al., 2016) para confecção dos gráficos.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Análise de variância e capacidade de combinação

Buscando avaliar a resposta dos 72 híbridos topcrosses de milho-pipoca a *Fusarium* em três localidades do Norte e Noroeste do Rio de Janeiro em conjunto, realizou-se o teste de homogeneidade das variâncias, que consistiu na obtenção da razão entre o maior e menor quadrado médio do resíduo (QMR+/QMR-), cujo valor foi 4,44. Nesse sentido, constando-se que as variâncias entre os ambientes foram homogêneas, procedeu-se com a ANOVA conjunta (Tabela 2), seguindo os pressupostos do teste de Bartlett.

A ANOVA conjunta revelou diferenças significativas entre os ambientes, híbridos, linhagens e suas respectivas interações ($p < 0,05$; Tabela 2), com exceção dos testadores. A distinção observada entre os ambientes sugere que as condições edafoclimáticas particulares de cada município influenciaram diretamente a severidade de *Fusarium*. Tal interpretação é sustentada pelas variações nos padrões de precipitação, temperatura média e umidade relativa registradas ao longo do período experimental (Figura 4), que evidenciam oscilações importantes entre Campos dos Goytacazes, Itaocara e Cambuci. Essas diferenças microambientais podem ter favorecido maior pressão de inóculo e diferentes níveis de predisposição das plantas à doença, contribuindo para a expressão diferenciada do comportamento dos genótipos em cada local.

Tabela 2. Resumo da ANOVA conjunta para severidade de *Fusarium* nos grãos (FER), em 72 híbridos topcrosses de milho-pipoca avaliados em três municípios (Cambuci, Campos dos Goytacazes e Itaocara) da região Norte e Noroeste Fluminense.

Fontes de Variação	Graus de Liberdade	Quadrados Médios
Híbridos (G)	71	1531,64**
CGC Testador (I)	3	2546,59ns
CGC Linhagem (II)	17	2639,93**
CEC Híbrido	51	1102,51**
Ambiente (E)	2	14329,49**
CGC I × E	142	758,92**
CGC II × E	6	1862,00**
CEC × E	34	786,34**
L×T×E	102	684,89**
Resíduo	213	14,07
QMR+/QMR-		4,44
Média		23,57

*, ** indicam efeitos estatisticamente significativos de acordo com o teste F ao nível de significância de 5% e 1%, respectivamente; ns indica efeitos não-significativos.

Paralelamente, a diferença significativa entre os híbridos topcrosses e sua interação com os ambientes (Cambuci, Campos dos Goytacazes e Itaocara) indica que a resistência ao patógeno varia entre os genótipos e depende das condições ambientais de cada localidade. A presença dessa interação evidencia a ausência de correlação consistente no desempenho dos híbridos entre os diferentes ambientes, tornando inviável uma recomendação única. Portanto, a seleção do híbrido mais resistente deve ser realizada de forma específica para cada localidade, considerando suas condições edafoclimáticas e os níveis de pressão do patógeno, a fim de reduzir o impacto do patógeno por meio da recomendação de híbridos superiores.

De modo semelhante, a significância da interação entre linhagens e ambientes indica que os mesmos preceitos devem ser observados na seleção de genitores no programa de melhoramento para resistência a *Fusarium*. Por outro lado, o efeito dos testadores (T), isoladamente, não foi significativo, indicando que

as diferenças entre os testadores não foram relevantes para a variação observada na severidade de *Fusarium*.

Considerando as interações com o ambiente significativas para CGC I, II e CEC, procedeu-se com a análise de variância individual para os três municípios da região Norte e Noroeste do Rio de Janeiro (Cambuci, Campos dos Goytacazes e Itaocara), onde foi avaliada a severidade de *Fusarium* nos grãos. Observou-se diferença significativa entre os híbridos avaliados nas três localidades onde foi conduzido o presente trabalho, tendo o mesmo, sido observado para as linhagens e testadores ($p < 0,05$; Tabela 3).

Tabela 3. Resumo da análise de variância individual para severidade de *Fusarium* nos grãos (FER), em 72 híbridos topcrosses de milho-pipoca avaliados em três municípios da região Norte e Noroeste Fluminense.

Fonte de Variação	Graus de Liberdade	Quadrados Médios		
		CAM	GOY	ITA
Blocos	1	32,24	0,89	51,68
Híbridos	71	1.324,23*	337,90*	1.387,36*
CGC Testador	3	3.098,67*	1.043,73*	2.128,20*
CGC Linhagem	17	1.759,40*	438,59*	2.014,62*
CEC Híbrido	51	1.074,79*	262,82*	1.134,70*
Resíduo	71	20,92	4,70	16,59
Parâmetros	CV (%)	15,74	18,00	13,76
	Média	29,07	12,06	29,58
Contribuição	Linhagens	31,81%	31,10%	33,78%
	Testadores	9,88%	13,04%	6,47%
	L×T	58,30%	55,85%	58,73%

* indica efeito estatisticamente significativo de acordo com o teste F ao nível de 5% de significância; ns indica efeitos não-significativos em Cambuci (CAM); Campos dos Goytacazes (GOY) e Itaocara (ITA).

Portanto, fica evidenciado que, independentemente do local, existe variabilidade entre os genótipos estudados quanto à sua resposta à FER, o que é

fundamental para a seleção de genótipos resistentes, tanto para seleção dos melhores genitores/testadores, quanto para seleção de híbridos superiores em fase final do programa de melhoramento. Cumpre destacar que os coeficientes de variação (CV%) foram considerados baixos em todos os três ambientes em que os genótipos foram avaliados; entre 13,76% (Itaocara) e 18,00% (Campos dos Goytacazes), o que permite inferir boa precisão experimental e confiabilidade nos dados obtidos (Tabela 3).

A análise de contribuição das fontes de variação revelou que a maior parte da variação genética foi atribuída às linhagens (L), cuja contribuição percentual variou de 31,10% (Campos dos Goytacazes) a 33,78% (Itaocara). A interação linhagem x testador (LxT) apresentou uma alta contribuição para a variação total, representando entre 55,85% e 58,73%, evidenciando que o desempenho dos híbridos topcrosses depende fortemente das combinações específicas entre linhagens e testadores para maximizar a resistência ao *Fusarium* nos grãos. Os testadores (T) apresentaram menor contribuição relativa, variando entre 6,47% (Itaocara) e 13,04% (Campos dos Goytacazes) (Tabela 3).

5.2 Estimativas das capacidades combinatória

Na análise de variância para as capacidades combinatórias dos 72 híbridos de milho-pipoca quanto à severidade de *Fusarium*, para Cambuci, Campos dos Goytacazes e Itaocara, observou-se efeito significativo para CGC testador, CGC linhagem e CEC ($p < 0,01$) (Tabela 3). Por isso, a estimativa dos efeitos das capacidades gerais e específicas de combinação pode contribuir para a identificação de linhagens promissoras quanto à resistência à doença, bem como para a seleção de cruzamentos com maior potencial de desempenho.

A significância dos efeitos de CGC indica que há diferenças entre os genitores quanto à sua aptidão média para compor híbridos resistentes, refletindo a presença de efeitos aditivos relevantes. Já os efeitos significativos de CEC sugerem a atuação de interações específicas entre linhagens e testadores, o que evidencia a importância da combinação não aditiva, como dominância e epistasia, no controle da resposta à severidade de *Fusarium*. Esses resultados reforçam a necessidade de considerar tanto os efeitos aditivos quanto os não aditivos no direcionamento dos programas de melhoramento genético voltados à resistência.

Além disso, a análise conjunta dos ambientes permite inferir a estabilidade dos efeitos das capacidades combinatórias, visto que a consistência dos efeitos genéticos em diferentes locais é essencial para a recomendação de híbridos com ampla adaptação. A presença de interação GxA para os efeitos de CGC e CEC pode indicar que determinadas linhagens/testadores e cruzamentos, respectivamente, expressam níveis diferenciados de resistência a *Fusarium* dependendo das condições edafoclimáticas de cada local.

Considerando o efeito significativo da interação GxA tanto no desempenho dos híbridos quanto na capacidade de contribuição dos genitores, torna-se evidente a importância de selecionar genitores adaptados a condições específicas de cada local. No entanto, é igualmente fundamental identificar aqueles genitores que apresentam contribuição consistente para a redução da severidade de *Fusarium* nos diferentes ambientes. Genitores com esse perfil tendem a originar híbridos ou populações sintéticas mais estáveis, justamente por manifestarem menor sensibilidade aos efeitos da interação GxA.

A análise das capacidades combinatórias permite estimar dois componentes genéticos distintos: a capacidade geral de combinação (CGC), que expressa o desempenho médio de um genitor em múltiplos cruzamentos e está relacionada aos efeitos aditivos dos alelos; e a capacidade específica de combinação (CEC), que reflete o desempenho particular de um cruzamento específico, associado principalmente aos efeitos não aditivos, como dominância e epistasia (Sprague e Tatum, 1942; Henderson, 1952).

