HETEROSE E VISÃO COMPUTACIONAL PARA A OTIMIZAÇÃO DE PROGRAMAS DE MELHORAMENTO DE MILHO-PIPOCA VISANDO À RESISTÊNCIA A DOENÇAS FÚNGICAS

HÉRCULES DOS SANTOS PEREIRA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
AGOSTO - 2026

HETEROSE E VISÃO COMPUTACIONAL PARA A OTIMIZAÇÃO DE PROGRAMAS DE MELHORAMENTO DE MILHO-PIPOCA VISANDO À RESISTÊNCIA A DOENÇAS FÚNGICAS

HÉRCULES DOS SANTOS PEREIRA

"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
AGOSTO – 2026

FICHA CATALOGRÁFICA
UENF - Bibliotecas
Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

P436 Pereira, Hércules dos Santos.

Heterose e visão computacional para a otimização de programas de melhoramento de milho-pipoca visando à resistência a doenças fúngicas / Hércules dos Santos Pereira. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2026.

107 f. : il.
Bibliografia: 71 - 92.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2026.
Orientador: Marcelo Vivas.

1. *Zea mays* L. var. everta. 2. *Fusarium verticillioides*. 3. *Bipolaris maydis*. 4. padrões heteróticos. 5. fenotipagem digital. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

HETEROSE E VISÃO COMPUTACIONAL PARA A OTIMIZAÇÃO DE PROGRAMAS DE MELHORAMENTO DE MILHO-PIPOCA VISANDO À RESISTÊNCIA A DOENÇAS FÚNGICAS

HÉRCULES DOS SANTOS PEREIRA

"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."

Aprovada em 27 de agosto de 2026

Comissão examinadora:

gov.br Documento assinado digitalmente
ROBERTO FRITSCHE NETO
Data: 02/09/2026 10:22:17-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Prof. Roberto Fritsche-Neto (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - NCSU

gov.br Documento assinado digitalmente
YURE PEQUENO DE SOUZA
Data: 01/09/2026 20:23:50-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

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

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

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

DEDICATÓRIA

A Deus,

aos meus pais, Robson e Maria Isabel,

às minhas irmãs, Emília e Ester,

à minha avó materna, Geralda,

e aos meus avós, Antônio Dias, Joaquim e Adalgisa (in memoriam),

à minha tia, Maria do Carmo,

e à minha noiva e grande apoiadora, Jéssica Martins,

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus, por me conceder saúde, força, discernimento e sabedoria ao longo de toda a minha trajetória. A Deus, toda a glória!

À minha família pelo amor, apoio incondicional, incentivo e por estar sempre ao meu lado em todos os momentos: meu pai, Robson; minha mãe, Maria Isabel; e minhas irmãs, Emília e Ester. Sem vocês, nada disso seria possível!

À minha noiva, Jéssica Martins, pela parceria, compreensão, apoio e incentivo durante toda esta caminhada.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Marcelo Vivas, pela confiança, pelos ensinamentos, pelo apoio durante toda a pós-graduação e pela oportunidade de fazer parte de seu grupo de pesquisa.

Ao meu coorientador, Prof. Dr. Yure Pequeno de Souza, pela orientação, pelo apoio, pela amizade e pela importante contribuição em todas as etapas deste doutorado, especialmente na condução e no desenvolvimento dos trabalhos.

Ao Prof. Dr. Alexandre Pio Viana pela contribuição à minha trajetória acadêmica, pelos ensinamentos, pela confiança e pelo apoio ao desenvolvimento deste trabalho.

Ao meu coorientador, Prof. Dr. Roberto Fritsche-Neto, pela oportunidade de realizar o doutorado-sanduíche na North Carolina State University (NCSU), pelos conhecimentos compartilhados e pelo apoio durante esse período.

Ao Prof. Dr. Antônio Teixeira do Amaral Júnior pelas orientações e contribuições para minha formação acadêmica e profissional.

Ao Prof. Dr. Geraldo de Amaral Gravina pelas orientações ao longo da pós-graduação, pela importante contribuição para a escrita e pelo suporte no desenvolvimento deste trabalho.

Aos amigos, colegas e integrantes do Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG) e da NCSU pela convivência, pelo auxílio e pelas contribuições para o desenvolvimento deste trabalho.

Ao secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PGGMP), José Daniel Valle de Almeida, pelo profissionalismo, pela dedicação e pelo auxílio prestado durante todo o curso de pós-graduação.

Aos membros das bancas de projeto, qualificação e defesa de tese, pelas valiosas contribuições que enriqueceram este trabalho.

A todos os servidores da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) pela estrutura disponibilizada e pelo apoio oferecido ao longo desta trajetória.

À NCSU pela excelente estrutura disponibilizada e pela acolhida durante a realização do doutorado-sanduíche.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas por contribuírem para minha formação acadêmica e profissional.

Aos funcionários do Colégio Agrícola Antônio Sarlo, em especial ao José Manuel, pela colaboração na condução dos experimentos e obtenção das sementes.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) – Brasil, Código de Financiamento 001, e à Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ), pela concessão das bolsas de estudo.

Ao Programa de Apoio à Pesquisa, Inovação e Cultura (PAPIC-DATA+), pelo apoio à realização desta pesquisa, por meio do processo nº SEI-260002/007673/2025.

SUMÁRIO

RESUMO vii
ABSTRACT ix
1 INTRODUÇÃO 1
2 OBJETIVOS 4
2.1 Objetivo Geral 4
2.2 Objetivos Específicos 4
3 CAPÍTULOS 5
3.1 **PADRONIZAÇÃO HETERÓTICA EM MILHO-PIPOCA VISANDO A OTIMIZAR O DESENVOLVIMENTO DE HÍBRIDOS PRODUTIVOS E RESISTENTES AO *FUSARIUM* SP**. 5
3.1.1 INTRODUÇÃO 5
3.1.2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA 8
3.1.2.1 Aspectos gerais da cultura do milho-pipoca 8
3.1.2.2 Podridão da espiga 10
3.1.2.3 Padrões heteróticos 11
3.1.2.4 Melhoramento visando à resistência 12
3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS 16
3.1.3.1 Material genético e cruzamentos dialélicos 16
3.1.3.2 Delineamento experimental e avaliação do campo 17
3.1.3.3 Características mensuradas 19
3.1.3.4 Análises dos dados *20*

3.1.4 RESULTADOS.....24
3.1.4.1 Análise de variância e capacidade combinatória.....24
3.1.4.2 Performance dos híbridos para múltiplas características 30
3.1.4.3 Padrões heteróticos e desempenho dos híbridos 33
3.1.5 DISCUSSÃO.....34
3.1.6 CONCLUSÃO.....39
3.2 DETECÇÃO E QUANTIFICAÇÃO AUTOMATIZADAS DA SEVERIDADE DA MANCHA DE HELMINTOSPORIOSE MAIDIS EM MILHO-PIPOCA UTILIZANDO VISÃO COMPUTACIONAL.....40
3.2.1 INTRODUÇÃO.....40
3.2.2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....43
3.2.2.1 Mancha foliar causada por Bipolaris maydis 43
3.2.2.2 Fenotipagem digital.....44
3.2.2.3 Modelos de Deep learning aplicados à avaliação de doenças...*47*
3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS 49
3.2.3.1 Desenvolvimento do modelo de aprendizado profundo para quantificação da MHM.....49
3.2.3.2 Material vegetal e condições experimentais.....49
3.2.3.3 Preparo do inóculo 50
3.2.3.4 Inoculação, avaliação dos sintomas e aquisição de imagens 50
3.2.3.5 Conjunto de dados e treinamento do modelo.....52
3.2.3.6 Estimativa da severidade 54
3.2.3.7 Comparação entre a avaliação visual e o aprendizado profundo..55
3.2.3.8 Análises estatísticas.....57
3.2.4 RESULTADOS.....57
3.2.4.1 Treinamento e desempenho do modelo.....57
3.2.4.2 Desempenho comparativo entre fenotipagem visual e baseada no modelo.....60
3.2.5 DISCUSSÃO.....64
3.2.6 CONCLUSÃO.....70
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....71
APÊNDICE.....93

RESUMO

PEREIRA, Hércules dos Santos; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; agosto 2026; Heterose e visão computacional para a otimização de programas de melhoramento de milho-pipoca visando à resistência a doenças fúngicas; Orientador: D.Sc. Marcelo Vivas; Conselheiros: D.Sc. Alexandre Pio Viana e D.Sc. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. everta) possui crescente importância econômica, mas sua produção é frequentemente limitada por doenças fúngicas que reduzem a produtividade e a qualidade dos grãos. O melhoramento para resistência constitui estratégia fundamental para minimizar esses impactos, e sua eficiência depende da identificação de genitores e híbridos superiores e da adoção de métodos precisos e padronizados de avaliação fenotípica. Assim, este trabalho teve como objetivo desenvolver e avaliar estratégias genéticas e computacionais para aumentar a eficiência do melhoramento do milho-pipoca visando à obtenção de genótipos resistentes a doenças fúngicas de importância econômica. No primeiro capítulo, foram avaliados 66 híbridos dialélicos em três ambientes, visando identificar padrões heteróticos e selecionar combinações superiores para resistência à podridão da espiga causada por *Fusarium verticillioides* (FER), altura de plantas (AP), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). A linhagem L326 destacou-se pela elevada capacidade geral de combinação para CE, enquanto L683 apresentou contribuição favorável para o conjunto de caracteres, com potencial para reduzir SFER e AP e aumentar RG e CE. Para a capacidade específica de combinação de RG, os maiores efeitos médios positivos

foram observados em L503 × L328, L328 × L683, L683 × L326, L207 × L274 e L691 × L326. A análise de agrupamento resultou em dois grupos, mantendo linhagens de mesma genealogia no mesmo grupo. O índice MTSI selecionou dez híbridos com desempenho multicaracterístico superior, com destaque para as combinações intergrupo L691 × L326, L683 × L326 e L691 × L328, envolvendo as genealogias UENF-14 e Barão de Viçosa, indicando padrão heterótico promissor. Além disso, todos os híbridos selecionados apresentaram pelo menos uma linhagem derivada da população UENF-14, evidenciando seu potencial combinatório. No segundo capítulo, foi desenvolvido e validado um modelo de aprendizado profundo baseado na arquitetura YOLOv11l-seg para a fenotipagem automatizada da severidade da mancha de helmintosporiose maidis (MHM), causada por *Bipolaris maydis*. Foram avaliados 67 genótipos em casa de vegetação, submetidos à inoculação artificial do patógeno, gerando 1.093 imagens. As estimativas de severidade obtidas pelo modelo foram comparadas às avaliações visuais. O modelo apresentou elevado desempenho na detecção e segmentação de folhas e régua (mAP50 = 1,00 e 0,99) e desempenho satisfatório para as lesões (mAP50 = 0,78 e 0,74). As estimativas apresentaram forte correlação com a avaliação visual (r = 0,79–0,82), e a concordância entre os métodos aumentou após o ajuste dos dados (CCC = 0,816). A análise de Bland–Altman revelou viés positivo de 2,14 pontos percentuais, indicando a tendência do modelo a estimar severidades superiores às da avaliação visual. O método de fenotipagem influenciou a classificação e seleção dos genótipos, com acurácias semelhantes e eficiência relativa de 88% a 110%, indicando desempenho comparável e, em alguns cenários, vantagem para a abordagem automatizada. Em conjunto, os resultados demonstram que a identificação de padrões heteróticos e a fenotipagem automatizada baseada em aprendizado profundo podem aumentar a eficiência do melhoramento de milho-pipoca para resistência a doenças fúngicas, aprimorando a seleção de genitores e híbridos e a quantificação da resistência.

Palavras-chave: *Zea mays* L. var. *everta*; *Fusarium verticillioides*; *Bipolaris maydis*; padrões heteróticos; fenotipagem digital; aprendizado profundo.

ABSTRACT

PEREIRA, Hércules dos Santos; D.Sc.; State University of the North Fluminense Darcy Ribeiro; August 2026; Heterosis and Computer Vision for Optimizing Popcorn Maize Breeding Programs Aimed at Resistance to Fungal Diseases; Advisor: D.Sc. Marcelo Vivas; Advisory Committee: D.Sc. Alexandre Pio Viana and D.Sc. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

Popcorn maize (*Zea mays* L. var. everta) is of increasing economic importance, but its production is frequently limited by fungal diseases that reduce grain yield and quality. Breeding for resistance is a fundamental strategy to minimize these impacts, and its efficiency depends on the identification of superior parents and hybrids and the adoption of accurate and standardized phenotypic evaluation methods. Thus, this study aimed to develop and evaluate genetic and computational strategies to increase the efficiency of popcorn maize breeding for the development of genotypes resistant to economically important fungal diseases. In the first chapter, 66 diallel hybrids were evaluated in three environments to identify heterotic patterns and select superior combinations for resistance to ear rot caused by *Fusarium verticillioides* (FER), plant height (PH), grain yield (GY), and popping expansion (PE). Line L326 stood out for its high general combining ability for PE, whereas L683 showed a favorable contribution across the traits, with potential to reduce SFER and PH and increase GY and PE. For specific combining ability for GY, the highest positive mean effects were observed for L503 × L328, L328 × L683, L683 × L326, L207 × L274, and L691 × L326. Cluster analysis resulted in two groups, with lines

of the same pedigree remaining in the same group. The MTSI selected ten hybrids with superior multi-trait performance, highlighting the intergroup combinations L691 × L326, L683 × L326, and L691 × L328, involving the UENF-14 and Barão de Viçosa pedigrees, indicating a promising heterotic pattern. In addition, all selected hybrids included at least one line derived from the UENF-14 population, demonstrating its combining potential. In the second chapter, a deep learning model based on the YOLOv11l-seg architecture was developed and validated for the automated phenotyping of southern corn leaf blight (SCLB) severity caused by *Bipolaris maydis*. Sixty-seven genotypes were evaluated in a greenhouse following artificial pathogen inoculation, generating 1,093 images. Severity estimates obtained by the model were compared with visual assessments. The model showed high performance in leaf and ruler detection and segmentation (mAP50 = 1.00 and 0.99) and satisfactory performance for lesions (mAP50 = 0.78 and 0.74). The estimates showed a strong correlation with visual assessment (r = 0.79–0.82), and agreement between methods increased after data adjustment (CCC = 0.816). Bland–Altman analysis revealed a positive bias of 2.14 percentage points, indicating a tendency of the model to estimate higher severity than visual assessment. The phenotyping method influenced genotype classification and selection, with similar accuracies and relative efficiency ranging from 88% to 110%, indicating comparable performance and, in some scenarios, an advantage for the automated approach. Overall, the results demonstrate that the identification of heterotic patterns and deep learning-based automated phenotyping can increase the efficiency of popcorn maize breeding for fungal disease resistance, improving the selection of parents and hybrids and the quantification of resistance.

Keywords: *Zea mays* L. var. everta; *Fusarium verticillioides*; *Bipolaris maydis*; heterotic patterns; digital phenotyping; deep learning.