Por meio da obtenção dos efeitos das capacidades gerais e específicas de combinação em Cambuci, observa-se que 10 das 18 linhagens utilizadas apresentaram estimativas negativas para CGC, isto é, contribuíram, em média, para a redução da severidade de *Fusarium* nos híbridos em que participaram. Já entre os testadores, três (L291, L322 e L76) dos quatro avaliados contribuíram para a resposta de resistência a *Fusarium* nos cruzamentos em que participaram. Desta forma, interessa ao melhorista identificar combinações híbridas com estimativas de CEC mais favoráveis, especialmente aquelas que envolvam pelo menos um dos genitores com boa CGC.

Juntos, esses resultados sugerem que a presença de alelos favoráveis para tolerância à doença está distribuída entre essas linhagens, com potencial para uso recorrente em cruzamentos destinados à formação de híbridos mais resistentes.

Nesse sentido, dentre as linhagens com contribuição para redução da severidade de *Fusarium* L294, L689 e L80 se destacam com as maiores contribuições com valores de -17,94, -20,37 e -23,87, respectivamente (Tabela 4). Já para a CEC em Cambuci, os valores mais expressivos foram observados nos híbridos L291×L394 (-29,20), L322×L207 (-30,90), L322×L357 (-32,61), L690×L394 (-37,01) e L76×L325 (-35,91). Destes, a linhagem L394 e o testador L322 participam, cada um, de 40% dos cruzamentos com elevada CEC (Tabela 4).

Tabela 4. Estimativas dos efeitos das capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação entre 18 linhagens, quatro testadores e 72 híbridos de milho-pipoca para resistência à podridão de espiga (FER), avaliados em Cambuci/RJ.

Linhagens	Testadores				CGC
	L291	L322	L690	L76	Linhagens
L204	13,61	4,28	-6,39	-11,49	-1,47
L207	52,24	-30,90	-3,27	-18,07	19,26
L216	53,44	-33,40	-10,72	-9,32	17,20
L217	9,07	5,34	-11,03	-3,38	-7,58
L221	-4,48	-8,81	21,82	-8,53	-4,03
L292	-0,08	-2,76	0,67	2,17	-8,87
L294	-0,48	3,84	-11,93	8,57	-17,94
L325	-10,40	18,31	27,99	-35,91	23,39
L326	-17,22	-13,20	45,18	-14,77	12,45
L332	-4,67	24,25	-14,32	-5,27	4,00
L357	-19,08	-32,61	22,87	28,82	18,07
L381	-13,84	-10,22	27,26	-3,19	11,88
L383	-9,33	16,39	-6,23	-0,83	-10,88
L386	-15,70	-5,49	-19,01	40,19	-6,12
L394	-29,20	43,36	-37,01	22,84	8,78
L689	-0,55	3,76	-5,61	2,39	-20,37
L691	-3,69	11,43	-6,79	-0,94	-13,89
L80	0,36	6,43	-13,49	6,71	-23,87
CGC Testadores	-0,56	-6,62	13,29	-6,1	-

A análise dos efeitos das capacidades combinatórias em Campos dos Goytacazes revelou que oito das 18 linhagens avaliadas apresentaram estimativas negativas de CGC, evidenciando seu potencial para contribuir com a redução da severidade de *Fusarium* nos híbridos em que foram utilizadas. Entre os testadores, três dos quatro analisados (L322, L690 e L76) também apresentaram CGC negativa, o que reforça seu valor como progenitores no desenvolvimento de materiais mais tolerantes à doença (Tabela 5).

Tabela 5. Estimativas dos efeitos das capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação entre 18 linhagens, quatro testadores e 72 híbridos de milho-pipoca para resistência à podridão de espiga (FER), avaliados em Campos dos Goytacazes/RJ.

Linhagens	Testadores				CGC
	L291	L322	L690	L76	Linhagens
L204	28,12	-7,58	-14,51	-6,03	8,85
L207	48,91	-20,69	-5,77	-22,44	21,93
L216	-7,46	-0,76	3,62	4,60	-3,00
L217	1,86	-4,89	6,98	-3,94	1,54
L221	6,43	-6,92	-7,95	8,43	3,56
L292	-10,43	6,22	-1,11	5,32	-3,74
L294	-8,17	2,68	2,05	3,43	-6,86
L325	-3,87	7,78	-3,30	-0,62	-1,55
L326	8,59	4,19	-6,03	-6,75	5,40
L332	-7,47	4,68	2,80	-0,02	-0,91
L357	-2,46	-10,86	20,07	-6,75	8,75
L381	-6,19	1,76	-1,82	6,26	-2,58
L383	-7,96	5,39	1,02	1,55	-2,90
L386	-6,06	2,29	-0,88	4,65	-4,77
L394	-7,91	3,39	1,47	3,05	-5,87
L689	-8,91	4,49	2,12	2,30	-5,71
L691	-8,67	6,33	0,25	2,08	-5,50
L80	-8,37	2,48	1,00	4,88	-6,65
CGC Testadores	7,95	-2,89	-1,41	-3,64	-

Esses resultados indicam que parte do germoplasma avaliado carrega alelos com efeito aditivo favorável à resistência, podendo ser estrategicamente incorporado a programas de melhoramento. Entre as linhagens com CGC negativa, destacam-se L294 (−6,86), L80 (−6,00) e L394 (−5,87), que apresentaram os menores valores estimados e, portanto, maior contribuição média para a redução da severidade da doença neste ambiente (Tabela 5). No que se refere à capacidade específica de combinação (CEC), os híbridos mais promissores foram L76×L207 (−22,44), L322×L207 (−20,69), L690×L204 (−14,51) e L291×L292 (−10,43). A presença recorrente da linhagem L207 entre as combinações de maior CEC destaca sua interação favorável com diferentes testadores, tornando-a uma candidata estratégica para cruzamentos voltados à obtenção de híbridos mais resistentes (Tabela 5).

Os resultados obtidos para Itaocara, a partir da análise das capacidades gerais e específicas de combinação, apontaram que nove das 18 linhagens apresentaram estimativas negativas de CGC, indicando uma contribuição favorável à redução da severidade de *Fusarium* nos híbridos em que foram envolvidas. Entre essas, destacam-se as linhagens L383 (−22,67), L292 (−18,86), L294 (−18,24), L691 (−17,59) e L689 (−14,96), que se sobressaíram com os menores valores estimados, reforçando seu potencial para compor cruzamentos com foco em resistência (Tabela 6).

No grupo dos testadores, dois dos quatro avaliados também exibiram CGC negativa: L291 (−7,02) e L322 (−6,22), o que sugere um desempenho médio satisfatório na redução de FER, tornando-os opções interessantes na seleção de genitores para uso recorrente em programas de melhoramento voltados à tolerância. Quanto à capacidade específica de combinação (CEC), os cruzamentos mais expressivos em relação à redução da severidade da doença foram L291×L326 (−40,73), L322×L221 (−25,54), L322×L217 (−22,66), L76×L216 (−22,50) e L76×L689 (−15,44). Nota-se, nesse conjunto, a participação recorrente dos testadores L322 e L76, além da linhagem L689, o que aponta para interações específicas altamente favoráveis à resistência, que vão além dos efeitos aditivos individuais dos genitores (Tabela 6).

Tabela 6. Estimativas dos efeitos das capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação entre 18 linhagens, quatro testadores e 72 híbridos de milho-pipoca para resistência à podridão de espiga (FER), avaliados em Itaocara/RJ.

Linhagens	Testadores				CGC
	L291	L322	L690	L76	Linhagens
L204	36,89	4,14	-20,53	-20,50	-5,71
L207	-5,97	-20,13	42,41	-16,32	7,16
L216	14,99	3,44	4,07	-22,50	1,60
L217	-26,76	-22,66	39,82	9,60	15,01
L221	-15,98	-25,54	39,10	2,42	13,02
L292	6,73	2,18	2,26	-11,17	-18,86
L294	2,77	2,81	-13,00	7,42	-18,24
L325	-32,31	-15,36	32,82	14,85	25,16
L326	-40,73	22,06	26,45	-7,78	36,52
L332	24,26	-5,60	-12,11	-6,54	0,98
L357	3,39	9,54	-17,23	4,30	-5,95
L381	20,14	17,24	-33,88	-3,50	5,60
L383	5,96	6,80	-6,71	-6,04	-22,67
L386	-10,04	-7,45	-15,06	32,56	-4,21
L394	34,32	-7,74	-27,20	0,62	-0,63
L689	-2,19	27,85	-10,21	-15,44	-14,96
L691	5,87	0,46	4,80	-11,13	-17,59
L80	-21,33	7,96	-35,80	49,17	3,77
CGC Testadores	-7,02	-6,22	7,43	5,81	-

Na análise GGE biplot realizada para os três ambientes, foram selecionados híbridos que aliaram alta média de resistência à FER com maior estabilidade entre os locais, o que os torna especialmente promissores para programas de melhoramento. Ao comparar esses resultados com as estimativas das capacidades gerais e específicas de combinação, observa-se uma convergência entre os métodos, reforçando a confiabilidade da seleção.

Um exemplo expressivo é o híbrido H8 (L291×L294), que reúne a linhagem L294 – com CGC negativa nos três ambientes – e o testador L291, que apresentou desempenho favorável em Cambuci e Itaocara. Essa linhagem (L294) também

participa dos híbridos H30 (L322×L294) e H56 (L690×L294), ambos presentes entre os mais promissores no GGE biplot e associados a testadores com efeitos positivos em pelo menos um dos ambientes. Situação semelhante é observada com os híbridos H20 (L291×L689) e H21 (L291×L691), cujas testadores contribuíram de forma consistente para a redução da severidade da doença, além de terem sido identificados como estáveis e de alto desempenho na análise multivariada.

O testador L322, em particular, destaca-se por exibir CGC negativa nos três ambientes, além de compor híbridos de elevada CEC, como H25 (L322×L216), H27 (L322×L221), H29 (L322×L292), H30 (L322×L294) e H40 (L322×L386), todos entre os selecionados pela análise GGE. O testador L76, ainda que com CGC mais variável, participa de cruzamentos com alta CEC e bom desempenho multivariado, como H89 (L76×L383) e H95 (L76×L691). Já L291, embora tenha apresentado CGC positiva em Campos dos Goytacazes, demonstrou efeitos favoráveis em Cambuci e Itaocara, além de estar presente em vários híbridos selecionados, como H7 (L291×L292), H14 (L291×L383), H16 (L291×L386), H20 e H21.

A recorrência desses híbridos selecionados em ambas as análises – H8, H14, H20, H21, H22, H25, H27, H29, H30, H40, H56, H89 e H95 – demonstra a convergência entre estabilidade fenotípica e desempenho genético, reforçando a confiabilidade na identificação de combinações superiores. A integração entre as duas abordagens amplia o entendimento sobre o comportamento dos genótipos nos diferentes ambientes, auxiliando na escolha de genitores promissores para cruzamentos futuros voltados à obtenção de híbridos resistentes e amplamente adaptáveis.

5.3 Análise GGE biplot

É solidificado na literatura que a interação GxA é um fator que dificulta a indicação de um mesmo genótipo superior para diferentes locais de uma região de interesse (Fehr, 1991; Bernardo et al., 2010; Rebollo et al., 2023; Lima et al., 2023).

Essa complexidade surge devido à variação na resposta dos genótipos em diferentes condições ambientais, o que pode comprometer a eficiência da seleção e recomendação de cultivares (Crossa et al., 1990; Yan et al., 2000; Bocianowski et al., 2024; Gowda et al., 2025). Diante desse desafio, a análise GGE biplot tem se destacado como uma metodologia estatística robusta, permitindo a visualização

gráfica das interações GxA e a identificação de ambientes com maior potencial discriminatório, ou seja, aqueles capazes de expressar a máxima variabilidade genética entre os materiais avaliados; além de permitir a identificação de genótipos mais estáveis entre os ambientes estudados (Yan e Kang, 2003; Santos et al., 2021; Santos Júnior et al., 2022). Buscando superar as limitações das técnicas convencionais, sobretudo quando se trata de um elevado número de genótipos em estudo, julgou-se oportuno o emprego da análise GGE biplot no presente trabalho.

Para obter confiabilidade dos resultados, os dois primeiros componentes principais em que se baseia a análise biplot devem reter uma variação acima de 60%, permitindo fidedigna interpretação dos resultados (Yang et al., 2009). No presente estudo, observa-se que os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) acumularam 82,53% (PC1 = 51,9%; PC2 = 30,63%) da variação observada entre os genótipos para a resistência à FER nos três ambientes.

No gráfico “discriminante vs representativo” do biplot é possível obter a determinação do ambiente ideal, que não apenas maximiza a discriminação entre genótipos, mas também apresenta alta representatividade, aproximando-se do ambiente médio representado pela linha horizontal que cruza o gráfico no ponto zero (eixo médio) (Yan et al., 2007). Resumidamente, quanto maior o vetor do ambiente (linha verde), maior o poder daquele ambiente em discriminar os genótipos; e quanto menor o ângulo formado pela linha de um ambiente com o ambiente médio, mais representativo é aquele ambiente (Yan e Tinker, 2006).

Ambientes com essas características são particularmente valiosos em programas de melhoramento, pois permitem seleções mais precisas e reduzem a necessidade de avaliações em múltiplos locais. Dessa forma, a aplicação dessa análise do biplot contribui para a otimização de recursos e o aumento da eficiência na identificação de genótipos superiores e estáveis em diferentes condições edafoclimáticas (Daemo et al., 2023).

No presente estudo, pode-se inferir que, dentre as avaliações para severidade de *Fusarium* em Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara, aquela realizada em Itaocara permitiu explorar a máxima variação entre os 72 híbridos avaliados; e que Cambuci classifica-se pela análise biplot como sendo o ambiente mais representativo, com base no ângulo formado entre esse ambiente e a linha do ambiente médio (Figura 8). Considerando que Cambuci também apresenta um

menores que 90° indicam correlação positiva, enquanto ângulos maiores que 90° refletem correlação negativa. Já um ângulo de 90° sugere ausência de correlação entre os ambientes (Al-Naggar et al., 2020). Com base nesse princípio, observou-se que os menores ângulos — e, portanto, as correlações positivas mais evidentes — foram verificados entre os ambientes de Cambuci e Itaocara, bem como entre Cambuci e Campos dos Goytacazes.

Esse resultado corrobora a hipótese de que Cambuci se configura como um ambiente ideal para a seleção de genótipos superiores e estáveis nos diferentes ambientes avaliados. A avaliação isolada em Campos dos Goytacazes ou em Itaocara não permitiria uma seleção eficaz para o ambiente oposto, em razão da correlação negativa observada entre ambos (Figura 8).

A análise “média x estabilidade” do GGE biplot é uma ferramenta eficaz para avaliar genótipos quanto ao seu desempenho para a característica estudada e à sua estabilidade entre os diferentes ambientes. Este modelo utiliza as Coordenadas do Ambiente Médio (AEC), formadas por dois eixos principais: o eixo horizontal (abscissa AEC) que representa o ambiente médio e é definido com base nas coordenadas médias de todos os ambientes no biplot; e o eixo vertical (ordenada AEC), que avalia a estabilidade, sendo considerados mais estáveis os genótipos posicionados mais próximos da linha horizontal, por apresentarem menor projeção da linha tracejada e, conseqüentemente, menor variação entre ambientes (Yan e Rajcan, 2002).

Nesse trabalho, busca-se identificar genótipos que apresentem valores elevados para a característica avaliada — posicionando-se à direita da ordenada AEC, indicando maior área sadia da espiga — e elevada estabilidade, evidenciada pela proximidade ao eixo horizontal. Essa combinação é fundamental para programas de melhoramento que visam recomendar híbridos de milho-pipoca resistentes à FER e adaptados a um conjunto de ambientes (Figura 9).

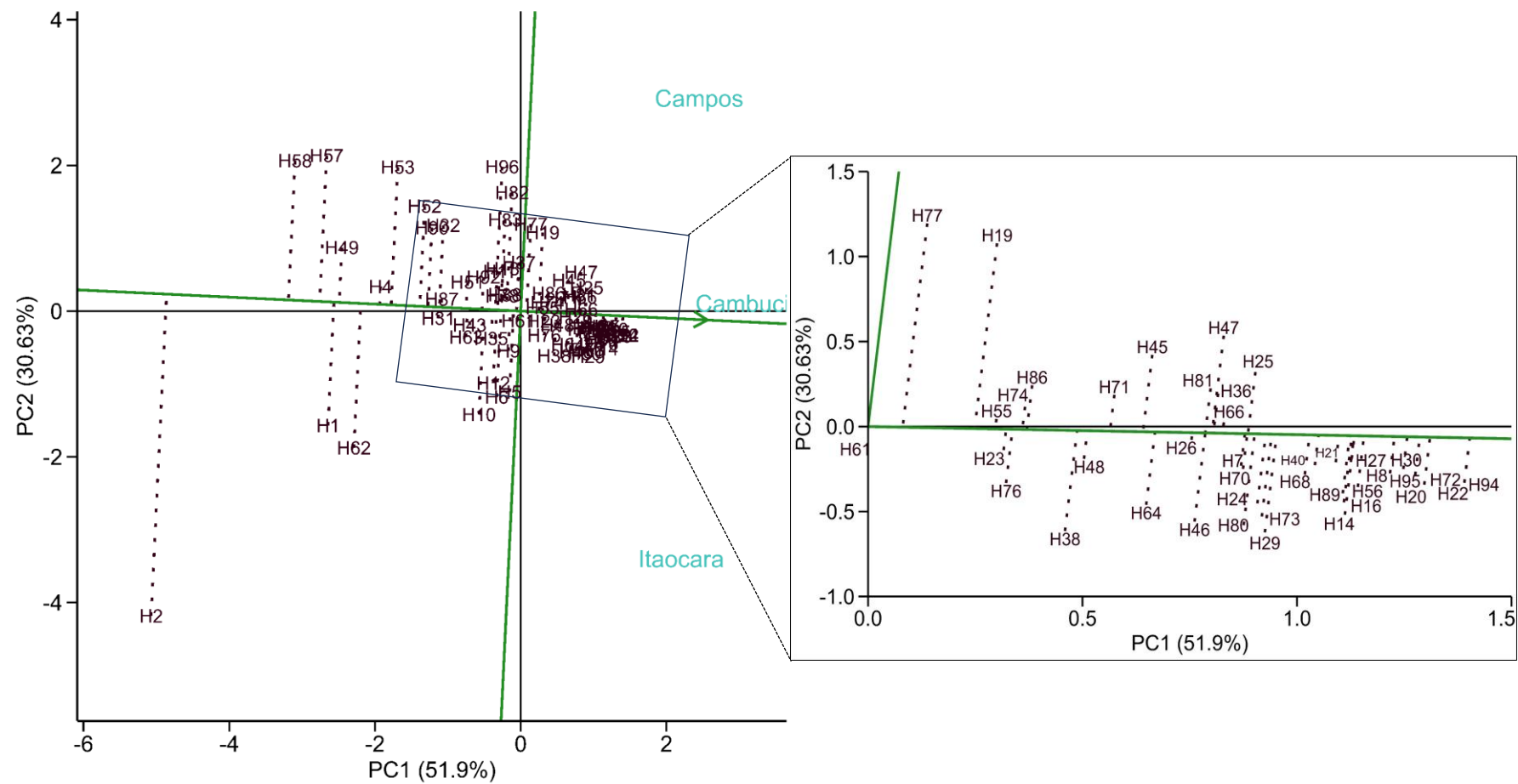


Figura 9. Gráfico “média vs. estabilidade” da análise *biplot* GenótipoxAmbiente (GGE) para severidade de *Fusarium* em 72 híbridos de milho-pipoca avaliados em três ambientes do Norte e Noroeste Fluminense (Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara).