1 INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*) é a matéria-prima de um dos produtos derivados do milho mais consumidos no mundo. Além de sua ampla aceitação pelos consumidores, destaca-se por seu valor nutricional, associado ao baixo teor calórico e ao elevado conteúdo de fibras alimentares (Abdullah, 2021). Nas últimas décadas, a crescente demanda por alimentos práticos e saudáveis tem impulsionado a expansão do mercado global de *snacks* à base de cereais, conferindo ao milho-pipoca elevada relevância econômica e crescente valor agregado (Gopinath et al., 2024).

Nesse contexto, o Brasil consolidou-se entre os principais produtores mundiais de milho-pipoca. A produção nacional tem apresentado crescimento expressivo, impulsionada principalmente pelo estado de Mato Grosso, onde a cultura se estabeleceu como importante alternativa de renda, especialmente durante a segunda safra (Caranhato et al., 2022; Facco et al., 2025).

Apesar desse avanço, a expansão da cultura tem sido acompanhada por desafios fitossanitários cada vez mais relevantes. As doenças de plantas estão entre os principais fatores limitantes da produção agrícola, pois comprometem a produtividade, a qualidade dos produtos e a sustentabilidade dos sistemas produtivos (Ristaino et al., 2021; Gai e Wang, 2024). Em culturas de importância alimentar, esses impactos resultam em prejuízos econômicos superiores a US$ 220 bilhões por ano em escala global (FAO, 2022). No milho, as perdas decorrentes de doenças e de outros estresses bióticos podem atingir, em média, 22,5% da

produção, superando 40% em regiões particularmente vulneráveis (Savary et al., 2019).

No Brasil, esse cenário é agravado pelas condições ambientais predominantes. O clima majoritariamente tropical, aliado à ampla diversidade de sistemas agrícolas, favorece o desenvolvimento e a disseminação de diversos fitopatógenos, especialmente fungos, que encontram condições adequadas de temperatura e umidade para infecção, colonização e reprodução (Angelotti et al., 2024). Paralelamente, apesar da crescente importância econômica da cultura, a produção brasileira de milho-pipoca ainda depende fortemente de cultivares e híbridos oriundos principalmente dos Estados Unidos e da Argentina (Sawazaki et al., 2000; Paterniani et al., 2020). Além de elevar os custos de produção, essa dependência restringe a base genética disponível aos programas nacionais de melhoramento e limita o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas brasileiras (Caranhato et al., 2022). Diante da elevada pressão de doenças nos ambientes tropicais, torna-se essencial ampliar os esforços para a obtenção de materiais geneticamente adaptados às condições locais e capazes de manter desempenho agronômico satisfatório diante dos desafios fitossanitários.

A resistência genética destaca-se como uma das estratégias mais eficientes, econômicas e ambientalmente sustentáveis para o manejo de doenças, uma vez que proporciona proteção contínua ao longo do ciclo da cultura e reduz a dependência de defensivos químicos (Mundt, 2014; Saluci et al., 2024). Entretanto, o desenvolvimento de cultivares resistentes é continuamente desafiado pelo processo de coevolução entre hospedeiros e patógenos. Enquanto as plantas desenvolvem mecanismos capazes de restringir a infecção, os patógenos evoluem para superar essas barreiras, aumentando sua infectividade, agressividade e capacidade adaptativa (Savary et al., 2019). Essa dinâmica torna indispensável a identificação contínua de novas fontes de resistência e sua incorporação aos programas de melhoramento.

Diante dessa necessidade, torna-se fundamental desenvolver estratégias que aumentem a eficiência da obtenção de genótipos superiores. Em espécies alógamas, como o milho, a exploração da heterose e a definição de grupos heteróticos constituem ferramentas centrais para o direcionamento de cruzamentos e a maximização do ganho genético. A divergência genética entre *pools* gênicos favorece a expressão da heterose e possibilita a obtenção de híbridos superiores

para características complexas, como produtividade e resistência a doenças (Melchinger e Gumber, 1998). Além disso, a heterose tem sido amplamente explorada para o desenvolvimento de híbridos com desempenho superior ao de seus genitores sob diferentes ambientes e condições de estresse (Fan et al., 2008; Badu-Apraku et al., 2021; Olayiwola et al., 2021; Liu et al., 2024). Paralelamente às estratégias genéticas, abordagens computacionais aplicadas à fenotipagem têm ganhado crescente importância nos programas de melhoramento. A avaliação da resistência a doenças demanda elevado investimento de tempo, mão de obra e recursos financeiros, especialmente quando baseada em métodos visuais convencionais. O uso de visão computacional, aprendizado de máquina e inteligência artificial tem permitido automatizar a coleta e a análise de dados fenotípicos, proporcionando avaliações mais rápidas, precisas e escaláveis (Mutka e Bart, 2015; Hickey et al., 2019; Haque et al., 2021). Como resultado, essas tecnologias ampliam a capacidade de fenotipagem em larga escala e fortalecem a eficiência da seleção em programas de melhoramento vegetal.

A integração de estratégias genéticas e computacionais apresenta grande potencial para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento voltados à resistência a doenças. Essas abordagens podem acelerar o desenvolvimento de cultivares de milho-pipoca mais adaptadas às condições brasileiras e mais resilientes aos desafios fitossanitários.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Desenvolver e avaliar estratégias genéticas e computacionais para otimizar a eficiência de programas de melhoramento de milho-pipoca voltados à obtenção de genótipos resistentes a doenças fúngicas.

2.2 Objetivos Específicos

Identificar padrões heteróticos e combinações híbridas promissoras para resistência à podridão da espiga causada por *Fusarium* spp. e bom desempenho agronômico, com base na capacidade combinatória e no agrupamento, visando a orientar cruzamentos e a formação de populações sintéticas e superiores;

Indicar linhagens com elevada capacidade geral de combinação e contribuição favorável para caracteres de interesse, visando a sua utilização como potenciais testadores elite no programa de melhoramento de populações de milho-pipoca da UENF;

Desenvolver e validar um modelo de aprendizado profundo para a fenotipagem automatizada da severidade da mancha de helmintosporiose maidis (MHM), causada por *B. maydis*, em milho-pipoca e comparar as estimativas obtidas pelo modelo com aquelas provenientes da avaliação visual convencional; e

Investigar a contribuição de estratégias genéticas e de IA para a otimização de programas de melhoramento voltados à resistência a doenças fúngicas em milho-pipoca.

3 CAPÍTULOS

3.1 PADRONIZAÇÃO HETERÓTICA EM MILHO-PIPOCA VISANDO A OTIMIZAR O DESENVOLVIMENTO DE HÍBRIDOS PRODUTIVOS E RESISTENTES AO *Fusarium* sp.

3.1.1 INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. everta (Sturtev.) L.H. Bailey) possui elevado valor agregado, impulsionado pelo crescente consumo e pela ampla aceitação da pipoca entre os consumidores (Caranhato et al., 2022). Por ser considerado um milho especial, não é comercializado como *commodity*, o que resulta em alto valor agregado em comparação ao milho comum. Isso o torna uma cultura atrativa para os produtores, representando uma alternativa de lucro na safrinha (Paterniani et al., 2020).

Todavia, a alta suscetibilidade a pragas e doenças tem ocasionado perdas significativas na produtividade e na qualidade dos grãos (Santos et al., 2020). Dentre as doenças que afetam a cultura, a fusariose, ocasionada pelo patógeno *Fusarium verticillioides* Sacc. Niremberg, é considerada uma das mais frequentes e danosas. Além de impactar a produção e a qualidade dos grãos de pipoca, causa preocupações relacionadas à segurança alimentar, devido a manchas, mofos e

micotoxinas, como as fumonisinas (Gabriel et al., 2018). Por se tratar de um alimento destinado exclusivamente ao consumo humano, a ingestão de pipoca contaminada por essas toxinas pode resultar em sérios problemas de saúde, incluindo doenças crônicas e hepáticas (Ross et al., 1990; Munkvold, 2003; Missmer et al., 2006).

Para mitigar os problemas causados por esse patógeno, a resistência genética surge como uma estratégia eficiente e sustentável no controle de doenças em plantas, destacando-se pelo baixo impacto ambiental em comparação com o uso de agrotóxicos (Camargo, 2018; Saluci et al., 2023). Visando ao desenvolvimento de cultivares resistentes à podridão da espiga causada por *Fusarium* spp., diferentes estudos têm evidenciado a importância dos efeitos genéticos no controle da resistência. Schwantes et al. (2018), utilizando análise dialélica segundo o modelo aditivo-dominante de Hayman, identificaram predominância de efeitos de dominância e a participação de até três blocos gênicos no controle da característica em milho-pipoca, indicando a viabilidade do melhoramento por meio da exploração da heterose. Almeida et al. (2021), por sua vez, empregaram um dialelo parcial entre 15 linhagens S_7 e cinco testadores, também em milho-pipoca, e observaram que tanto os efeitos aditivos quanto os não aditivos foram relevantes. Os autores destacaram a importância de selecionar genitores com baixa severidade e CGC negativa para a obtenção de híbridos mais resistentes. Em milho comum, Tembo et al. (2022) avaliaram 24 linhagens endogâmicas, provenientes do sul da África e do IITA, com diferentes históricos de reação à doença. Por meio do delineamento North Carolina II, os autores constataram a presença conjunta de efeitos aditivos e não aditivos, reforçando a necessidade de seleção cuidadosa de genitores, com base em padrões heteróticos e origem geográfica.

Além da resistência genética, características de importância agronômica, como o rendimento de grãos, também são controladas por efeitos não aditivos (Pereira e Amaral Júnior, 2001; Lima et al., 2019). Quanto à capacidade de expansão (CE), a principal característica de qualidade da cultura do milho, embora alguns estudos tenham indicado que ela é controlada por efeitos aditivos (Pereira e Amaral Júnior, 2001; Freitas Junior et al., 2006), novos estudos têm indicado a ocorrência de efeitos não aditivos sobre essa característica (Lima et al., 2019; Santos et al., 2020), evidenciando um efeito de herança mista.

Diante desse cenário, a identificação de padrões heteróticos é fundamental para o uso eficiente da heterose (Hallauer et al., 2010) e para o desenvolvimento de híbridos de milho-pipoca com maior produtividade e resistência a doenças. Considerando a base genética estreita dessa cultura, é indispensável realizar estudos que explorem a variabilidade genética, classificando linhagens endogâmicas em padrões heteróticos distintos e, assim, otimizando o aproveitamento da heterose. Essa abordagem é crucial nos programas de melhoramento de plantas, possibilitando a criação de híbridos, sintéticos e populações reprodutoras superiores (Akinwale et al., 2014).

Em estudos voltados à classificação de padrões heteróticos, o uso de cruzamentos dialélicos, proposto por Griffing (1956), tem sido amplamente adotado para a categorização de linhagens endogâmicas (Badu-Apraku et al., 2013; Akinwale et al., 2014; Badu-Apraku et al., 2015; Badu-Apraku et al., 2016; Olayiwola et al., 2021). Dentre os métodos aplicados na classificação de grupos heteróticos, destaca-se o uso da capacidade específica de combinação (CEC), baseada no rendimento de grãos. Olayiwola et al. (2021), ao avaliarem 45 híbridos de milho em condições de baixo nitrogênio, infestação artificial de broca do caule e ausência de estresse em 10 ambientes, testaram cinco métodos de agrupamento e identificaram a CEC baseada no rendimento de grãos como a mais eficiente.

De forma semelhante, Oyetunde et al. (2020), ao avaliarem 256 híbridos de milho derivados de linhagens de milho amarelo de maturação precoce do IITA, sob condições de seca, infestação por *Striga* e ambientes ideais de crescimento, concluíram que tanto o método da CEC quanto o método proposto por Fan et al. (2008), denominado HSGCA, que combina a CGC e a CEC, foram os mais eficazes para o agrupamento em todas as condições avaliadas.

Embora existam diversos estudos publicados sobre agrupamento heterótico em milho comum, as informações sobre milho-pipoca ainda são escassas, evidenciando a necessidade de pesquisas mais aprofundadas sobre o tema. Este estudo busca classificar linhagens de milho-pipoca em padrões heteróticos com base em características agronômicas e severidade de *Fusarium* sp., utilizando o método de agrupamento com base na CEC, bem como, selecionar híbridos com elevado desempenho agronômico, considerando sua estabilidade em diferentes ambientes.

3.1.2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1.2.1 Aspectos gerais da cultura do milho-pipoca

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. everta) é um tipo especial de milho pertencente à família Poaceae e à subfamília Panicoideae (Gopinath et al., 2024). Esta planta é diploide (2n = 2x = 20) anual e monóica, e se reproduz preferencialmente por polinização cruzada (Kumar et al., 2023). A origem do milho-pipoca é objeto de diversas discussões, sendo a teoria mais aceita aquela que o associa às regiões da América do Sul e Central, onde há uma grande diversidade de raças indígenas (Ziegler, 2001). O desenvolvimento do milho-pipoca foi fortemente influenciado pelo uso de germoplasma de milho duro, posteriormente submetido a sucessivos ciclos de seleção. Apesar dos ganhos obtidos com a exploração da heterose para rendimento de grãos, algumas características agronômicas, como a qualidade do colmo, a precocidade e a resistência a doenças, ainda apresentam níveis de desempenho inferiores. (Kantety et al., 1995). Essas inferências fundamentam-se na observação de que as plantas de milho-pipoca ainda mantêm características consideradas "selvagens", como menor tamanho de semente, maior prolificidade e pericarpo muito rígido (Ziegler, 2001).

Os grãos de milho-pipoca distinguem-se pela capacidade de estourar quando aquecidos, característica que os diferencia dos demais tipos de milho (Kaur et al., 2023). Esse fenômeno decorre de um conjunto de fatores, entre os quais se destaca a interação entre o pericarpo e o endosperma. O pericarpo, com sua espessura, não apenas atua como proteção do endosperma, mas também desempenha papel crucial como recipiente de pressão durante o processo de estouro. Quanto ao endosperma, há uma clara associação com a qualidade da expansão da pipoca (Hoseney et al., 1983). Para que ocorra uma boa expansão dos grãos de pipoca, é necessário um teor de umidade entre 10 e 15%, com máxima expansão a uma temperatura aproximada de 177°C, correspondente a uma pressão de vapor de 135 psi dentro do grão (Hoseney et al., 1983). A CE dos grãos de milho emerge como a característica mais significativa para o consumidor, definindo-se como a relação entre o volume de pipoca e o volume ou peso dos grãos. Quanto maior a capacidade de expansão, melhor é a qualidade da pipoca e, consequentemente, maior é o seu valor comercial (Oliveira et al., 2020).