Nessa perspectiva, dos 72 híbridos avaliados, 40 se destacaram dentre os ambientes estudados (Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara). Os 20 híbridos mais estáveis e com as maiores médias foram H94 (L322×L292), H72 (L690×L80), H22 (L291×L80), H30 (L322×L294), H95 (L76×L691), H20 (L291×L689), H27 (L322×L221), H8 (L291×L294), H56 (L690×L294), H16 (L291×L386), H21 (L291×L691), H89 (L76×L383), H14 (L291×L383), H40 (L322×L386), H68 (L690×L394), H73 (L76×L204), H29 (L322×L292), H25 (L322×L216), H7 (L291×L292) e H66 (L690×L386). Esse resultado pode ser corroborado pelo teste de agrupamento de médias de Scott-Knott (1974) ($p < 0,05$), no qual se verifica que, ao analisar os três ambientes separadamente, esses genótipos foram alocados nos grupos com maior ASE, bem como apresentaram valores acima da média geral em Itaocara (Figura 10), Cambuci (Figura 11) e Campos dos Goytacazes (Figura 12).

O diagrama de Venn demonstra as linhagens, testadores e combinações linhagem × testador (L×T) que apresentaram redução da severidade de *Fusarium* nos três ambientes avaliados: Itaocara, Cambuci e Campos dos Goytacazes (Figura 13). Em cada região do diagrama, os números indicam quantos materiais foram superiores em cada ambiente individualmente, em pares de ambientes e no conjunto geral. Em Itaocara, observou-se o desempenho favorável de 9 linhagens, 2 testadores e 35 combinações L×T, enquanto em Cambuci destacaram-se 10 linhagens, 3 testadores e 44 combinações. Já em Campos dos Goytacazes, foram identificadas 11 linhagens, 3 testadores e 35 combinações com boa resposta. Nas interseções entre dois ambientes, verificou-se que Itaocara × Cambuci compartilhou 1 linhagem, 1 testador e 13 combinações; Itaocara × Campos apresentou 1 linhagem e 2 combinações; e Cambuci × Campos reuniu 1 linhagem, 1 testador e 12 combinações. O ponto central do diagrama, onde os três ambientes se sobrepõem, representa o grupo mais estável e adaptado, composto por 6 linhagens, 1 testador e 12 combinações L×T que reduziram consistentemente a severidade de *Fusarium* em todos os locais.

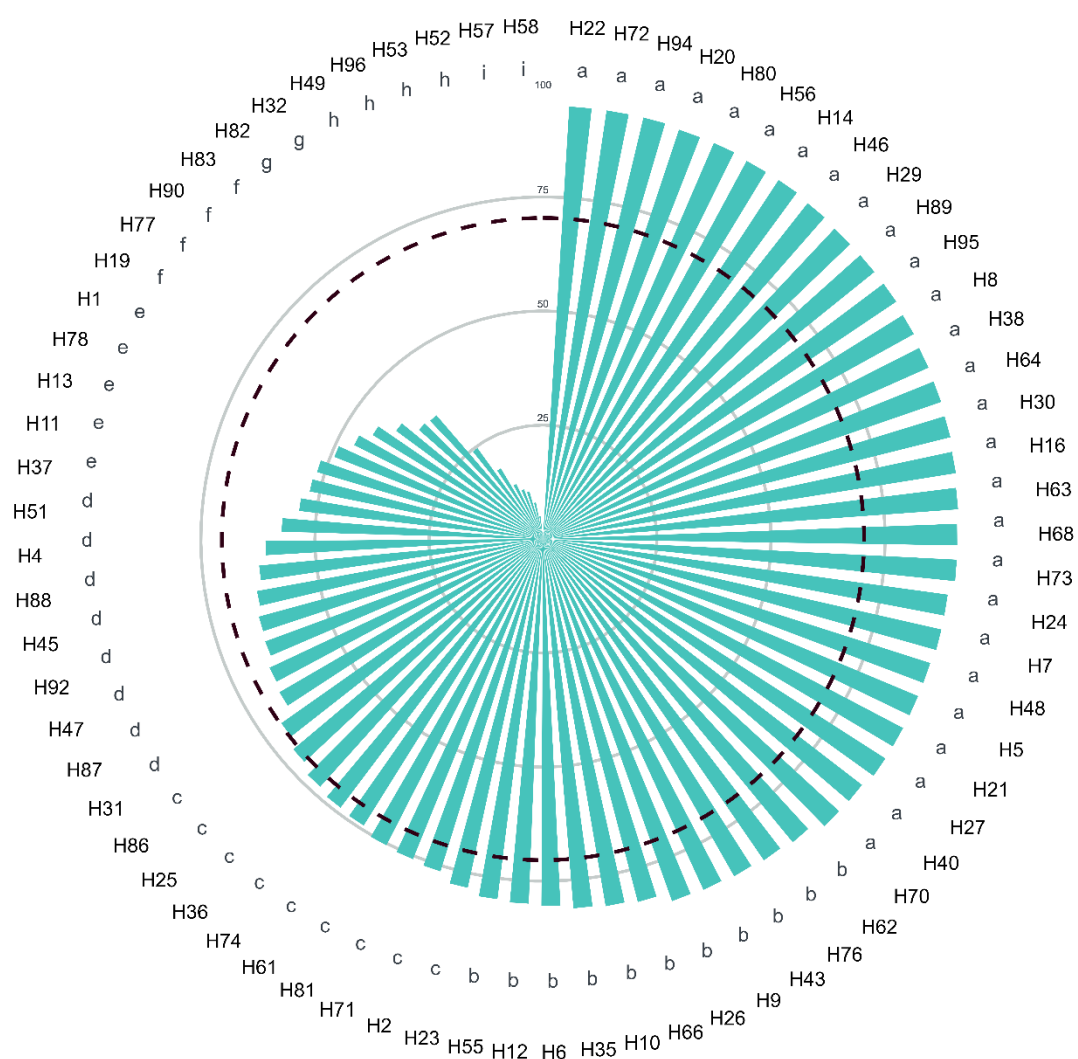


Figura 10. Desempenho de 72 híbridos de milho-pipoca avaliados em Itaocara, quanto à resistência à FER, medida com base na ASE. A linha tracejada representa a média geral do desempenho para a característica. Letras minúsculas sobre as barras indicam o agrupamento de médias de Scott-Knott (1974) ($p < 0,05$).