A pipoca destaca-se como um dos alimentos à base de milho mais consumidos no mundo, sendo amplamente apreciada por suas características sensoriais, valor nutricional e elevado teor de fibras (Yu et al., 2021). A crescente demanda por esse produto impulsionou a expansão do mercado global, que movimentou aproximadamente US$ 10 bilhões em 2020 (Serna-Saldivar, 2022). Nesse cenário, os Estados Unidos consolidam-se como o maior produtor mundial de milho-pipoca, com produção aproximada de 460 mil toneladas em 2022, cultivadas em 82.722,6 hectares, resultando em produtividade média de 5,56 t ha^{-1} (USDA, 2024). No Brasil, o cultivo de milho-pipoca tem se expandido continuamente, impulsionado principalmente pelo maior valor agregado dos grãos em relação ao milho comum (Santos et al., 2020). Os milhos especiais representam uma importante alternativa de renda para os produtores, podendo alcançar preços de mercado até quatro vezes superiores aos do milho convencional (Paterniani et al., 2020). Embora ainda sejam escassos os dados oficiais sobre área cultivada, produção e comercialização, em razão da elevada informalidade desse segmento (Pereira Filho et al., 2021), estimativas do setor indicam que o país produziu mais de 300 mil toneladas de milho-pipoca em 2023, posicionando-se como o segundo maior produtor mundial e o segundo maior exportador da cultura (Saluci et al., 2020; Silva, 2023). Entre os estados brasileiros, Mato Grosso destaca-se como o principal produtor nacional. Em 2020, foram cultivados aproximadamente 62 mil hectares, com produção estimada em 277.415 toneladas e produtividade média de 4,47 t ha^{-1} (Editora Gazeta, 2020). Esse crescimento reflete a adoção do milho-pipoca como uma alternativa economicamente atrativa para a rotação de culturas durante a segunda safra (Silva, 2023).

Apesar da relevância da cultura e da posição de destaque do Brasil no mercado internacional, a produção nacional ainda depende fortemente de sementes importadas dos Estados Unidos e da Argentina (Santos Junior et al., 2023). Essa dependência evidencia a necessidade de fortalecer os programas nacionais de melhoramento genético, visando ao desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas brasileiras e com características agronômicas superiores, como elevado rendimento de grãos e capacidade de expansão (Caranhato et al., 2022).

3.1.2.2 Podridão da espiga

Entre as doenças fúngicas que impactam a cultura do milho, destaca-se a podridão da espiga ocasionada por *Fusarium* sp. (FER), uma das doenças mais recorrentes e prejudiciais do ponto de vista econômico em todo o mundo (Coan et al., 2018). Os principais agentes causais incluem *F. verticillioides*, *F. proliferatum*, *F. subglutinans* e *F. temperatum* (Gaikpa e Miedaner, 2019), sendo *F. verticillioides* o patógeno predominante associado à podridão de espiga em milho no Brasil (Almeida et al., 2023). Essa doença apresenta grande relevância em cultivos de milho, uma vez que pode reduzir a produtividade das lavouras, comprometer a qualidade dos grãos colhidos, causando diminuição da massa e do tamanho, além de manchas e mofos (Gabriel et al., 2018). Em cultivos comerciais, *F. verticillioides* pode reduzir o rendimento médio de grãos entre 10 e 30% (Almeida et al., 2021) e afetar a qualidade da pipoca, pois esse patógeno influencia diretamente a integridade do pericarpo e do endosperma dos grãos, responsáveis pela capacidade de expansão dos grãos de pipoca (Schwantes et al., 2017).

Além das perdas na qualidade e no rendimento dos grãos, outra fonte de preocupação é a produção de micotoxinas, como as fumonisinas, durante o processo de colonização do milho. As mais relevantes são a FB1 e a FB2, cujos teores máximos nos alimentos são regulamentados devido aos graves danos à saúde que podem ser desencadeados pelo seu consumo excessivo (Gabriel et al., 2018). O consumo de milho contaminado por essas toxinas está associado ao desenvolvimento de doenças hepáticas em humanos e à insuficiência cardíaca e paralisia neural em animais domésticos (Ross et al., 1990; Missmer et al., 2006; Almeida et al., 2021).

No cultivo do milho, *F. verticillioides* pode ser transmitido pelo solo, pelas sementes e pelo ar, sobrevivendo em restos culturais ou no solo e infectando sistemicamente as plantas por meio das raízes, de sementes contaminadas ou de lesões provocadas por insetos e danos mecânicos (Xu et al., 2023). Após a infecção, o fungo apresenta um estilo de vida complexo, colonizando inicialmente tecidos vivos de forma assintomática e evoluindo, sob condições favoráveis, para um comportamento hemibiotrófico seguido de uma fase necrotrófica, quando ocorre o desenvolvimento dos sintomas da doença (Bacon et al., 2008; Blacutt et al., 2018). A infecção é favorecida por condições de seca no início do ciclo da cultura e por temperaturas entre 30 e 35°C associadas à alta umidade após a floração

(Munkvold, 2003; Czembor et al., 2019). Como consequência, os sintomas manifestam-se principalmente na espiga, caracterizados por áreas dispersas de podridão e pelo padrão típico de *starburst* (explosão estelar) nos grãos (Kuki et al., 2020).

A resistência à podridão da espiga causada por *Fusarium verticillioides* é predominantemente quantitativa, sendo controlada por múltiplos loci de pequeno efeito e fortemente influenciada pelas condições ambientais (Chen et al., 2016; Tembo et al., 2022; Li et al., 2025). Estudos de mapeamento de QTL e associação genômica demonstram que a resistência apresenta herança complexa, sem evidências de genes maiores capazes de conferir imunidade completa, o que reforça a necessidade de avaliações em múltiplos ambientes e de estratégias de seleção recorrente para o acúmulo de alelos favoráveis (Mesterházy et al., 2012; Lanubile et al., 2017; Maschietto et al., 2017; Li et al., 2025).

Segundo o Sistema de Agrotóxicos Fitossanitários (AGROFIT, 2026), existem seis fungicidas registrados para o controle de *F. verticilioides*. No entanto, a estratégia mais eficaz para controlar a concentração de FER e micotoxinas é a seleção de genótipos com níveis mais elevados de resistência ao patógeno (Kuki et al., 2020).

3.1.2.3 Padrões heteróticos

Os padrões heteróticos referem-se a pares específicos de dois grupos heteróticos que, ao serem cruzados, expressam alta heterose, resultando em desempenho híbrido superior (Melchinger e Gumber, 1998). O conhecimento desses padrões é crucial para explorar ao máximo a heterose de maneira eficiente (Hallauer et al., 2010), possibilitando o desenvolvimento de híbridos produtivos e sintéticos. A avaliação dos níveis e padrões de diversidade genética em bancos de germoplasma é de suma importância para o melhoramento de culturas. Ela auxilia na identificação de diversas combinações parentais para criar progênies segregantes com máxima variabilidade genética (Barrett e Kidwell, 1998; Badu-Apraku et al., 2016). Padrões heteróticos geram informações cruciais para a escolha de pais em cruzamentos para desenvolvimento de linhagens e testadores para avaliar a capacidade de combinação de linhagens endogâmicas recém-desenvolvidas (Hallauer et al., 2010).

Um importante estudo sobre variabilidade genética em germoplasma de milho-pipoca temperado e tropical foi realizado por Santacruz-Varela et al. (2004). Eles analisaram 56 populações de milho nos EUA e de nove países latino-americanos. Utilizando 29 características morfológicas, 18 loci isoenzimáticos e 31 loci SSR, classificaram-nos em três grupos distintos: pipocas pérolas amarelas norte-americanas, comercialmente mais importantes e supostamente derivadas da raça chilena Curagua; pipocas de arroz pontiagudas norte-americanas, provavelmente oriundas de raças da América Latina; e Early Popcorns norte-americanas, possivelmente atreladas a bases genéticas de milho mexicano e variedades europeias de pipoca.

A estreita base genética das principais cultivares de milho-pipoca, possivelmente associada à seleção de materiais derivados de variedades de milho comum do tipo sílex, reforça a importância da identificação de padrões heteróticos para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento (Kantety et al., 1995; Carvalho et al., 2013; Castro et al., 2022). Entre as abordagens empregadas para essa finalidade, destacam-se os cruzamentos dialélicos, conforme o método proposto por Griffing (1956), amplamente utilizados na avaliação e classificação de linhagens endogâmicas (Badu-Apraku et al., 2016; Olayiwola et al., 2021). Esse delineamento permite estimar a CGC e a CEC, fornecendo informações úteis para o agrupamento de genitores e a definição de padrões heteróticos (Fan et al., 2008). De forma complementar, estimativas de distância genética obtidas a partir de marcadores moleculares, como repetições de sequência simples (SSR) e polimorfismos de nucleotídeo único (SNP), também têm sido utilizadas na classificação de grupos heteróticos (Badu-Apraku et al., 2016; Olayiwola et al., 2021). Além dessas estratégias, Fan et al. (2008) desenvolveram um método que passou a ser conhecido como HSGCA, que combina os efeitos da CEC e da CGC para atribuir linhagens endogâmicas a grupos heteróticos. Badu-Apraku et al. (2013) propuseram o método de agrupamento heterótico baseado na CGC de múltiplas características (HGCAMT), que integra efeitos padronizados de CGC e utiliza o método de variância mínima de Ward para a construção dos agrupamentos.

3.1.2.4 Melhoramento visando à resistência

As culturas agrícolas estão continuamente expostas a diversos agentes fitopatogênicos, como fungos, bactérias, vírus e nematoides, que comprometem a

produtividade e a qualidade dos alimentos produzidos (Angelotti et al., 2024). Estima-se que doenças e pragas sejam responsáveis por perdas de até 40% da produção agrícola global, gerando prejuízos econômicos superiores a US$ 220 bilhões anuais (Savary et al., 2019). Dentre esses agentes, os fungos destacam-se como os principais responsáveis pelas perdas associadas a doenças em plantas (Peng et al., 2021). Nesse contexto, o melhoramento genético para resistência a estresses bióticos constitui uma das estratégias mais eficazes e sustentáveis para reduzir perdas, diminuir a dependência de defensivos químicos e promover maior estabilidade produtiva dos sistemas agrícolas (Mundt, 2014; Camargo, 2018)

A resistência genética a doenças pode ser classificada em qualitativa ou quantitativa, distinção que remete aos conceitos de resistência vertical e horizontal propostos por Van der Plank (1963). A resistência qualitativa, de natureza vertical, é geralmente condicionada por um ou poucos genes de grande efeito, frequentemente organizados em interações gene a gene com genes de avirulência do patógeno, conferindo altos níveis de proteção, porém com durabilidade limitada pela rápida adaptação do patógeno (Glazebrook, 2005; Camargo, 2018). A resistência quantitativa geralmente resulta da ação conjunta de múltiplos genes de pequeno a moderado efeito, apresentando expressão parcial e variação fenotípica contínua nas populações. Sua seleção pode ser dificultada pela complexidade genética e pela influência ambiental; todavia, esse tipo de resistência frequentemente apresenta amplo espectro de ação e maior durabilidade do que aquela condicionada por genes de grande efeito, embora essas características não sejam universais em todos os patossistemas (St Clair, 2010; Niks et al., 2015; Corwin e Kliebenstein, 2017; Nelson et al., 2018). Por essas razões, a resistência quantitativa constitui um dos principais objetivos dos programas modernos de melhoramento genético.

A expressão da resistência quantitativa é adicionalmente influenciada pela interação genótipo × ambiente (G × A), de modo que genótipos resistentes em determinadas condições podem apresentar desempenho distinto sob diferentes ambientes ou níveis de pressão do patógeno. Assim, a avaliação da estabilidade e adaptabilidade em múltiplos ambientes é etapa indispensável para a recomendação de cultivares e a obtenção de estimativas precisas do valor genético dos materiais avaliados (Allard, 1999; Bernardo, 2020).

A incorporação de resistência em milho, espécie alógama, impõe desafios adicionais decorrentes de sua biologia reprodutiva. Os elevados níveis de heterozigosidade e heterogeneidade genética resultantes da fecundação cruzada dificultam a fixação de combinações gênicas favoráveis e a manutenção de genótipos superiores ao longo das gerações, exigindo estratégias específicas de seleção (Hallauer et al., 2010; Viana, 2023). Nesse contexto, a exploração da heterose por meio de híbridos tornou-se a principal estratégia do melhoramento de milho. O vigor híbrido, resultante da complementaridade gênica entre genitores geneticamente divergentes, potencializa ganhos em produtividade, adaptação e resistência a estresses bióticos e abióticos (Melchinger e Gumber, 1998; Liu et al., 2024). A magnitude desse efeito, contudo, depende diretamente da capacidade combinatória dos genitores envolvidos. A CGC reflete o desempenho médio de um genitor em diferentes cruzamentos, sendo associada principalmente a efeitos aditivos, enquanto a CEC expressa o desempenho diferencial de cruzamentos específicos em relação ao esperado pela CGC dos genitores, sendo atribuída a efeitos de dominância e epistasia (Fan et al., 2008; Viana, 2023). A avaliação sistemática da CGC e da CEC é, portanto, ferramenta fundamental para a identificação de genitores superiores e para a predição do desempenho de híbridos em programas de melhoramento voltados à resistência genética (Sprague e Tatum, 1942; Olayiwola et al., 2021).

Além da produção de híbridos, populações sintéticas constituem uma alternativa estratégica relevante no melhoramento de milho. Obtidas a partir do intercruzamento de um número limitado de genitores selecionados, geralmente híbridos ou linhagens de alto desempenho, essas populações reúnem frequências alélicas favoráveis e apresentam potencial para combinar resistência a doenças, produtividade e adaptabilidade em uma base genética mais ampla e recombinável (Melchinger e Gumber, 1998; Bernardo, 2020). Nesse sentido, a seleção recorrente em populações sintéticas permite a reciclagem contínua de genótipos superiores ao longo dos ciclos seletivos, promovendo o acúmulo de alelos favoráveis e o aprimoramento progressivo da população-base (Hallauer et al., 2010).

O sucesso na obtenção de híbridos superiores depende, em grande parte, da herdabilidade dos caracteres sob seleção e do ganho genético alcançado a cada

ciclo seletivo. Para caracteres de resistência quantitativa, a herdabilidade tende a ser de magnitude moderada, em razão da forte influência ambiental sobre sua expressão, o que reforça a necessidade de avaliações em múltiplos ambientes e de esquemas de seleção adequados para maximizar o ganho genético (Bernardo, 2020). Assim, a identificação de genitores superiores, a exploração da heterose e o desenvolvimento de populações sintéticas constituem estratégias complementares capazes de aumentar a eficiência dos programas de melhoramento de milho voltados à obtenção de genótipos resistentes a doenças fúngicas (Sprague e Tatum, 1942; Melchinger e Gumber, 1998; Lu et al., 2020).

Na prática, diferentes estratégias têm sido empregadas em programas de melhoramento de milho para identificar e incorporar fontes de resistência a doenças. Em milho-pipoca, Saluci et al. (2024) avaliaram 184 linhagens quanto à resistência à MHM causada por *B. maydis*, identificando materiais promissores para utilização como fontes de resistência. Souza et al. (2025), por sua vez, avaliaram germoplasma sul-americano de milho-pipoca quanto à resistência a *B. maydis* sob níveis contrastantes de nitrogênio, evidenciando a importância de considerar diferentes condições de cultivo durante a seleção. Para a podridão de espiga causada por *Fusarium*, Almeida et al. (2021) utilizaram análises de capacidade combinatória para identificar genitores e combinações híbridas promissoras para o desenvolvimento de híbridos resistentes. De forma semelhante, Schwantes et al. (2017), por meio de análise dialélica, investigaram a resistência à podridão de espiga em genótipos brasileiros de milho-pipoca, reforçando a utilidade da capacidade combinatória na escolha de genitores e cruzamentos superiores. Em milho comum, Badu-Apraku et al. (2021) avaliaram a capacidade combinatória de linhagens extraprecoces para produtividade e resistência à queima foliar do Norte e as classificaram em grupos heteróticos com base na CGC de múltiplas características, além de identificarem testadores para o desenvolvimento de híbridos produtivos e resistentes à doença.

Além das estratégias baseadas na avaliação fenotípica e na capacidade combinatória, ferramentas moleculares, genômicas e computacionais vêm ampliando as possibilidades de seleção para resistência. Coan et al. (2018) empregaram estudo de associação genômica ampla (GWAS) em uma coleção de

milho tropical e milho-pipoca, identificando regiões genômicas associadas à resistência à podridão de espiga causada por *Fusarium verticillioides*. Da mesma forma, Lu et al. (2020) identificaram e realizaram o mapeamento fino do QTL qSCR6.01, associado à resistência à ferrugem-polissora do milho, demonstrando o potencial do mapeamento genético para a identificação de regiões de interesse para a seleção assistida. Paralelamente, avanços na fenotipagem digital e na inteligência artificial têm possibilitado avaliações mais rápidas, objetivas e em maior escala. DeChant et al. (2017) utilizaram *deep learning* para a identificação automatizada de plantas de milho infectadas pela Queima Foliar do Norte a partir de imagens obtidas em campo, enquanto Stewart et al. (2019) integraram imagens aéreas adquiridas por veículos aéreos não tripulados e redes neurais convolucionais para quantificar a severidade da doença. Em conjunto, esses estudos demonstram que a integração entre métodos clássicos de melhoramento, ferramentas genômicas e abordagens computacionais de fenotipagem pode aumentar a precisão e a eficiência da seleção, contribuindo para o desenvolvimento de genótipos com resistência mais elevada e estável.

3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1 Material genético e cruzamentos dialélicos

A seleção das linhagens foi realizada a partir do Banco de Germoplasma de milho-pipoca da UENF, que reúne 176 genótipos. Foram escolhidas 12 linhagens com níveis contrastantes de resistência ao patógeno *Fusarium* sp., com base nos estudos conduzidos por Almeida et al. (2021, 2023). Visando a maximizar a diversidade genética nos cruzamentos dialélicos, foram selecionadas 10 linhagens de distintas origens genealógicas e cinco de diferentes países (Tabela 1).

Tabela 1. Descrição das linhagens (S_7) utilizadas nos cruzamentos dialélicos e suas respectivas informações.

Linhagens	**Genealogia**	**INST/ (País)**	***Fusarium* sp.**
L207	IAC125	Campinas, São Paulo - IAC (Brasil)	Suscetível
L274	PARA 172	CIMMYT (Paraguai)	Resistente
L292	URUG298	CIMMYT (Uruguai)	Resistente
L326	Barão de viçosa	Viçosa - UFV (Brasil)	Suscetível
L328	Barão de viçosa	Viçosa - UFV (Brasil)	Suscetível
L381	SAM	América do Sul (EUA)	Suscetível
L503	PA170Roxo	CIMMYT (Paraguai)	Suscetível
L55	Beija-Flor	Viçosa - UFV (Brasil)	Suscetível
L594	RS20	Porto Alegre - IPAGRO (Brasil)	Suscetível
L625	PA091	Maringá, Paraná (Brasil)	Suscetível
L683	UENF14	Rio de Janeiro - UENF (Brasil)	Resistente
L691	UENF14	Rio de Janeiro - UENF (Brasil)	Resistente

INST, Instituição de desenvolvimento

Os híbridos dialélicos foram obtidos no campo experimental da Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo (ETEAAS/FAETEC), localizada em Campos dos Goytacazes, estado do Rio de Janeiro, nas coordenadas geográficas 21°42’48’’ de latitude sul e 41°20’38’’ de longitude oeste. A semeadura foi realizada em sulcos, utilizando-se duas sementes a cada 0,2 m, em linhas de 11 m de comprimento e espaçamento entrelinhas de 1 m. A semeadura foi escalonada em três momentos distintos, com intervalos de sete dias, visando a garantir a sobreposição entre o florescimento masculino e o feminino. Os cruzamentos dialélicos foram realizados artificialmente, planta a planta seguindo o modelo 1, método IV, conforme descrito por Griffing (1956), resultando em 66 híbridos F_1 derivados das combinações entre as 12 linhagens parentais previamente selecionadas.

3.1.3.2 Delineamento experimental e avaliação do campo

Os 66 híbridos simples resultantes dos cruzamentos dialélicos foram avaliados ao longo de duas estações de verão consecutivas, em três ambientes.

Dois desses ensaios foram conduzidos em Campos dos Goytacazes, no Norte Fluminense, no campo experimental da ETEAAS/FAETEC, localizada nas coordenadas 21°42’48’’ de latitude sul e 41°20’38’’ de longitude oeste, em 2023 e 2024. O terceiro ambiente de avaliação situou-se em Cambuci, no Noroeste Fluminense, no campo experimental do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia (Campus Cambuci), nas coordenadas 21° 35' 15.7"de latitude sul e 41° 57' 30.2" de longitude oeste, no ano de 2024.

O delineamento experimental adotado foi em blocos incompletos, com arranjo em “sets” e três repetições. Cada “set”, foi constituído por 22 híbridos dialélicos e quatro testemunhas (6500, “híbrido americano”; L207 x 76; L391 x L322; L292 x L322) para possibilitar a capitalização do efeito ambiental e a realização da correção de “sets” com base na metodologia desenvolvida por Pimentel (1990). No total, o experimento contou com 234 parcelas experimentais (Figura 1).

43 m

3m | 1m | 3m | 1m | 3m | 1m | 3m | 1m | 3m | 1m | 3m | 1m | 3m | 1m | 3m | 1m | 3m | 1m | 3m

Bordadura (3 linhas)

32 m — Bordadura

SET "1"						SET "2"						SET "3"					
Par	R1	Par	R2	Par	R3	Par	R1	Par	R2	Par	R3	Par	R1	Par	R2	Par	R3
1	T8	52	T14	53	T4	104	T44	105	T24	156	T32	157	T65	208	T55	209	C4
2	T3	51	C3	54	T1	103	T43	106	T27	155	T37	158	T47	207	T64	210	T57
3	T12	50	T18	55	T19	102	T32	107	T43	154	T31	159	T61	206	C4	211	T65
4	T5	49	T10	56	T18	101	T35	108	C2	153	T43	160	T56	205	C3	212	T51
5	C1	48	T12	57	T17	100	T34	109	T34	152	T39	161	T64	204	T65	213	C2
6	T21	47	T9	58	T12	99	T36	110	C3	151	T33	162	T63	203	T57	214	T63
7	C3	46	T13	59	T15	98	T27	111	T23	150	T29	163	T53	202	T53	215	T62
8	T15	45	T4	60	C3	97	T31	112	T40	149	T42	164	T49	201	T56	216	T56
9	T6	44	T6	61	T20	96	T23	113	T42	148	C1	165	T45	200	T58	217	T49
10	T18	43	T20	62	T8	95	T37	114	T38	147	C2	166	C4	199	T49	218	T52
11	T4	42	T22	63	T10	94	T41	115	T37	146	T34	167	C3	198	T61	219	T48
12	T11	41	T3	64	T9	93	C4	116	T39	145	T28	168	T48	197	T66	220	C1
13	T1	40	T5	65	T6	92	T30	117	T29	144	T27	169	T50	196	T46	221	T46
14	T22	39	T1	66	T3	91	T40	118	T36	143	C3	170	T57	195	C1	222	T60
15	T16	38	T16	67	T7	90	T29	119	T30	142	T30	171	C1	194	T54	223	T45
16	T19	37	C4	68	T5	89	T38	120	T31	141	T24	172	T59	193	T51	224	C3
17	T14	36	C1	69	T14	88	C1	121	T25	140	T36	173	T62	192	T45	225	T54
18	C4	35	T8	70	T2	87	T42	122	C4	139	T38	174	T60	191	T48	226	T55
19	T17	34	T2	71	C1	86	T33	123	T28	138	T25	175	T46	190	T47	227	T64
20	T20	33	T7	72	T16	85	T25	124	T26	137	T35	176	C2	189	T59	228	T50
21	T7	32	T15	73	T11	84	T26	125	C1	136	T41	177	T51	188	T52	229	T47
22	T9	31	T19	74	T13	83	T28	126	T41	135	T26	178	T52	187	T50	230	T53
23	T13	30	T11	75	C2	82	C2	127	T35	134	T40	179	T55	186	T60	231	T61
24	T10	29	C2	76	T21	81	T39	128	T44	133	C4	180	T66	185	C2	232	T66
25	C2	28	T17	77	C4	80	T24	129	T32	132	T23	181	T58	184	T63	233	T58
26	T2	27	T21	78	T22	79	C3	130	T33	131	T44	182	T54	183	T62	234	T59

Bordadura — 32 m

Bordadura (3 linhas)

43 m

Figura 1. Croqui dos experimentos conduzidos nas áreas experimentais da Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo (ETEAAS/FAETEC), em Campos dos Goytacazes, e do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia - Campus Cambuci, em Cambuci, Rio de Janeiro.

As áreas destinadas aos experimentos, foram previamente gradeadas e sulcadas. As sementes foram espaçadas a 0,2 metros, em linhas de 3 metros de comprimento, com espaçamento entrelinhas de 1 metro. Quanto à adubação de

plantio, foi utilizado o formulado N-P-K (04-14-08), aplicando-se 80 g por metro linear^{-1}. A irrigação adotada foi por meio de aspersão, com os aspersores dispostos de forma a sobrepor o raio de alcance da água. Após 20 dias da semeadura, foi realizado o desbaste, mantendo-se 15 plantas por parcela. Em seguida, foram realizadas as adubações de cobertura, sendo uma realizada no dia do desbaste, com o formulado N-P-K (20-00-20) utilizando-se 20 g por metro linear^{-1}, e outra 40 dias após a semeadura, com 15 g por metro linear^{-1} de ureia com 43% de N. Durante a condução dos ensaios, não foi aplicado fungicida, visando a favorecer a ocorrência do patógeno *Fusarium* sp. na área e permitir a infecção natural das plantas suscetíveis no experimento. Para o controle da lagarta-do-cartucho, foi aplicado inseticida conforme a necessidade e a presença do inseto na área.

3.1.3.3 Características mensuradas

Foram avaliadas quatro características. A altura de plantas (AP) foi mensurada, em metros, com o auxílio de uma mira topográfica de alumínio, considerando-se a distância entre a superfície do solo e o ponto de inserção da folha-bandeira. Foram avaliadas quatro plantas por parcela, e a média das observações foi utilizada nas análises.

O rendimento de grãos (RG), expresso em t.ha^{-1}, foi estimado com base na massa dos grãos comerciais, definidos como aqueles retidos em peneiras com aberturas circulares de diâmetro igual ou superior a 5 mm. A massa dos grãos foi corrigida para 13% de umidade, e o rendimento foi calculado considerando-se o estande ideal de plantas, conforme Zuber (1942), sendo posteriormente convertido para t.ha^{-1}.

A severidade da podridão de espiga causada por *Fusarium verticillioides* (SFER) foi avaliada visualmente em todas as espigas de cada parcela por um único avaliador. Para isso, utilizou-se a escala diagramática proposta pelo CIMMYT (1994) e adaptada por Almeida (2022) para o milho-pipoca (Figura 2).

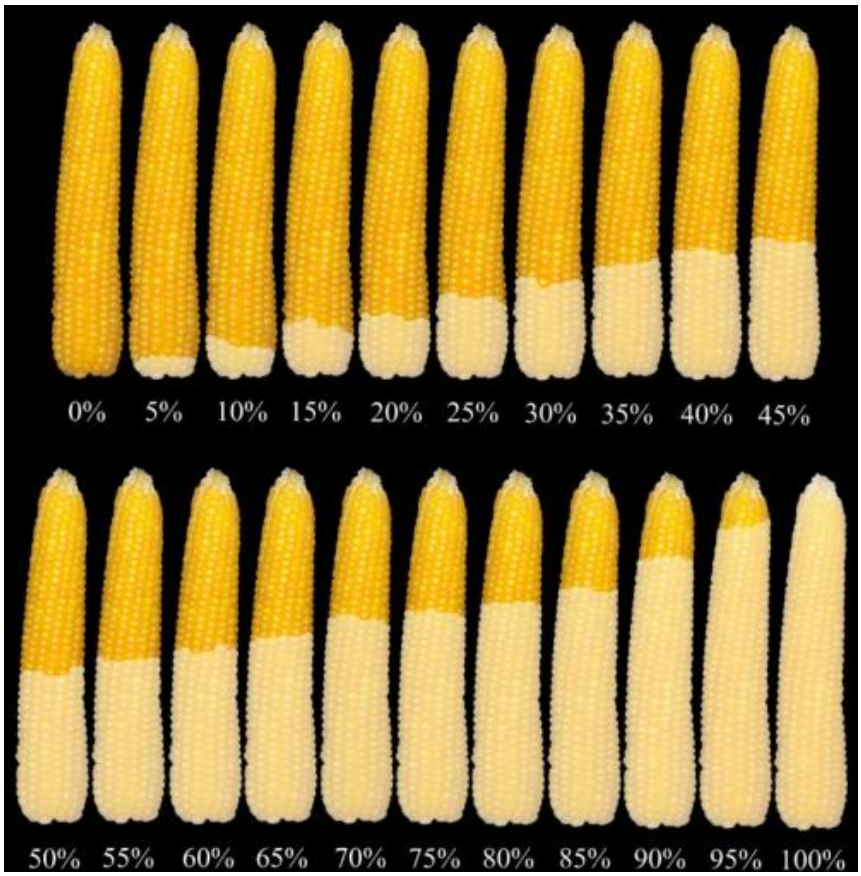


Figura 2. Escala diagramática para avaliação da severidade da podridão de espiga causada por *Fusarium verticillioides*, proposta pelo CIMMYT (1994) e adaptada por Almeida (2022) para o milho-pipoca.

A CE foi determinada a partir de duas amostras de 30 g de grãos de cada parcela experimental. As amostras foram submetidas ao aquecimento por 2min e 30s em pipoqueira elétrica Cadence POP205, com tensão de 127 V e potência de 1.000 W. Após o estouro, o volume de pipoca foi mensurado em proveta graduada de 1.000 mL. A capacidade de expansão foi calculada pela razão entre o volume de pipoca e a massa inicial de grãos, sendo expressa em $mL.g^{-1}$.

3.1.3.4 Análises dos dados

Inicialmente, foi realizada a correção dos "sets" com base nas médias das testemunhas presentes em cada conjunto, seguindo a metodologia proposta por Pimentel (1990). O procedimento consistiu no cálculo da média das testemunhas para cada set (MTS) e da média geral das testemunhas (MGT), seguido pela obtenção da razão MGT/MTS.

Após as correções, foram conduzidas análises de variância individuais para cada ambiente, utilizando o modelo de blocos ao acaso.

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

Em que: Y_{ij} = valor observado do *i*-ésimo genótipo no *j*-ésimo bloco; μ = constante geral; G_i = efeito fixo do *i*-ésimo genótipo; B_j = efeito fixo do *j*-ésimo bloco; e ε_{ij} = erro aleatório experimental associado à observação Y_{ij}, com NID (0, σ^2).