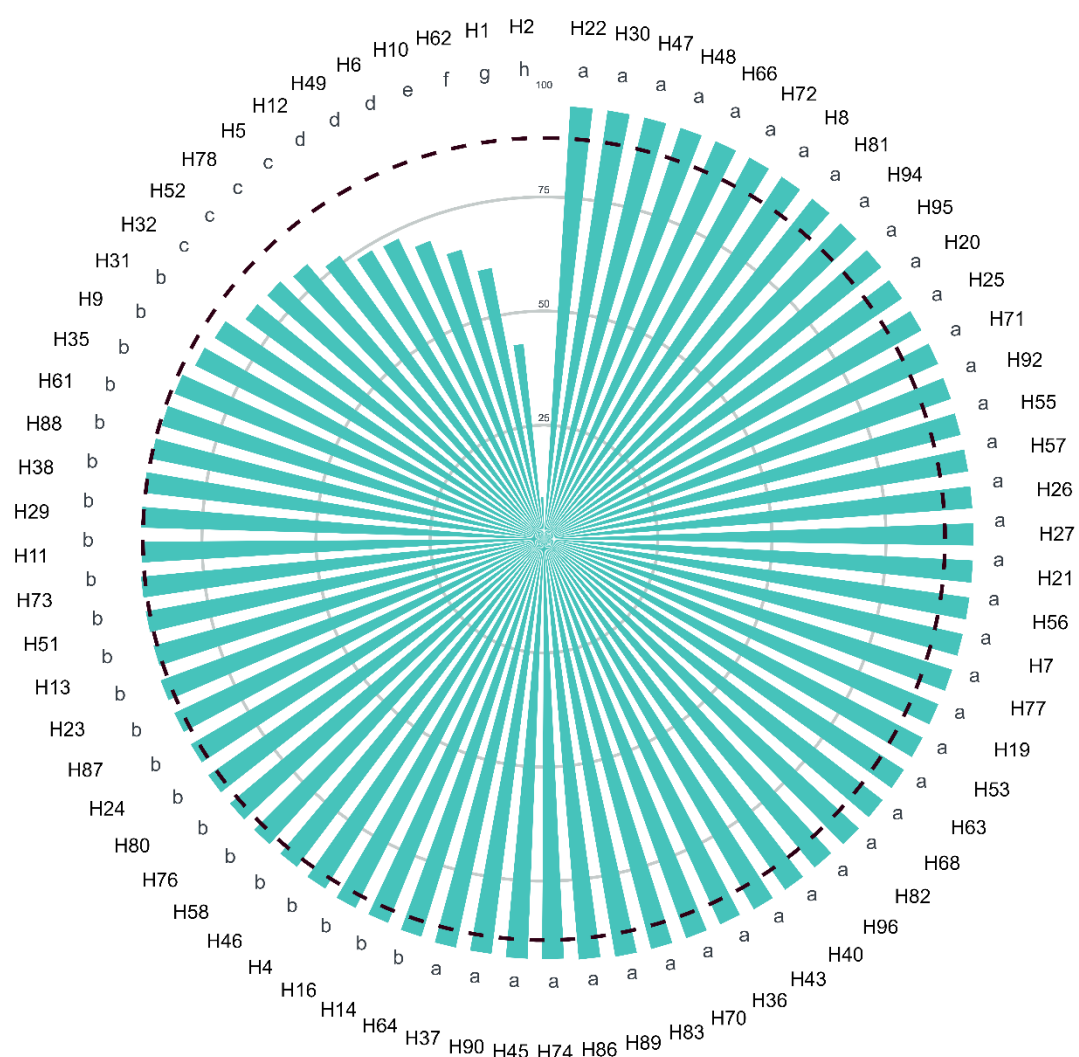


Figura 12. Desempenho de 72 híbridos de milho-pipoca avaliados em Campos dos Goytacazes, quanto à resistência à FER, medida com base na ASE. A linha tracejada representa a média geral do desempenho para a característica. Letras minúsculas sobre as barras indicam o agrupamento de médias de Scott-Knott (1974) ($p < 0,05$).

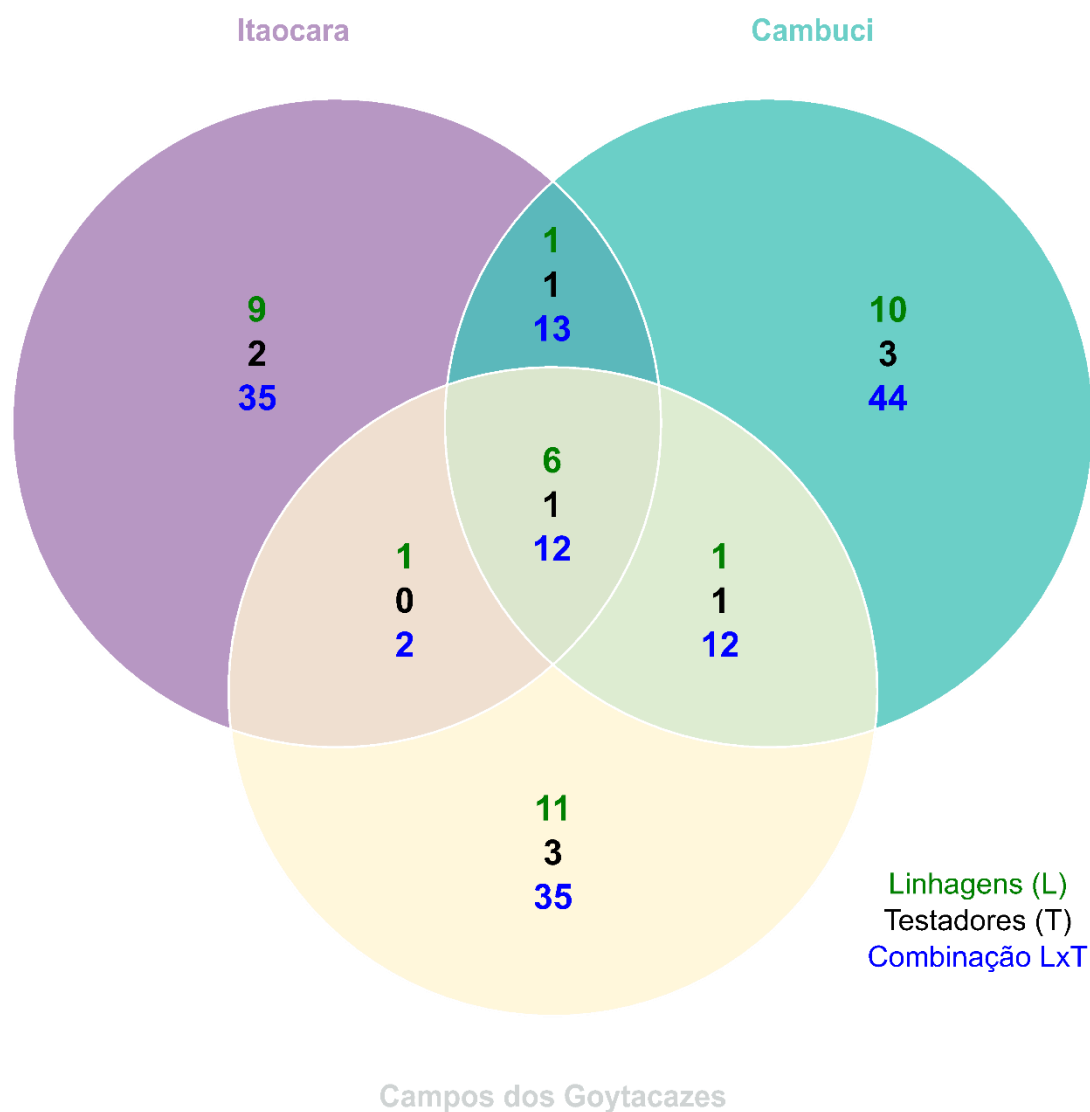


Figura 13: Diagrama de Venn evidenciando o número de linhagens, testadores e combinações L×T superiores para a redução da severidade de *Fusarium* em ambientes da região Norte e Noroeste Fluminense.

6 CONCLUSÕES

Os resultados indicam que tanto os efeitos aditivos quanto os não aditivos influenciam na expressão da resistência à FER, reforçando a complexibilidade genética para esta característica;

O CGC permitiu identificar os genitores com maior potencial de transmitir alelos favoráveis à resistência, independentemente da combinação híbrida, enquanto o CEC destacou as combinações parentais que apresentaram desempenho acima da média esperada com base no CGC;

A análise GGE biplot, juntamente com as estimativas de CGC/CEC e o teste de médias, complementaram os resultados ao permitir a visualização simultânea do desempenho e da estabilidade dos híbridos em relação à resistência à FER;

As linhagens endogâmicas L292, L294, L383, L386, L689 e L691 juntamente com o testador L322 são fontes potenciais de alelos de resistência à FER;

Os híbridos L76×L325, L76×L207 e L291×L326 apresentaram melhor adaptação aos ambientes de Cambuci, Campos dos Goytacazes e Itaocara, respectivamente; e

O híbrido L291×L80 foi o mais estável e resistente para FER nos múltiplos ambientes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Afolabi, C. G. et al. (2007) Avaliação de linhagens endogâmicas de milho para resistência à podridão da espiga por *Fusarium* e ao acúmulo de fumonisina nos grãos na África Tropical. *Plant Disease*, v. 91, p. 279–286. Disponível em: <https://doi.org/10.1094/PDIS-91-3-0279>. Acesso em: 15 jun. 2025.
- Agência Nacional de Vigilância Sanitária – ANVISA. (2017) Resolução da Diretoria Colegiada - RDC Nº 138, de 8 de fevereiro de 2017. Disponível em: <https://www.gov.br/anvisa/pt-br>. Acesso em: 03 abr. 2023.
- Agrios, G. N. (2004) *Plant pathology*. 5 ed. San Diego: Academic Press.
- Aguilar-Vildoso e Pompeu Junior, J. (1997) Inoculação de *Phytophthora* parasítica em caules de variedades cítricas pelo método do palito. *Fitopatologia Brasileira* v.22, n.240.
- Almeida, R.N., Vivas, M., Junior, D. R. dos S., Saluci, J.C.G., Carlos, M.C., Santos, J.S., Amaral Júnior, A. T., Scapim, C. A. (2021). Combining abilities analysis for ear rot resistance in popcorn hybrids development. *Rev. Ceres*, Viçosa, v. 68, n.1, p. 061-070.
- Al-Naggar AMM, Shafik MM, Musa RYM (2020) Genetic diversity based on morphological traits of 19 maize genotypes using principal component analysis

and GT biplot. *Annual Research & Review in Biology* 35:68–85. DOI: <https://www.doi.org/10.9734/arrb/2020/v35i230191>

Annicchiarico, P. (1992) Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. *Journal of Genetics and Breeding*, v.46(1), p.269–278.

Bacon, C. W., Glenn, A. E., & Yates, I. E. (2008) *Fusarium verticillioides*: managing the endophytic association with maize for reduced fumonisins accumulation. *Toxin Reviews*, 27(3-4), 411-446.

Bacon, C. W.; Nelson, P. E. (1994) Fumonisin production in corn by toxigenic strains of *Fusarium moniliforme* and *Fusarium proliferatum*. *Journal of Food Protection*, Des Moines, v.57, n.6, p.514-521.

Bernardo R (2002) Breeding for quantitative traits in plants. Woodbury, MN: Stemma Press.

Bittencourt, A. B. F.; Oliveira, C. A. F.; Dilkin, P.; Corrêa, B. (2005) Ocorrência de micotoxinas em fubá e farinha de milho comercializados em São Paulo, Brasil. *Food Control*, v. 16, p. 117–120. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2004.02.002>. Acesso em: 15 jun. 2025.

Blecher, B. (2019) Brasil já é segundo maior produtor de milho pipoca do mundo. Entrevista disponibilizada em 21 de maio de 2019, Internet. CBN Agronegócios, 2019. Disponível em: <https://glo.bo/2WuNHIB>. Acesso em: 21 mar. 2023.

Bocianowski J, Nowosad K, Rejek D (2024) Genotype-environment interaction for grain yield in maize (*Zea mays* L.) using the additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model. *Journal of Applied Genetics* 65:653–664. DOI: <https://www.doi.org/10.1007/s13353-024-00899-4>

Booth, C. (1971) The genus *Fusarium*. Kew, England: Commonwealth Mycological Institute, 237p.

Borém, A.; Miranda, G. V.; Fritsche-Neto, R. (2021) Melhoramento de plantas.

Bottalico, A. (1998) *Fusarium* diseases of cereals: species complex and related mycotoxin profiles, in Europe. *Journal of plant Pathology*: 85-103.

- Brandão, L. M. (2018) Análise agroeconômica de milhos especiais. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) - Universidade Federal de São João Del-Rei, Sete Lagoas, 92p.
- Carbas, B., Simões, D., Soares, A., Freitas, A., Ferreira, B., Carvalho, A.R., Silva, A.S., Pinto, T., Diogo, E., Andrade, E., Brites, C. (2021) Occurrence of *Fusarium* spp. in Maize Grain Harvested in Portugal and Accumulation of Related Mycotoxins during Storage. *Foods*, 10(2): 375. DOI: <https://doi.org/10.3390/foods10020375>
- Catão, H. C. R. M.; Caixeta, F. (2017) Physiological, isozyme changes and image analysis of popcorn seeds submitted to low temperatures. *Journal of Seed Science*, v.39, n.3, p.234-243.
- Catão, H. C. R. M.; Caixeta, F.; Lopes, A. M.; Nery-Silva, F. A.; Sá Júnior, A. (2020) Antioxidant activity and physiological performance of popcorn seed after saline stress and analysis of seedling images. *Ciência e Agrotecnologia*. v. 44, e005020. DOI: 1610.1590/1413-7054202044005020
- Centro Internacional de Mejoramiento de Maiz y Trigo - CIMMYT (1994) Managing trials and reporting data for CIMMYT's international maize testing program. Mexico, Cimmyt, 23p.
- Chen, J.; Zhou, H.; Xie, W.; Xia, D.; Gao, G.; Zhang, Q.; Wang, G.; Lian, X.; Xiao, J.; He, Y. (2019) Genome-wide association analyses reveal the genetic basis of combining ability in rice. *Plant Biotechnology Journal*, [s. l.], v. 17, n. 11, p. 2211–2222.
- Chen, X. H. et al. (2007) Análise comparativa da sequência completa do genoma da bactéria promotora do crescimento vegetal *Bacillus amyloliquefaciens* FZB42. *Journal não especificado*, v. 25, p. 1007–1014.
- Companhia Nacional De Abastecimento – CONAB. (2022) Acompanhamento da safra brasileira de grãos: safra 2021/22, n. 1 primeiro levantamento. Brasília. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/4744-producao-de-graos-atinge-recorde-na-safra-2021-22-e-chega-a-271-2-milhoes-de-toneladas>. Acesso em: 01 abr. 2023.

- Crossa J (1990) Statistical analyses of multilocation trials. *Advances in Agronomy* 44:55–85. DOI: [https://www.doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)60818-4](https://www.doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60818-4)
- Cruz C.D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. V.1 - 4ª ed., p. 544 - Viçosa-MG: UFV.
- Daemo BB, Yohannes DB, Beyene TM, Abteu WG (2023) AMMI and GGE Biplot Analyses for Mega Environment Identification and Selection of Some High-Yielding Cassava Genotypes for Multiple Environments. *International Journal of Agronomy* 2023(1):6759698. DOI: <https://www.doi.org/10.1155/2023/6759698>
- Davis, R. L. (1927) Report of the plant breeder. *Annals Reports Agricultural Experiment. Puerto Rico*, p. 14-15.
- Deepa, N.; Achar, P. N.; Sreenivasa, M. Y. (2021) Perspectivas atuais de agentes de biocontrole para manejo de *Fusarium verticillioides* e sua fumonisina em cereais: uma revisão. *Journal of Fungi, Basel*, v. 7, p. 776. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/jof7090776>. Acesso em: 15 jun. 2025.
- Desjardins, A.E. (2006) *Fusarium* mycotoxins: chemistry, genetics and biology. Saint Paul: The American Phytopathological Society, 268 p.
- Desjardins, A.E.; Plattener, R.D.; Lu, M.; Claflin, L.E. (1998) Distribution of fumonisins in maize ears infected with strains of *Fusarium moniliforme* that differ in fumonisina production. *Plant Disease, Saint Paul*, v. 82, n.8, p.953-958.
- Duvick, D.N. (2005) Genetic progress in yield of United States maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, v.50, p. 193–202.
- Eberhart, S. A.; Russell, W. A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, v. 6, p. 36–40.
- Elias, H. T.; Carvalho, S. P.; André, C. G. M. (2000) Comparação de testadores na avaliação de famílias S2 de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília*, v. 35, n. 6, p. 1135-1142.
- Esposito F., Fasano E., Scognamiglio G., Nardone A., Triassi M., Cirillo T. (2016) Avaliação da exposição às fumonisinas B1, B2 e B3 através do consumo de

alimentos sem glúten destinados a pessoas com doença celíaca. *Food and Chemical Toxicology*; 97:395–401. DOI: 10.1016/j.fct.2016.10.013

Faria Junior, C. A.; Dallacort, R.; De Freitas, P. S. L.; Barbieri, J. D.; Rezende, R. (2019) Coeficiente dual de cultivo do milho pipoca em Tangará da Serra - MT. *IRRIGA*, v. 24, n. 3, p. 473-485.

Fehr W (1991) *Principles of cultivar development: theory and technique*. Macmillan Publishing Company, New York, USA.

Feltrin, N. M. (2022) Manejo de *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) em milho-pipoca, com inseticidas, volumes de calda e pontas de pulverização. Dissertação (Mestrado em Engenharia Agrícola) – Santa Maria – RS, Universidade Federal de Santa Maria – UFSM, 84p. Disponível em: <https://repositorio.ufsm.br/handle/1/24663>. Acesso em: 03 abr. 2023.

Ferreira, E. B., Cavalcanti, P. P., Nogueira, D. A., & Ferreira, M. E. B. (2018) Package ‘ExpDes.pt’ (R package version 1).

Finlay, K. W.; Wilkinson, G. N. (1963) The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, v.14, p.742-754.

Folcher, L., Jarry, M., Weissenberger, A., Gerault, F., Eychenne, N., Delos, M., et al. (2009) Comparative activity of agrochemical treatments on mycotoxin levels with regard to corn borers and *Fusarium* mycoflora in maize (*Zea mays* L.) fields. *Crop Prot.* 28, 302–308. DOI: 10.1016/j.cropro.2008.11.007

Freire, A. I.; Castro, E. M.; Pereira, A. M.; Cruz, R. R. P.; Souza, F. B. M.; Chagas, W. F. T.; Souza, J. C. (2020) Amylose content and micromorphology of popcorn progenies with different popping expansion volumes. *Ciência Rural*, v. 50, n. 2, e20180962. DOI: 10.1590/0103-8478cr20180962

Gaikpa, David Sewordor, and Thomas Miedaner. (2019) Genomics-assisted breeding for ear rot resistances and reduced mycotoxin contamination in maize: methods, advances and prospects. *Theoretical and Applied Genetics* 132: 2721-2739.