Os pressupostos de normalidade dos resíduos, bem como a homogeneidade das variâncias, foram atendidos conforme os testes de Shapiro-Wilk ($p > 0,05$) e O'Neill-Mathews ($p > 0,05$), respectivamente.

Posteriormente, foi efetuada a análise de variância conjunta entre os ambientes, seguindo o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + B/A_{jk} + A_j + G_i + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk} \quad (2)$$

Em que: Y_{ijk} = valor observado do *i*-ésimo genótipo no *j*-ésimo ambiente e no *k*-ésimo bloco; μ = constante geral; B/A_{jk} = efeito fixo do *k*-ésimo bloco dentro do *j*-ésimo ambiente; A_j = efeito fixo do *j*-ésimo ambiente; G_i = efeito aleatório do *i*-ésimo genótipo, com NID (0, σ_g^2); GA_{ij} = efeito aleatório da interação entre o *i*-ésimo genótipo e o *j*-ésimo ambiente, com NID (0, σ_{ga}^2); e ε_{ijk} = efeito do erro aleatório experimental associado à observação $Yijk$, com NID (0, σ2).

Os efeitos de CGC e CEC foram estimados seguindo o modelo 1, método IV de Griffing (1956), conforme o modelo estabelecido:

$$Y_{ijk} = \mu + E_e + g_i + g_j + s_{ij} + gE_{eg} + sE_{es} + \varepsilon_{ijk} \quad (3)$$

Em que: Y_{ijk} = medida observada para o *ij*-ésimo cruzamento cultivado no *k*-ésimo ambiente; μ = média geral; E_e = efeito médio do ambiente g_i e g_j = efeitos da CGC do *ij*-ésimo genótipo; s_{ij} = efeitos da CEC do *ij*-ésimo cruzamento; gE_{eg} = efeito da interação entre CGC e ambiente; sE_{es} = efeito da interação entre CEC e ambiente; ε_{ijk} = erro associado ao *ij*-ésimo cruzamento avaliado na *k*-ésima repetição ou ambiente.

A significância dos efeitos de CGC foi avaliada para cada linhagem em cada ambiente, considerando a hipótese nula de que o efeito de CGC não diferia

de zero ($H_0: g_i = 0$). O erro-padrão das estimativas de CGC foi obtido a partir do quadrado médio do resíduo (QMR) da análise dialélica, considerando o número de linhagens (p) e de repetições (r), conforme:

$$SE(\hat{g}_i) = \sqrt{\frac{p-1}{p(p-2)}\frac{QMR}{r}} \quad (4)$$

Para cada estimativa, calculou-se a estatística t pela razão entre o efeito estimado de CGC e seu respectivo erro-padrão ($t = \hat{g}_i / SE(\hat{g}_i)$). Os valores de $t$foram avaliados pela distribuição $t$de Student, utilizando os graus de liberdade associados ao resíduo da análise. Os efeitos foram considerados significativos quando $p < 0{,}05$e altamente significativos quando $p < 0{,}01$.

Em seguida, foi elaborado um dendrograma com base na distância euclidiana calculada a partir das estimativas de CEC de RG, previamente ajustadas por meio da adição de uma constante, de modo a obter apenas valores positivos. A partir dessas distâncias, utilizou-se o método de agrupamento de Ward para a formação dos grupos.

A estabilidade genotípica dos híbridos foi avaliada utilizando o índice WAASB (*Weighted Average of Absolute Scores*) proposto por Olivoto et al. (2019a). O índice combina os efeitos da interação genótipo × ambiente, preditos por um modelo misto, com a decomposição por valores singulares da matriz de efeitos da interação. Considerando o modelo adotado, os efeitos de genótipo e da interação genótipo × ambiente foram tratados como aleatórios, enquanto os efeitos de ambiente e repetições dentro de ambiente foram considerados fixos.

$$\text{WAASB}_i = \sum_{k=1}^{p} |\text{IPCA}_{ik} \times \text{EP}_k| \Big/ \sum_{k=1}^{p} \text{EP}_k \quad (5)$$

Em que: WAASB $_i$ é a média ponderada das pontuações absolutas do *i*- ésimo genótipo, IPCA $_{ik}$ é a pontuação do *i*- ésimo genótipo no *k* -ésimo eixo de componentes principais de interação (IPCA), e EP $_k$ é a porção de variância explicada pelo *k* -ésimo IPCA.

Para integrar desempenho médio e estabilidade, foi utilizado o índice WAASBY (Olivoto et al., 2019a), calculado a partir dos valores reescalonados da média e do WAASB:

$$\mathrm{WAASBY_i} = \frac{\left(\mathrm{rY_i\ x\ \theta_y}\right) + \left(\mathrm{rW_i\ x\ \theta_W}\right)}{\mathrm{\theta_Y} + \mathrm{\theta_W}} \quad (6)$$

Em que: rY_i e rW_i representam, respectivamente, os valores reescalonados do desempenho médio e da estabilidade do i-ésimo genótipo, e θ_Ye e $\theta_W$correspondem aos pesos atribuídos ao desempenho médio e à estabilidade. Para AP, SFER, CE e RG, foram definidos como desejáveis, respectivamente, menores, menores, maiores e maiores valores. Os pesos atribuídos ao desempenho médio foram de 65, 65, 50 e 75%, respectivamente, sendo os pesos complementares atribuídos à estabilidade.

Posteriormente, a seleção simultânea para AP, SFER, CE e RG foi realizada pelo índice MTSI (*Multi-Trait Stability Index*), proposto por Olivoto et al. (2019b), utilizando os valores de WAASBY das características. O MTSI foi calculado pela distância entre os escores fatoriais de cada genótipo e os escores de um ideótipo:

$$\mathrm{MTSI_i} = \left[\sum_{\mathrm{j=1}}^{\mathrm{f}} \left(\mathrm{F_{ij}} - \mathrm{F_j}\right)^2\right]^{0.5} \quad (7)$$

Em que: $\mathrm{MTSI_i}$ = índice de estabilidade multicaracterística para o *i*- ésimo genótipo; $\mathrm{F_{ij}}$ = a *j*-ésima pontuação do *i* -ésimo genótipo; e $\mathrm{F_j}$ = a *j* -ésima pontuação do ideótipo.

As análises das capacidades combinatórias e as análises de variância individual e conjunta (ANOVA) foram realizadas no programa Genes (Cruz, 2016). A obtenção dos índices de estabilidade e a construção dos gráficos foram conduzidas no software R versão 4.5.0 (R Core Team, 2025), com o auxílio dos seguintes pacotes: dplyr para manipulação e organização dos dados; ExpDes.pt para a análise de variância univariada; metan para a aplicação dos índices WAASB, WAASBY e MTSI; e, ggplot2 para a geração dos gráficos. Para aprimorar a apresentação visual dos resultados gráficos, foi utilizado o editor de imagens Inkscape v1.2.

3.1.4 RESULTADOS

3.1.4.1 Análise de variância e capacidade combinatória

A análise de variância conjunta revelou efeito significativo ($p < 0,01$) dos híbridos (H) para todas as variáveis agronômicas avaliadas, evidenciando ampla variabilidade genética e o potencial para a seleção de genótipos superiores (Tabela 2). As variáveis AP e RG foram significativamente influenciadas pelo ambiente (A), enquanto as demais variáveis não apresentaram efeito significativo. A interação híbridos × ambientes (H × A) também foi significativa para todas as variáveis, indicando que o desempenho dos híbridos dependeu das condições ambientais.

Ao particionar os efeitos dos híbridos em CGC e CEC, ambos os componentes apresentaram efeitos significativos para todas as características avaliadas, indicando a presença de variabilidade genética associada a efeitos aditivos e não aditivos. No desdobramento da interação H × A, os efeitos de CGC × A e CEC × A também foram significativos, demonstrando que tanto os efeitos aditivos quanto os não aditivos foram influenciados pelas condições ambientais.

O coeficiente de variação (CV%) variou de 5,27% para AP a 41,72% para SFER, refletindo boa precisão experimental para a maioria das características, apesar da maior variabilidade observada para SFER.

Tabela 2 – Análise de variância conjunta dos quadrados médios para altura de plantas (AP), severidade de *Fusarium* (SFER), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE), avaliadas em 66 híbridos de milho-pipoca em três ambientes.

FV	GL	Quadrado Médio			
		AP	SFER	RG	CE
B/A	6	0,02	189,04	0,60	1,95
H	65	0,32**	1471,79**	3,91**	159,76**
CGC	11	1,69**	6279,47**	13,88**	776,06**
CEC	54	0,04*	492,46**	1,90**	34,21**
AMB	2	49,19**	1453,49ns	42,00**	168,99ns
H x A	130	0,03**	214,41**	0.86**	20,00**
CGC x A	22	0,05**	443,37**	2.45**	51,96**
CEC x A	108	0,03**	167,77**	0,54**	13,49**
RESÍDUO	390	0,01	100,32	0,36	5,22
Média		2,27	24,00	2,24	31,80
CV (%)		5,27	41,72	26,87	7,19

FV, Fonte de Variação; GL, grau de liberdade; CV, coeficiente de variação.
* e ** indicam a significância ao 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Os efeitos da CGC variaram entre os genótipos e ambientes avaliados, revelando padrões contrastantes de contribuição genética para as características analisadas. Para AP, destacaram-se as linhagens L625, L55, L328, L326 e L274, que apresentaram efeitos positivos e significativos nos três ambientes, evidenciando contribuição favorável ao aumento da estatura dos híbridos. Em contraste, L691, L683, L594 e L207 apresentaram efeitos negativos e significativos, indicando contribuição para a redução da altura de plantas. Para alguns genótipos, como L503, os efeitos foram próximos de zero e não significativos (Figura 3).

Com relação à SFER, houve clara distinção entre linhagens quanto à contribuição para resistência ou suscetibilidade. As linhagens L683, L625 e L274 apresentaram efeitos negativos e significativos, indicando contribuição favorável à redução da severidade da doença. Em contrapartida, L55, L381, L326 e L207

apresentaram efeitos positivos e significativos, evidenciando contribuição desfavorável para essa característica. Os demais genótipos mostraram maior dependência ambiental, com efeitos significativos apenas em condições específicas (Figura 3).

Para RG, L503 e L683 apresentaram efeitos positivos e significativos, destacando-se pela contribuição favorável ao rendimento de grãos. A linhagem L274 também apresentou efeito positivo significativo em Campos 1 e Campos 2. Em contraste, L594 e L326 apresentaram efeitos negativos e significativos de forma consistente. L292 mostrou efeito negativo significativo em Cambuci e Campos 2, mas não em Campos 1. Já L625 apresentou inversão na direção dos efeitos entre os ambientes, com valores negativos em Cambuci e Campos 1 e efeito positivo em Campos 2, enquanto L207 apresentou efeitos negativos significativos em Campos 1 e Campos 2. Esse comportamento reforça a forte influência ambiental sobre a expressão da CGC para rendimento de grãos, indicando que a contribuição dos genótipos para essa característica é altamente dependente das condições de cultivo.

Para CE, a linhagem L326 apresentou os maiores efeitos positivos de CGC, com valores de 6,809 em Cambuci, 5,672 em Campos 1 e 5,251 em Campos 2, todos significativos a 1% de probabilidade, destacando-se como a principal fonte de contribuição aditiva favorável para a capacidade de expansão. A linhagem L683 também apresentou efeitos positivos e significativos nos três ambientes. No sentido oposto, L274, L55, L381 e L503 apresentaram efeitos negativos e significativos, indicando contribuição desfavorável à capacidade de expansão. Esses resultados permitiram identificar linhagens com elevado potencial para contribuir com alelos favoráveis à CE, evidenciando materiais promissores para uso em cruzamentos direcionados ao melhoramento dessa característica (Figura 3).

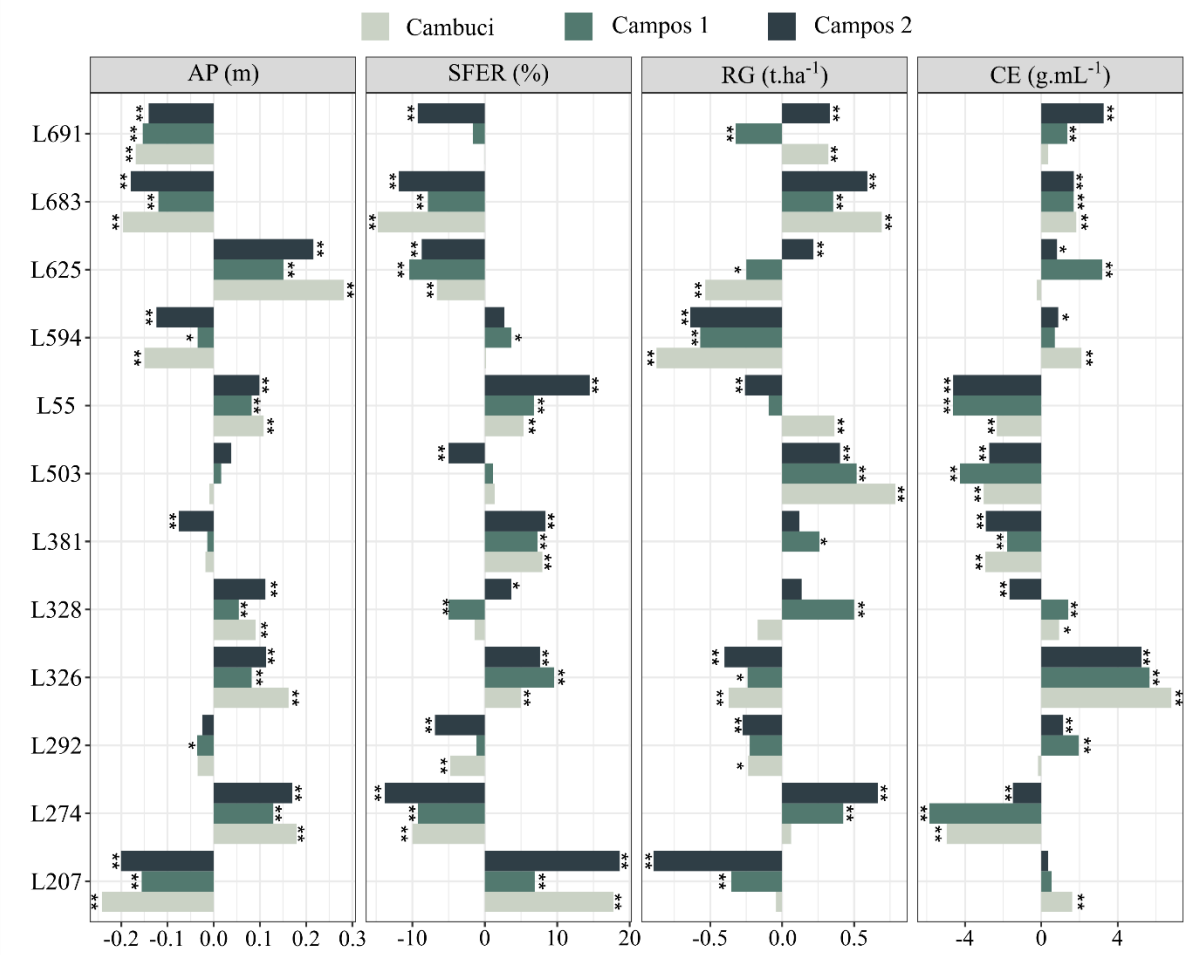


Figura 3. Efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) para altura de plantas (AP), severidade de *Fusarium* (SFER), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE) de 12 linhagens endogâmicas de milho-pipoca nos três ambientes de avaliação (Cambuci, Campos 1 e Campos 2). ** e * indicam efeitos significativos da CGC a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente; a ausência de asterisco indica efeito não significativo.

A análise da CEC para o RG revelou variação considerável entre os híbridos, com efeitos tanto positivos quanto negativos nos diferentes ambientes (Tabela 3). Os cruzamentos L503 × L328, L328 × L683, L683 × L326 e L207 × L274 destacaram-se por apresentarem os maiores efeitos médios positivos da CEC, com valores de 1,04, 0,92, 0,82 e 0,73, respectivamente. Esses resultados sugerem que essas combinações possuem maior potencial para serem exploradas no desenvolvimento de híbridos superiores para rendimento de grãos.

Por outro lado, foram observados efeitos médios negativos expressivos em algumas combinações, indicando menor complementaridade gênica para o rendimento. Os cruzamentos L328 × L381 (-1,16), L328 × L326 (-1,01) e L691 ×

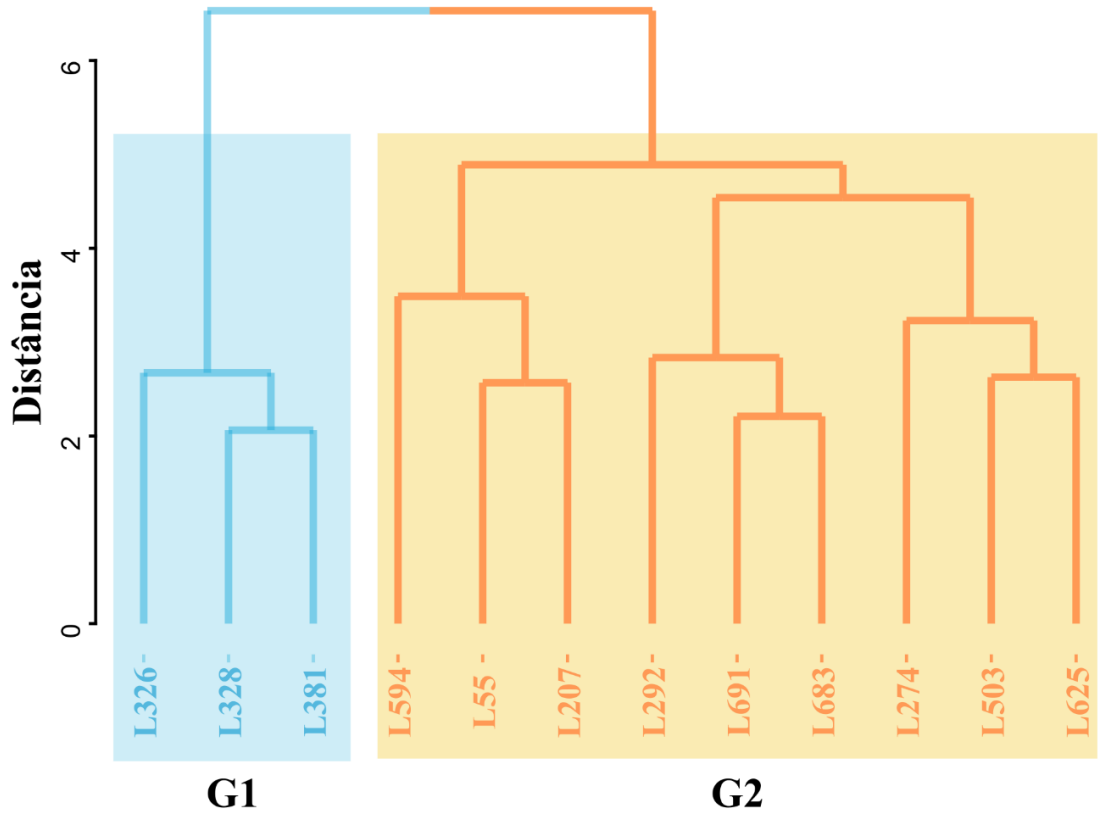
L683 (-0,91) apresentaram os menores valores médios de CEC, sugerindo que essas combinações são menos favoráveis ao aumento do rendimento de grãos.

Tabela 3 – Efeitos da CEC para o rendimento de grãos em 66 híbridos dialélicos avaliados em três ambientes: Cambuci (CB), Campos 1 (CP1) e Campos 2 (CP2).

Rendimento de Grãos (t.ha^{-1})									
Híbrido	**Ambientes**				**Híbrido**	**Ambientes**			
	CB	**CP1**	**CP2**	**MÉDIO**		**CB**	**CP1**	**CP2**	**MÉDIO**
L503×L328	1,34	0,95	0,83	1,04	L55×L594	0,09	-0,15	-0,07	-0,05
L328×L683	0,78	0,65	1,34	0,92	L683×L274	-0,41	0,19	0,05	-0,06
L683×L326	1,67	0,95	-0,18	0,82	L503×L683	-0,52	0,40	-0,06	-0,06
L207×L274	0,83	0,70	0,67	0,73	L381×L594	0,44	-0,38	-0,28	-0,07
L691×L326	0,67	0,77	0,61	0,68	L594×L207	-0,20	-0,39	0,31	-0,09
L691×L594	0,99	0,48	0,33	0,60	L683×L207	0,26	-0,09	-0,45	-0,09
L55×L625	0,06	0,50	0,80	0,45	L503×L274	-0,10	-0,28	0,09	-0,10
L55×L381	0,86	0,36	0,08	0,43	L503×L594	0,30	-0,57	-0,03	-0,10
L625×L292	0,48	0,61	0,11	0,40	L292×L274	0,50	-0,28	-0,53	-0,10
L55×L683	0,71	0,04	0,39	0,38	L328×L207	0,09	-0,17	-0,25	-0,11
L55×L292	0,16	0,32	0,47	0,32	L691×L625	0,34	-0,35	-0,35	-0,12
L328×L625	-0,23	0,67	0,43	0,29	L328×L55	0,36	-0,44	-0,31	-0,13
L381×L292	0,07	0,50	0,26	0,28	L55×L326	0,30	-0,24	-0,47	-0,14
L691×L503	0,60	0,00	0,18	0,26	L625×L326	0,36	-0,69	-0,08	-0,14
L292×L326	0,08	0,19	0,51	0,26	L292×L594	-0,42	0,04	-0,09	-0,16
L625×L207	0,13	0,49	0,11	0,24	L503×L326	-0,43	-0,66	0,59	-0,17
L207×L326	-0,21	0,68	0,24	0,24	L691×L207	-0,38	0,15	-0,32	-0,19
L381×L274	0,10	0,27	0,23	0,20	L594×L326	-0,55	-0,15	0,13	-0,19
L292×L207	0,25	-0,02	0,34	0,19	L328×L594	-0,17	-0,03	-0,41	-0,20
L691×L328	-0,14	0,23	0,46	0,19	L503×L292	0,19	-0,55	-0,46	-0,27
L691×L381	0,82	-0,53	0,26	0,19	L691×L55	-0,82	0,02	-0,20	-0,34
L503×L381	0,03	0,43	0,06	0,17	L503×L207	-0,60	-0,18	-0,30	-0,36
L328×L292	0,27	0,05	0,18	0,16	L691×L292	-0,66	-0,02	-0,42	-0,36
L503×L55	-0,12	0,89	-0,30	0,15	L381×L326	-0,76	-0,17	-0,23	-0,39
L594×L274	-0,14	0,96	-0,40	0,14	L625×L683	0,14	-0,68	-0,64	-0,39
L381×L625	-0,33	0,49	0,22	0,13	L625×L274	-0,09	-0,72	-0,44	-0,42
L625×L594	-0,19	0,11	0,46	0,13	L55×L274	-0,70	-0,36	-0,21	-0,42
L381×L683	-0,47	-0,02	0,83	0,11	L503×L625	-0,68	-0,42	-0,62	-0,57
L381×L207	0,73	-0,23	-0,17	0,11	L55×L207	-0,90	-0,93	-0,17	-0,67
L274×L326	0,02	0,05	0,00	0,03	L292×L683	-0,92	-0,85	-0,38	-0,71
L328×L274	0,31	-0,44	0,13	0,00	L691×L683	-1,10	-0,66	-0,96	-0,91
L691×L274	-0,33	-0,08	0,42	0,00	L328×L326	-1,14	-0,74	-1,14	-1,01
L594×L683	-0,15	0,08	0,05	-0,01	L328×L381	-1,49	-0,73	-1,25	-1,16

A análise de agrupamento, realizada com base nos efeitos da CEC para o RG, resultou na formação de dois grupos distintos, conforme apresentado no dendrograma da Figura 4. O Grupo 1 foi composto pelas linhagens L326 e L328, ambas oriundas da genealogia Barão de Viçosa, e pela linhagem L381, proveniente da genealogia SAM. O Grupo 2 reuniu as demais linhagens avaliadas: L594, proveniente da genealogia RS20; L55, de Beija-Flor; L207, de IAC125; L292, de URUG298; L691 e L683, ambas derivadas de UENF14; L274, de PARA172; L503, de PA170Roxo; e L625, de PA091. A alocação de linhagens de mesma genealogia no mesmo grupo constitui um indício de consistência do agrupamento obtido, por refletir relações esperadas entre parentais que tendem a apresentar baixa complementaridade genética.

Figura 4. Dendrograma de 12 linhagens endogâmicas de milho-pipoca, construído



com base nos efeitos da CEC para o rendimento de grãos de todos os ambientes, obtidos pelo método de Ward.

3.1.4.2 Performance dos híbridos para múltiplas características

Com base no MTSI, foram selecionados os 15% melhores híbridos entre os 66 avaliados, considerando-se simultaneamente a redução da AP e da SFER e o aumento do RG e da CE (Figura 5). O índice possibilitou a identificação dos 10 híbridos mais estáveis e promissores, avaliados de forma conjunta em todos os ambientes e otimizou a eficiência da seleção com destaque para os híbridos L691xL326, L328xL683, L691xL683, L683xL326, L691xL328, L503xL683, L594xL683, L691xL503, L381xL683 e L55xL683.

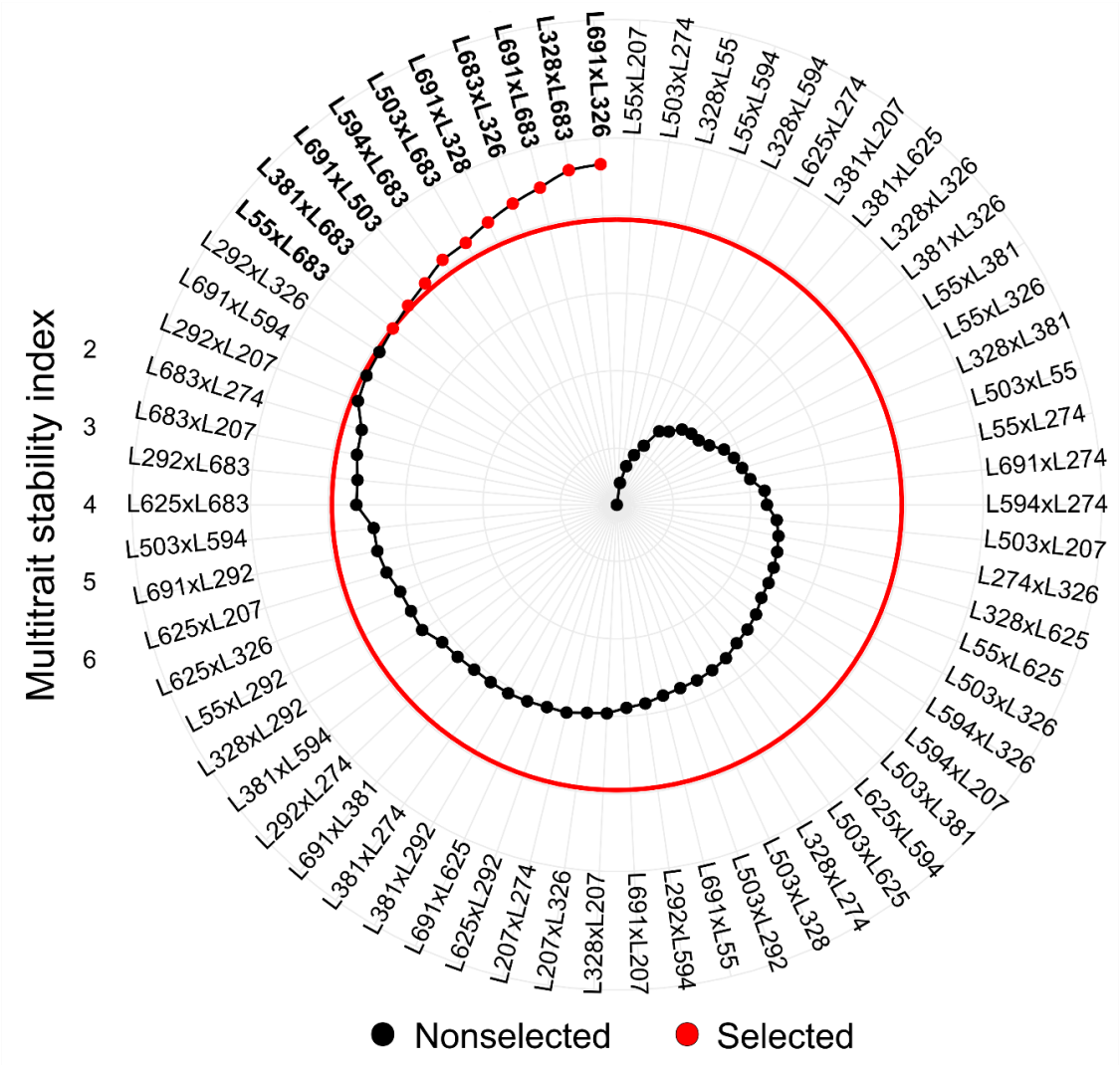


Figura 5. Genótipos selecionados pelo índice de estabilidade multicaracterística para altura de planta, severidade de *Fusarium*, rendimento de grãos e capacidade de expansão em todos os ambientes.

A seleção dos híbridos resultou em desempenho superior dos genótipos selecionados (Xs) em comparação à média da população original (Xo) (Tabela 4). Houve uma redução de 38,09% na SFER, um aumento de 30,70% no RG, um ganho de 9,23% na CE e uma leve diminuição de 5,55% na AP. Os maiores ganhos genéticos foram observados para a severidade de *Fusarium* (-32,54%) e o rendimento de grãos (+23,96%), seguidos pelos incrementos de 8,07% na capacidade de expansão e de 5,03% na redução da altura de planta. Esses resultados, associados às altas herdabilidades estimadas ($h^2 \geq 0,78$ para todas as características), evidenciam a eficiência da seleção por meio do MTSI.

Tabela 4 – Ganho de seleção baseado no índice MTSI para quatro características avaliadas em 66 híbridos em todos os ambientes.