- Garcia-Lara, S., Chuck-Hernandez, C., & Serna-Saldivar, S. (2019). Development and structure of the corn kernel. In S. Serna-Saldivar (Ed.), *Corn: Chemistry and technology* (pp. 147–163). AACC International Press.
- Gastl Filho, Josef. (2022) Análise dialélica, estimativas de parâmetros genéticos e seleção de genótipos de soja. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 145p. DOI: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2022.137>.
- Gelderblom, W. C. A., Jaskiewicz, J., Marasas, W. F. O., Thiel, P. G., Horak, R. M., Vleggar, R., et al. (1988) Fumonisin novel mycotoxins with cancer promoting activity produced by *Fusarium moniliforme*. *Appl. Environ. Microbiol.* 54, DOI: 1806–1811
- Gowda KH, Chauhan VBS, Nedunchezhiyan M, et al. (2025) Genotype × Environment Interaction Analysis and Simultaneous Selection Using AMMI, BLUP, GGE Biplot and MTSI Under Drought Condition in Sweet Potato. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*. DOI: <https://www.doi.org/10.1007/s42729-025-02367-2>
- Griffing, B. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, East Melbourne, v. 9, n. 4, p. 463-493.
- Hallauer, A. R.; Carena, M. J.; Miranda Filho, J. B. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding*. 2. ed. Ames: Iowa State University Press, 663 p.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.B. (1988) *Quantitative genetics in maize breeding*. New York: Editora Springer, v.6, 663 p.
- Hawksworth, D. L., Kirk, P. M., Sutton, B. C., & Pegler, D. N. (1995) *Ainsworth & Bisby's dictionary of the fungi*. 8.ed. Oxon, UK: CAB International Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo, 650p.
- Henderson CR (1952) Specific and general combining ability. In: Gowen JW (ed) *Heterosis*. Ames: Iowa State College Press, pp. 352–370.

- Hüehn, M. (1990) Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: Theory. *Euphytica* v.47, p.189-194.
- Ildiz, G. O., et al. (2019) A comparative study of the yellow dent and purple flint maize kernel components by Raman spectroscopy and chemometrics. *Journal of Molecular Structure*, 1184, 246–253. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molstruc.2019.02.034>
- Jouany, J.P. (2007) Methods for preventing, decontaminating and minimizing the toxicity of mycotoxins in feeds. *Animal Feed Science and Technology*, v.137, p.342-362.
- Juliatti, F. C., Zuza, J. L. M. F., Souza, P. P. & Polizel, A. C. (2007) Efeito do Genótipo de Milho e da Aplicação Foliar de Fungicidas na Incidência de Grãos Ardidos. *Bioscience Journal*, 23(2), 34-41.
- Kurosawa, R.N.F., Amaral Junior, A.T., Vivas, M., Almeida, R.N., Vivas, J.M.S., Lima, V.J., Silveira, S.F. (2021). Diallel Analysis for Resistance to Northern Leaf Blight in Popcorn under Contrasting Nitrogen Availability. *Agronomy Journal*. 2021;113:1–10. DOI:10.1002/agj2.20590
- Larish, L. B.; Brewbaker, J. L. (1999) Diallel analyses of temperate and tropical popcorn. *Maydica, Bergamo*, v. 44, p. 279-284.
- Li, L., Qu, Q., Cao, Z., Guo, Z., Jia, H., Liu, N., ... & Dong, J. (2019) The relationship analysis on corn stalk rot and ear rot according to *Fusarium* species and fumonisin contamination in kernels. *Toxins*, 11(6), 320.
- Lima JA, Rossi AAB, Santos TO, Penna GF, Tardin FD, Trindade RS, Guimarães PEO, Godinho VPC, Amaral Junior AT, Cordeiro AGM, Santos RC, Jesus MSF, Pogalsky LS, Tiago AV, Pedri EM, Ferreira EL, Zanetti GT (2023) Adaptability and stability of corn hybrids for the south of the Amazon biome via GGE biplot. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 58. DOI: <https://www.doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2023.v58.02931>
- Lin, C. S.; Binns, M. R. (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, v. 68, n. 1, p. 193–198.

- Liu, H., et al. (2020) Exogenous α -amylase supplementation reduces the variability of ileal digestible energy in broiler chickens fed complete diets with maize batches of variable protein solubility. *Animal Feed Science and Technology*, 268, 114610. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2020.114610>
- Manchanda, N., Snodgrass, S. J., Ross-Ibarra, J., and Hufford, M. B. (2018) Evolution and adaptation in the maize genome. In *The Maize Genome*, Cham: Springer International Publishing. 319-332.
- Marasas, W.F.O. (2001) Discovery and occurrence of the fumonisins. A historical perspective. *Environmental Health Perspectives*, Durham, v.109, n.2, p.239-243.
- Marín, S.; Homedes, V.; Sanchis, V.; Ramos, A.J.; Magan, N. (1999) Impact of *Fusarium* moniliforme and *F. proliferatum* colonisation of maize on calorific losses and fumonisin production under different environmental conditions. *Journal of Stored Products Research*, v.35, p.15-26.
- Marín, S.; Sanchis, V.; Magan, N. (1995) Water activity, temperature, and pH effects on growth of *Fusarium* moniliforme and *Fusarium* proliferatum isolates from maize. *Canadian Journal Microbiology*, Ottawa, v.41, p.1063-1070.
- Marín, S.; Sanchis, V.; Teixido, A.; Saenz, R.; Ramos, A. J.; Vinas, I.; Magan, N. (1996) Water and temperature relations and microconidial germination of *Fusarium* moniliforme and *Fusarium* proliferatum from maize. *Canadian Journal Microbiology*, Ottawa, v.42, p.1045-1050.
- Masiello, M. et al. (2019) In vitro and in field response of different fungicides against *Aspergillus flavus* and *Fusarium* species causing ear rot disease of maize. *Toxins*, Basel, v. 11, e11. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/toxins11010011>. Acesso em: 15 jun. 2025.
- Mather, K; Jinks, J.L. (1982). *Biometrical genetics: the study of continuous variation*, 3ed. Chapman and Hall, UK.
- Matsuoka Y, Vigouroux Y, Goodman MM, Sanchez GJ, Buckler E, Doebley J (2002) A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. *Proc Natl Acad Sci* 99(9):6080–6084.

- Mesterházy, Á.; Lemmens, M.; Reid, L. M. (2012) Breeding for resistance to ear rots caused by *Fusarium* spp. in maize – a review. *Plant Breeding*, v. 131, n. 1, p. 1-19.
- Miranda Filho, J. B.; Geraldi, I. O. (1984) An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v. 7, n. 4, p. 677-688.
- Miranda Filho, J. B.; Gorgulho, E. P. (2001) Cruzamentos com testadores e dialelos. In: Nass, L. L.; Valois, A. C. C.; Melo, I. S.; Valadares-Inglis, M. Recursos genéticos e melhoramento Plantas. 1. ed. Rondonópolis: Fundação MT, v. 1, cap. 21, p. 649-672.
- Missmer, S. A., Suarez, L., Felkner, M., Wang, E., Merrill Jr, A. H., Rothman, K. J., & Hendricks, K. A. (2006) Exposure to fumonisins and the occurrence of neural tube defects along the Texas–Mexico border. *Environmental health perspectives*, 114(2), 237-241.
- Moreira Júnior, W. N. (1995) Componentes de heterose a partir de testadores recíprocos intergrupos em linhagens de milho (*Zea mays* L.). Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 114 p.
- Munkvold, G. P., Arias, S., Taschl, I., & Gruber-Dorninger, C. (2019) Mycotoxins in corn: Occurrence, impacts, and management. In S. O. Serna-Saldivar (Ed.), *Corn: Chemistry and technology* (3rd ed., pp. 235–287). ISBN 978-0-12-811971-6.
- Munkvold, G. P.; Desjardins, A.E. (1997) Fumonisins in maize: can we reduce their occurrence? *Plant Disease*, Saint Paul, v. 81, n. 6, p. 556-565.
- Munkvold, Gary P. (2003) Cultural and genetic approaches to managing mycotoxins in maize. *Annual review of phytopathology*, v. 41, n. 1, p. 99-116.
- Nazareno, E. S et al. (2018) *Puccinia coronata* f.sp. *avenae*: uma ameaça à produção global de aveia. *Molecular Plant Pathology*, v.19, n.5, p.1047-1060.

- Olivoto, T., & Lúcio, A. D. C. (2020) metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(6), 783–789. DOI: <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>
- Paes, M. C. D. (2006) Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho. Sete Lagoas: EMBRAPA, (Circular técnica, 75).
- Paterniani, E.; Campos, M. S. (1999) Melhoramento do milho. In: Borém, A. (Ed.) *Melhoramento de Espécies Cultivadas*. Viçosa: UFV, p. 429-485.
- Paterniani, E; Nass, L. L; Santos, M. X. (2000) O Valor dos Recursos Genéticos para o Brasil. *Paralelo 15*, p.136.
- Piperno DR, Ranere AJ, Holst I, Iriarte J, Dickau R (2009) Starch grain and phytolith evidence for early ninth millennium B.P. maize from the central Balsas river valley, Mexico. *Proc Natl Acad Sci* 106 (13):5019–5024.
- Plaisted, R. L.; Peterson, L. C. (1959) A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. *American Potato Journal*, v.36, n.11, p.381-385.
- Prestes, Isabele D. et al. (2019) Principais fungos e micotoxinas em grãos de milho e suas consequências. *Scientia Agropecuaria*, v. 10, n. 4, p. 559-570.
- R CORE TEAM. (2022). R: A language and environment for statistical computing (Version 4.2.0) [Computer software]. R Foundation for Statistical Computing. Disponível em: <https://www.R-project.org/>
- Rebollo I, Aguilar I, Pérez de Vida F, Molina F, Gutiérrez L, Rosas JE (2023) Genotype by environment interaction characterization and its modeling with random regression to climatic variables in two rice breeding populations. *Crop Science* 63(4):2220–2240. DOI: <https://www.doi.org/10.1002/csc2.21029>
- Requena, F.; Saume, E.; Leon, A. (2011) Micotoxinas: Riesgos y prevención. *Revista Zootecnia Tropical*, Maracay, v.23, n.4, p.393-410, 2005. 10. SAS Institute Inc. SAS® 9.3 System Options: Reference, Second Edition. Cary, SAS Institute Inc.