VAR	Factor	X_o	X_s	SD	SD (%)	SG	SG (%)	H^2
SFER	FA 1	24,00	14,86	-9,14	-38,09	-7,81	-32,54	0,85
RG	FA 1	2,24	2,92	0,69	30,70	0,54	23,96	0,78
AP	FA 2	2,27	2,15	-0,13	-5,55	-0,11	-5,03	0,91
CE	FA 2	31,80	34,73	2,93	9,23	2,57	8,07	0,87

Xo: média geral dos genótipos; Xs: média dos genótipos selecionados; SD: diferencial de seleção; SG: ganho de seleção; H^2: herdabilidade; AP: altura de planta, SFER: severidade de *Fusarium*; RG: rendimento de grãos; e CE: capacidade de expansão.

A Tabela 5 apresenta as médias dos dez híbridos selecionados para AP, SFER, RG e CE. Para AP, o híbrido mais baixo foi L691 × L683, com 1,87 m, enquanto o mais alto foi L55 × L683, com 2,29 m. Em relação à SFER, os menores valores foram observados nos híbridos L55 × L683 (9,22%) e L328 × L683 (10,48%), indicando maior tolerância à doença, enquanto o maior valor de SFER foi registrado no híbrido L691 × L326 (21,88%).

Tabela 5 – Médias dos híbridos selecionados para altura de planta (AP), severidade de *Fusarium* (SFER), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE), considerando todos os ambientes.

Híbrido	AP (m)	SFER (%)	RG (t.ha^{-1})	CE (mL.g^{-1})
L691 × L326	2.26	21.88	2.69	41.34
L328 × L683	2.19	10.48	3.86	33.12
L691 × L683	1.87	12.41	1.99	33.30
L683 × L326	2.22	18.26	3.26	41.72
L691 × L328	2.26	13.43	2.69	36.27
L503 × L683	1.99	12.48	2.08	34.88
L594 × L683	2.16	14.74	3.29	31.73
L691 × L503	2.15	17.16	3.18	31.52
L381 × L683	2.09	18.56	3.02	31.73
L55 × L683	2.29	9.22	3.17	31.73

No RG, o híbrido L328 × L683 apresentou o maior valor (3,86 t.ha^{-1}), contrastando com o menor rendimento obtido por L691 × L683 (1,99 t.ha^{-1}). Para CE, o destaque foi o híbrido L683 × L326, com o maior valor (41,72 mL.g^{-1}), seguido por L691 × L326 (41,34 mL.g^{-1}). O menor valor de CE foi observado no híbrido L691 × L503 (31,52 mL.g^{-1}). As diferenças observadas entre os híbridos selecionados podem ser visualizadas na Figura 6, que apresenta as espigas correspondentes aos dez genótipos superiores identificados pelo índice MTSI.

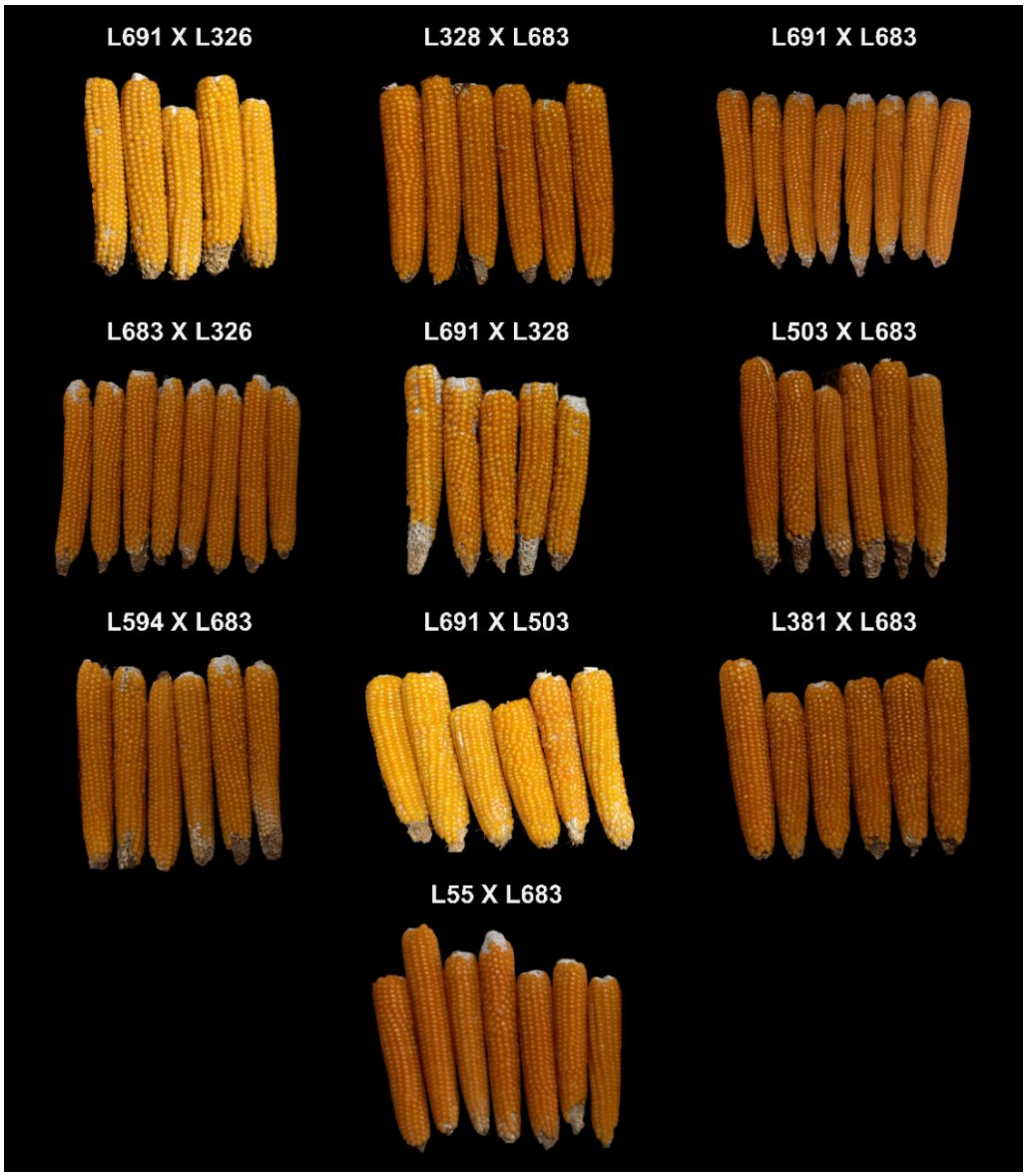


Figura 6. Espigas dos híbridos de milho-pipoca selecionados pelo índice MTSI.

3.1.4.3 Padrões heteróticos e desempenho dos híbridos

Ao relacionar os agrupamentos obtidos na Figura 4 com os híbridos de melhor desempenho apresentados na Tabela 5, verificou-se a presença de cruzamentos tanto intergrupo quanto intragrupo entre as combinações selecionadas. Entre os cruzamentos intergrupo, L328 × L683 destacou-se pelo maior RG (3,86 $t.ha^{-1}$), enquanto L683 × L326 apresentou a maior CE (41,72 $mL.g^{-1}$), evidenciando a complementaridade entre parentais pertencentes a grupos distintos.

Entre os cruzamentos intragrupo, observou-se maior variação no desempenho. L691 × L683 apresentou menores valores de AP (1,87 m), RG (1,99 $t.ha^{-1}$) e CE (33,30 $mL.g^{-1}$). Em contraste, L55 × L683, também pertencente ao G2 × G2, apresentou o menor valor de SFER (9,22%) associado a RG de 3,17 $t.ha^{-1}$. Os híbridos L503 × L683 e L691 × L503, igualmente intragrupo, apresentaram RG entre 2,08 e 3,18 $t.ha^{-1}$, CE entre 31,52 e 34,88 $mL.g^{-1}$ e AP entre 1,99 e 2,15 m.

De modo geral, os resultados evidenciam que os cruzamentos intergrupo concentraram as combinações de maior destaque para RG e CE, embora combinações intragrupo também tenham apresentado desempenho favorável para caracteres específicos.

Tabela 6- Grupos das linhagens endogâmicas de milho-pipoca selecionados pelo índice MTSI em todos os ambientes.

Híbrido	Grupos		Tipo de cruzamento
	1º parental	2º parental	
L691 × L326	G2	G1	Intergrupo
L328 × L683	G1	G2	Intergrupo
L691 × L683	G2	G2	Intragrupo
L683 × L326	G2	G1	Intergrupo
L691 × L328	G2	G1	Intergrupo
L503 × L683	G2	G2	Intragrupo
L594 × L683	G2	G2	Intragrupo
L691 × L503	G2	G2	Intragrupo
L381 × L683	G1	G2	Intergrupo
L55 × L683	G2	G2	Intragrupo

3.1.5 Discussão

A análise revelou variabilidade genética significativa entre os híbridos, com efeitos expressivos de CGC e CEC para as características, demonstrando a contribuição tanto de efeitos genéticos aditivos quanto não aditivos. Isso reforça o potencial para a seleção de genitores superiores e para a exploração da heterose em combinações específicas. Embora o ambiente tenha influenciado a AP e o RG, a interação híbridos × ambientes e seus desdobramentos foram significativos para todas as variáveis, destacando a importância da avaliação multiambiental no melhoramento genético.

Os efeitos de CGC evidenciaram diferenças importantes na contribuição das linhagens para as características avaliadas. A CGC de uma linhagem endogâmica reflete sua importância relativa tanto como testadora para o aprimoramento de uma característica-alvo em uma população quanto como genitora para o desenvolvimento de variedades sintéticas e híbridos comerciais (Akinwale et al., 2014). Linhagens com efeitos favoráveis de CGC para rendimento de grãos e outras características tendem a transmitir características à progênie e podem ser úteis em um programa de melhoramento (Badu-Apraku et al., 2013).

Para AP, destacam-se principalmente as linhagens L691, L683, L594 e L207, cujos efeitos negativos de CGC indicam maior potencial para contribuir com a redução da estatura das plantas. Esse comportamento é desejável em programas de melhoramento que buscam maior resistência ao acamamento, especialmente em milho-pipoca, que tende a apresentar maior suscetibilidade a esse problema em comparação ao milho comum (Kantety et al., 1995; Kaur et al., 2021; Kaur et al., 2023).

Os resultados para SFER revelaram um contraste claro entre as linhagens resistentes e suscetíveis. As linhagens L274, L625 e L683 apresentaram efeitos de CGC negativos e consistentes nos ambientes avaliados, destacando-se como fontes potenciais de alelos favoráveis à redução da severidade da podridão de espiga por *Fusarium*. Esses resultados estão em concordância com Almeida et al. (2021), que identificaram a linhagem L683 como fonte de resistência à FER, assim como os de Almeida et al. (2023), que evidenciaram o potencial da linhagem L274 em contribuir para a redução de SFER. De acordo com Schwantes et al. (2017), efeitos aditivos são importantes no controle da severidade da podridão de espiga causada por *Fusarium*, o que reforça o potencial de obtenção de ganhos diretos por meio da seleção de genitores resistentes.

Para RG, L503 e L683 apresentaram os maiores efeitos positivos de CGC em todos os ambientes, destacando-se como os genitores mais promissores para o aumento da produtividade. Esse desempenho consistente sugere que essas linhagens devem ser priorizadas em programas de melhoramento voltados ao incremento do rendimento.

Para a CE, L326 destacou-se como a principal fonte de alelos favoráveis, com desempenho consistente nos três ambientes avaliados. Esse resultado ressalta o potencial da L326 como genitor estratégico em programas de melhoramento do milho-pipoca, especialmente como testador em cruzamentos

voltados ao aprimoramento da qualidade de expansão em híbridos. Diversos estudos indicam que os efeitos genéticos aditivos têm papel relevante na herança da capacidade de expansão do milho-pipoca (Dofing et al., 1991; Pereira e Amaral Júnior, 2001; Coan et al., 2018). Dessa forma, a seleção de linhagens com desempenho consistente para CGC representa uma estratégia eficaz para promover ganhos genéticos para esse caráter.

A análise da CEC para RG revelou ampla variação entre as combinações híbridas, evidenciando a contribuição dos efeitos genéticos não aditivos para a expressão dessa característica (Tabela 3). Os cruzamentos L503 × L328, L328 × L683, L683 × L326, L207 × L274 e L691 × L326 (CEC > 0,68) apresentaram os maiores efeitos médios positivos, indicando elevada complementaridade específica entre as linhagens envolvidas. Entre essas cinco combinações, quatro envolveram linhagens pertencentes a grupos distintos, enquanto apenas L207 × L274 foi intragrupo. Esse padrão sugere uma associação favorável entre cruzamentos intergrupo e a expressão de efeitos não aditivos positivos para RG, embora essa relação não seja absoluta. Por outro lado, efeitos médios negativos expressivos foram observados em L328 × L381, L328 × L326 e L691 × L683, todas as combinações intragrupo. Dentre essas combinações, L328 × L326 e L691 × L683 envolvem linhagens de mesma genealogia, Barão de Viçosa e UENF14, respectivamente, resultado compatível com a menor complementaridade esperada entre materiais de origem comum e que reforça a consistência do agrupamento obtido.

Esses resultados reforçam a relevância da correta classificação das linhagens em grupos heteróticos. O conhecimento dos grupos heteróticos é essencial para o êxito de programas de melhoramento de híbridos, permitindo o direcionamento estratégico dos cruzamentos (Badu-Apraku et al., 2021). Cruzamentos entre linhagens endogâmicas derivadas de grupos heteróticos distintos tendem a apresentar desempenho superior em rendimento de grãos, quando comparados a cruzamentos entre linhagens pertencentes ao mesmo grupo (Melchinger e Gumber, 1998; Hallauer et al., 2010).

A análise do desempenho dos híbridos com base no índice MTSI possibilitou a seleção simultânea dos dez híbridos mais estáveis para os caracteres avaliados, priorizando menores valores de AP e SFER, bem como maiores valores de RG e CE. A identificação de genótipos com mínima variação entre ambientes é essencial para o desenvolvimento de cultivares com elevada estabilidade

fenotípica. Genótipos que apresentam desempenho consistente em diferentes ambientes são altamente desejáveis, proporcionando vantagens expressivas para programas de melhoramento genético e empresas de sementes, sobretudo em ensaios conduzidos em múltiplos ambientes (Olivoto et al., 2019b).

A seleção dos híbridos com base no índice MTSI resultou em desempenho superior dos genótipos selecionados (Xs) em relação à média da população original (Xo) (Tabela 4). Foram verificados elevados ganhos genéticos para SFER (-32,54%) e RG (+23,96%), seguidos por incrementos de 8,07% na CE e de 5,03% na redução da AP. Os ganhos obtidos, associados às elevadas estimativas de herdabilidade ($h^2 \geq 0,78$), indicam que parcela expressiva da variação observada entre os híbridos foi de natureza genética, aumentando a precisão da avaliação genotípica e a confiabilidade da seleção dos materiais de melhor desempenho (Schmidt et al., 2019). A herdabilidade refere-se à proporção herdável da variação fenotípica e representa o grau em que o genótipo de um indivíduo influencia a expressão de seu fenótipo, fornecendo uma estimativa do potencial de transmissão de uma característica entre gerações (Falconer, 1960; Hallauer et al., 2010). Em estudo de meta-análise, Clóvis et al. (2021) relataram estimativas combinadas de herdabilidade no sentido amplo de 0,52 para RG e 0,64 para CE. No entanto, as estimativas no sentido restrito foram substancialmente menores, com valores de 0,3290 para RG e 0,3083 para CE, reforçando a relevância da magnitude dos valores obtidos no presente trabalho.