- Riley, R. T.; Merrill, A. H., Jr. (2019) Ceramide synthase inhibition by fumonisins: A perfect storm of perturbed sphingolipid metabolism, signaling, and disease. *J. Lipid Res.*, 60, 1183–1189.
- Rosa Junior, O. F. et al. (2019) Fumonisin production by *Fusarium verticillioides* in maize genotypes cultivated in different environments. *Toxins, Basel*, v. 11, e215. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/toxins11040215>. Acesso em: 15 jun. 2025.
- Ross, P.F.; Rice, L. G.; Osweiler, G.D.; Nelson, P.E.; Richard, J.L.; Wilson, T.M. (1992) A review and update of animal toxicoses associated with fumonisin contaminated feeds and production of fumonisins by *Fusarium* isolates. *Mycopathologia*, Den Haag, v.117, n.1, p.109–114.
- Sabato, E. O., Pinto, N. F. J. A., Fernandes, F.T. (2013) Identificação e controle de doenças na cultura do milho. Brasília: EMBRAPA, 198p.
- Sampietro, D. A. et al. (2009) The pericarp and its surface wax layer in maize kernels as resistance factors to fumonisin accumulation by *Fusarium verticillioides*. *Crop Protection*, v. 28, p. 196–200. DOI:10.1016/j.cropro.2008.09.010. Acesso em: 15 jun. 2025.
- Santos Júnior DR, Ribeiro RM, Amaral Junior AT, Vivas M, Saluce JCG, Leite JT, Bispo RB, Lima VJ, Lamego DL, Xavier KB, et al. (2022) Allelic Complementation in Hybrid Superiority of Popcorn to Multiple Foliar Diseases. *Agronomy* 12(12):3103. DOI: <https://www.doi.org/10.3390/agronomy12123103>
- Santos TO, Amaral Junior ATD, Bispo RB, Lima VJ, Kamphorst SH, Leite JT, Santos Júnior DRD, Santos PHAD, Oliveira UA, Schmitt KFM, Campostrini E, Moulin MM, Viana AP, Gravina GA, Corrêa CCG, Gonçalves GMB (2021) Phenotyping Latin American Open-Pollinated Varieties of Popcorn for Environments with Low Water Availability. *Plants (Basel)* 10(6):1211. DOI: <https://www.doi.org/10.3390/plants10061211>
- Santos, L. C. de S. (2022) Caracterização morfoagronômica de linhagens endogâmicas de milho-pipoca para obtenção de híbridos F₁. Trabalho de Conclusão de Curso. Instituto Federal do Espírito Santo – Campus Itapina, 38p.

Disponível em: <https://repositorio.ifes.edu.br/handle/123456789/2336>. Acesso em: 03 abr. 2023.

- Santos, N. C. B; Carmo, S. A; Mateus, G. P; Komuro, L. K; Pereira, L. B; Souza, L. C. D. (2015) Características agronômicas e de desempenho produtivo de cultivares de milho-verde em sistema orgânico e convencional. Seminário: Ciências Agrárias, v. 36, n. 3 (Suplemento 1), p. 1807-1822. DOI: <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2015v36n3Supl1p1807>
- Schwantes, I.A., Amaral Júnior, A.T.do, Vivas, M., Almeida Filho, J. E.de, Kamphorst, S.H., Guimarães, A.G., Khan, S. (2018) Inheritance of resistance to *Fusarium* ear rot in popcorn. Crop Breeding and Applied Biotechnology 18: 81-88.
- Scott, K. (1974) Scott AJ, Knott M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance, Biometrics, 30, 507-512.
- Segs – Portal Nacional de Seguros, Saúde, Veículos, Informática, Info, Ti, Educação, Eventos, Agronegócio, Economia, Turismo, Viagens, Vagas, Agro e Entretenimento – (2019) Pesquisa inédita revela potencial do mercado de pipoca no Brasil. Disponível em: <https://www.segs.com.br/demais/178927%20-pesquisa-inedita-revela-potencial-do-mercado-depipoca-no-brasil>. Acesso em: 23 mar. 2023.
- Shah, T.R; Prasad, K; Kumar, P. (2016) Maize—A potential source of human nutrition and health: a review. Cogent: Food & Agriculture, v. 2, n. 1. DOI: 10.1080/23311932.2016.1166995
- Shukla, G. K. (1972) Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. Heredity, v. 29, n. 2, p. 237–245.
- Shull, G. F. (1952) Beginnings of the heterosis concept. In: Gowen JW (ed) Iowa State College Press, Ames, Heterosis, v. 23, p. 31-33
- Silva, R. R.; Benin, G. (2012) Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. Ciência Rural, v.42, n.8, p.1404-1412.

- Silva, W. J.; Vidal, B. C.; Martins, M. E. Q.; Vargas, H.; Pereira, C., Zerbetto, M.; Miranda, L. C. (1993) What makes popcorn pop. *Nature*, v. 362, n. 6419, p. 417.
- Sprague GF, Tatum LA (1942) General vs. specific combining ability in single crosses of corn. *Agronomy Journal*, Madison, 34(10):923–932. DOI: <https://www.doi.org/10.2134/agronj1942.00021962003400100008x>
- Stitzer, M. C. & Ross-Ibarra, J. (2018) Maize domestication and gene interaction. *New Phytol.* 220, 395–408.
- Tai, G. C. C. (1971) Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. *Crop science*, v.11, n.2, p.184-190.
- Troyer, A. F. (2006) Adaptedness and heterosis in corn and mule hybrids. *Crop Science*, v.46, p. 528–543.
- Tyska, D., et al. (2022) Near-infrared spectroscopy to assess mycotoxins contamination and nutritional composition of maize marketed in South America, years 2020–2021. *World Mycotoxin Journal*, 16(1), 85–96. Disponível em: <https://doi.org/10.3920/WMJ2022.2774>
- Uhlig, S.; Jestoi, M.; Parikka, P. (2007) *Fusarium avenaceum* - The North European situation. *International Journal of Food Microbiology*, v.119, p.17-24.
- Van Heerwaarden J, Doebley J, Briggs WH, Glaubitz JC, Goodman MM, de Jesus Sanchez Gonzalez J, Ross-Ibarra J (2011) Genetic signals of origin, spread, and introgression in a large sample of maize landraces. *Proc Natl Acad Sci* 108(3):1088–1092.
- Vargas, J. I., et al. (2023) Apparent metabolizable energy and amino acid digestibility of corn of different origin fed to male broilers from 12 to 18 days of age. *Animals*, 13(9), 3111. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ani13193111>
- Veiga, R. D.; Ferreira, D. F.; Ramalho, M. A. P. (2000) Eficiência dos dialelos circulantes na escolha de genitores. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 35, n. 7, p. 1395-1406.
- Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496p.

- Viégas, G. P.; Miranda Filho, J. B. (1978) Milho Híbrido. In: Paterniani, E. Melhoramento e produção do milho no Brasil. 1. ed. Piracicaba: ESALQ/Marprint, v. 1, cap. 7, p. 257-298.
- Wang, Q. et al. (2020) Evolutionary history of maize revealed by whole-genome sequencing. *Nature*, v. 588, n. 7838, p. 277-283.
- Wickham, H., Chang, W., & Wickham, M. H. (2016) Package 'ggplot2': Create elegant data visualisations using the grammar of graphics (Version 2.1, pp. 1–189).
- Yan W, Kang MS (2003) GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists. CRC Press.
- Yan W, Kang MS, Ma B, Woods S, Cornelius PL (2007) GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science* 47:643–653. DOI: <https://www.doi.org/10.2135/cropsci2006.06.0374>
- Yan W, Rajcan I (2002) Biplot Analysis of Test Sites and Trait Relations of Soybean in Ontario. *Crop Science* 42:11. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2002.1100>
- Yan W, Tinker NA (2006) Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science* 86:623–645. DOI: <https://doi.org/10.4141/P05-169>
- Yang RC, Crossa J, Cornelius PL, Burgueño J (2009) Biplot Analysis of Genotype × Environment Interaction: Proceed with Caution. *Crop Science* 49(5):1564–1576. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2008.11.0665>
- Yu, C. et al. (2021) Mycosubtilin produced by *Bacillus subtilis* ATCC6633 inhibits growth and mycotoxin biosynthesis of *Fusarium graminearum* and *Fusarium verticillioides*. *Toxins*, Basel, v. 13, e791. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/toxins13110791>. Acesso em: 15 jun. 2025.
- Zhou D., Wang X., Chen G., Sun S., Yang Y., Zhu Z., Duan C. (2018) As principais espécies de *Fusarium* que causam a podridão da espiga e do grão de milho e sua toxicidade em Chongqing, China. *Toxinas*:10:90. DOI: [10.3390/toxins10020090](https://doi.org/10.3390/toxins10020090)