A análise das médias dos híbridos selecionados (Tabela 5) confirma os avanços obtidos por meio da seleção multicaracterística pelo MTSI. Destacam-se os híbridos L55 × L683 e L328 × L683 como os mais tolerantes a *Fusarium*, com SFER de 9,22% e 10,48%, respectivamente, enquanto o híbrido L328 × L683 também obteve o maior RG (3,86 $t.ha^{-1}$), evidenciando seu potencial como material produtivo e resistente. Por sua vez, o híbrido L683 × L326 apresentou a maior CE (41,72 $mL.g^{-1}$), atributo essencial para o mercado de pipocas, além de manter desempenho competitivo para as demais características.

A CE é um atributo essencial para o consumidor, sendo definida como a relação entre o volume da pipoca obtida e o peso ou volume inicial dos grãos, de modo que, quanto maior a capacidade de expansão, melhor é a qualidade do produto final e, consequentemente, maior é seu valor comercial (Oliveira et al., 2020). Todavia, a podridão da espiga ocasionada por FER resulta na redução do peso dos grãos e da CE, além de representar um risco de contaminação pela

ingestão de pipoca contaminada com micotoxinas, que pode ocasionar grandes riscos à saúde humana (Henry et al., 2009; Almeida et al., 2023; Pereira et al., 2025). Portanto, o sucesso no desenvolvimento de novas cultivares de milho-pipoca depende de estratégias de seleção capazes de promover simultaneamente ganhos em RG, CE e resistência a doenças (Almeida et al., 2024).

Quando o desempenho dos híbridos selecionados foi relacionado aos grupos definidos pelo agrupamento, observou-se que a resposta variou de acordo com a característica avaliada e o tipo de cruzamento (Tabela 6). Para RG, o maior valor foi observado em L328 × L683, resultante de um cruzamento intergrupo. Para CE, os três maiores valores entre os híbridos selecionados também foram observados em combinações intergrupo: L683 × L326, L691 × L326 e L691 × L328. Esses resultados sugerem complementaridade favorável entre linhagens dos dois grupos, particularmente para produtividade e qualidade de expansão.

Para SFER, entretanto, não foi observado o mesmo padrão. O menor valor ocorreu em L55 × L683, uma combinação intragrupo, enquanto o segundo menor foi observado em L328 × L683, um cruzamento intergrupo. Esse contraste indica que o desempenho para SFER não esteve diretamente associado ao tipo de cruzamento, podendo resultar da atuação conjunta de efeitos genéticos aditivos e não aditivos. Esse comportamento está de acordo com Schwantes et al. (2018), Almeida et al. (2021) e Tembo et al. (2022), que relataram herança mista para a resistência à doença.

Para AP, L691 × L683 apresentou o menor valor entre os híbridos selecionados, acompanhado também por menores valores de RG e CE. Essa combinação é particularmente relevante por envolver linhagens pertencentes ao mesmo grupo e derivadas da mesma genealogia, sendo esse desempenho compatível com a menor complementaridade esperada entre materiais de origem genética comum.

Adicionalmente, no presente estudo, as linhagens L683 e L691, derivadas da população UENF-14, estiveram presentes em todos os híbridos de melhor desempenho, especialmente em combinações com linhagens de outras genealogias. Tal *performance* pode ser explicada pela sua origem, uma vez que a UENF-14 foi desenvolvida após cinco ciclos de seleção recorrente a partir da população UNB-2, originada de cruzamentos envolvendo milho-pipoca americano e uma variedade resistente à queima-das-folhas. Posteriormente, a UNB-2 foi retrocruzada com a variedade americana, resultando em uma população com

resistência, elevada CE e grãos amarelos (Amaral Júnior et al., 2013). Esse padrão sugere elevado potencial combinatório da UENF-14 e sua possível contribuição para a definição de um grupo heterótico promissor em milho-pipoca.

Por fim, a integração das análises de CGC, CEC, agrupamento e MTSI permitiu identificar linhagens e combinações híbridas promissoras, fornecendo informações complementares para o direcionamento do melhoramento do milho-pipoca e para a obtenção de híbridos com desempenho agronômico superior e maior equilíbrio entre produtividade, qualidade e resistência a doenças.

3.1.6 CONCLUSÃO

A linhagem L326 apresentou a maior contribuição para CE, enquanto L683 se destacou pela CGC favorável para o conjunto de características avaliadas. O agrupamento formou dois grupos, mantendo linhagens de mesma genealogia reunidas. Para RG, quatro das cinco combinações com maiores efeitos de CEC foram intergrupo. O MTSI identificou híbridos superiores, com destaque para os ganhos em SFER e RG, e evidenciou L691 × L326, L683 × L326 e L691 × L328, envolvendo as genealogias UENF-14 e Barão de Viçosa, como um padrão heterótico promissor. A recorrência de linhagens derivadas de UENF-14 entre os híbridos superiores reforça seu potencial combinatório e sugere seu potencial para compor um grupo heterótico em milho-pipoca.

3.2 DETECÇÃO E QUANTIFICAÇÃO AUTOMATIZADAS DA SEVERIDADE DA MANCHA DE HELMINTOSPORIOSE MAIDIS EM MILHO-PIPOCA UTILIZANDO VISÃO COMPUTACIONAL

3.2.1 INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. everta (Sturtev.) L.H. Bailey) destaca-se no mercado devido ao alto valor agregado de seus grãos, com consumo crescente e ampla aceitação da pipoca, um alimento nutritivo e rico em fibras consumido globalmente por diferentes faixas etárias (Caranhato et al., 2022; Kaur et al., 2023). Entretanto, a elevada suscetibilidade a pragas e doenças compromete significativamente a produtividade e a qualidade dos grãos (Santos et al., 2020). Estima-se que pragas e doenças sejam responsáveis pela perda de aproximadamente 40% da produção agrícola mundial a cada ano, evidenciando seus impactos sobre a produtividade e a segurança alimentar (FAO, 2022). Entre os principais agentes responsáveis por essas perdas estão fungos, bactérias, vírus, protozoários, insetos e plantas parasitas, tornando o manejo fitossanitário ainda mais desafiador (Horst et al., 2001).

Entre as doenças que afetam o milho-pipoca, destaca-se a mancha de helmintosporiose maidis (MHM) do milho (Southern Corn Leaf Blight – SCLB), causada por *Bipolaris maydis* (Nisikado e Miyake) (Shoemaker, 1959), por reduzir a área fotossintética das plantas e ocasionar perdas de produtividade que podem variar de 10% a 70%, dependendo das condições ambientais, do genótipo e da

raça do patógeno (Hussain et al., 2016; Bruns, 2017; Saluci et al., 2023). A doença é favorecida por condições quentes (20–32°C) e úmidas, e suas lesões evoluem de pequenas manchas para extensas áreas necróticas que podem culminar na queima completa das folhas (Sun et al., 2020). Três raças de *B. maydis* foram identificadas (C, O e T), sendo as raças O e T amplamente distribuídas globalmente, enquanto a raça C ocorre apenas na China (Bruns, 2017; Meshram et al., 2022; Nsibo et al., 2024). A agressividade do patógeno varia de acordo com a raça e o germoplasma hospedeiro (Sun et al., 2020). A raça T esteve associada à epidemia ocorrida em 1970 nos Estados Unidos e no sul do Canadá, responsável por perdas estimadas em US$ 1 bilhão, atribuídas à produção da toxina T em genótipos portadores do citoplasma macho-estéril T-cms (Ullstrup, 1972; Bruns, 2017; Condon et al., 2018). Atualmente, a raça O é considerada a mais frequente e responsável pelos maiores danos em escala global devido à sua ampla adaptabilidade (Chen et al., 2023; Saluci et al., 2024). Nesse contexto, a utilização de genótipos resistentes constitui a principal estratégia de manejo, por ser eficaz, sustentável e ambientalmente mais segura (Saluci et al., 2023; Ferreira et al., 2024).

Em programas de melhoramento, a seleção de genótipos resistentes é tradicionalmente realizada por meio de avaliações visuais utilizando escalas diagramáticas (Bock et al., 2010; Nsibo et al., 2024). Apesar do baixo custo e da facilidade de aplicação, esses métodos demandam mão de obra e tempo, além de estarem sujeitos à subjetividade do avaliador (Rahaman et al., 2015; Vines e Zhang, 2022). Além disso, a fadiga e as variações individuais podem comprometer a precisão das estimativas de severidade (Poland e Nelson, 2011; Elliott et al., 2022).

Nesse contexto, a fenotipagem digital tem se destacado como uma ferramenta promissora, proporcionando maior precisão, objetividade e rapidez na avaliação de doenças de plantas (Mutka e Bart 2015; Haque et al., 2021). Essa abordagem utiliza imagens adquiridas por diferentes tipos de sensores, incluindo câmeras RGB e sensores multiespectrais, hiperespectrais e térmicos. Entre essas tecnologias, as câmeras RGB estão entre as mais utilizadas devido ao menor custo, à facilidade de uso e à capacidade de registrar sintomas visíveis em alta resolução (Mahlein, 2016). Entretanto, o grande volume de imagens gerado torna a análise manual impraticável em aplicações de alto rendimento, exigindo métodos automatizados para segmentação, extração de características e quantificação dos fenótipos de interesse (Perez-Sanz et al., 2017; Murphy et al., 2024).

Entre as ferramentas disponíveis, as redes neurais convolucionais (CNNs) destacam-se pela capacidade de processar grandes volumes de dados e extrair automaticamente características relevantes das imagens, reduzindo a necessidade de etapas complexas de pré-processamento (Abade et al., 2021; Shi et al., 2023). O uso de CNNs na avaliação de doenças foliares tem crescido rapidamente, com diferentes arquiteturas demonstrando alto desempenho em tarefas de classificação, detecção e segmentação (Stewart et al., 2019; Qian et al., 2022). No entanto, grande parte dos estudos concentra-se em doenças com padrões de lesões mais uniformes e bem definidos, como a Northern Corn Leaf Blight (NLB) (DeChant et al., 2017; Stewart et al., 2019; Chen et al., 2023; Rai e Pahuja, 2024). Em contraste, doenças com maior variabilidade sintomática, como a MHM, ainda representam um desafio, especialmente para abordagens de segmentação. Além disso, muitos estudos permanecem restritos a níveis discretos de severidade (Haque et al., 2021; Yin et al., 2022), limitando a quantificação direta da área afetada. Nesse contexto, a MHM ainda é pouco explorada em milho-pipoca, particularmente no que se refere ao desenvolvimento de abordagens especializadas capazes de segmentar lesões e quantificar diretamente a severidade da doença com base na proporção da área foliar afetada, com aplicação na validação da resistência genética.

Parte dessas limitações está associada às condições em que os dados são obtidos. Grande parte dos estudos é conduzida em condições de campo, utilizando segmentos foliares que podem apresentar infecções mistas, o que pode levar à subestimação ou superestimação da severidade. Como alternativa, a fenotipagem em condições controladas permite a inoculação uniforme, maior repetibilidade e independência da sazonalidade, favorecendo avaliações mais precisas e confiáveis da resistência, além de complementar e validar os resultados obtidos em condições de campo (Langstroff et al., 2022). Diante desse cenário, o presente estudo teve como objetivo desenvolver um modelo automatizado baseado em CNN, especializado nos sintomas de *B. maydis* em milho-pipoca e destinado à validação da resistência genética, capaz de detectar e segmentar lesões e quantificar a severidade da doença com base na proporção da área foliar afetada.

3.2.2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.2.2.1 Mancha foliar causada por Bipolaris maydis

O gênero *Bipolaris* engloba diversos patógenos de distribuição global, destacando-se por exercer notável influência nas culturas de gramíneas, tanto cultivadas quanto silvestres (Manamgoda et al., 2014). Sua presença abrange mais de 40 países, impactando não apenas a cultura do milho, mas também outras espécies vegetais, como sorgo, trigo e arroz (Schauffler et al., 2022). A MHM, causada por *B. maydis*, é uma doença foliar de importância econômica para a cultura do milho em diversas regiões produtoras. Em genótipos suscetíveis e sob condições ambientais favoráveis ao desenvolvimento do patógeno, há relatos de perdas de rendimento de até 70%. Esses impactos ressaltam a importância da compreensão da epidemiologia da doença e do desenvolvimento de estratégias eficientes de manejo e resistência genética (Aregbesola et al., 2020; Saluci et al., 2023).

Até o momento, foram identificadas três raças de *B. maydis* na cultura do milho: C, O e T (Ramos et al., 2026). As raças "T" e "O" são amplamente difundidas globalmente, enquanto a raça "C" possui registros apenas na China (Meshram et al., 2022). Na década de 1970, uma cepa altamente virulenta denominada raça T emergiu na Flórida, causando uma devastação significativa ao varrer a costa leste dos Estados Unidos durante uma única estação de cultivo, resultando na destruição de mais de 15% da safra de milho (Condon et al., 2018). A raça “T” é patogênica exclusivamente para o citoplasma CMS-T; já a raça “C” demonstra especificidade para o citoplasma CMS-C do milho, enquanto a raça “O” independe do tipo de citoplasma (Kumar et al., 2022).

O patógeno *B. maydis* apresenta variações morfológicas e fisiológicas entre isolados, incluindo diferenças nas características do crescimento micelial e dos conídios (Nadeem et al., 2024). Seu ciclo de vida é policíclico e envolve a liberação de conídios assexuados ou ascósporos sexuais para infectar as plantas de milho (Singh et al., 2012). Esse processo ocorre sob condições favoráveis, com faixas de temperatura variando entre 20 e 32°C (Ramos et al., 2026). A disseminação ocorre principalmente por meio do vento e de respingos de chuva (Singh et al., 2012). O fungo apresenta comportamento necrotrófico, alimentando-se de tecidos vegetais

mortos (Meshram et al., 2022; Chen et al., 2023). Os sintomas da mancha de helmintosporiose maidis (MHM) causada por *B. maydis* podem variar de acordo com o germoplasma do hospedeiro e a raça do patógeno presente na região (Shukuru et al., 2023). A doença manifesta-se nas folhas por lesões inicialmente elípticas e estreitas, que, com a progressão da infecção, tornam-se alongadas longitudinalmente (Sun et al., 2020), apresentando frequentemente coloração marrom, halos arroxeados e margens marrom-avermelhadas (Ramos et al., 2026). A expansão dessas lesões reduz a área foliar fotossinteticamente ativa, comprometendo o enchimento dos grãos e, consequentemente, a produtividade da cultura (Ali e Yan, 2012).

A resistência do milho a *B. maydis* apresenta natureza predominantemente quantitativa. Embora genes maiores, como rhm1, tenham sido descritos como responsáveis pela resistência (Carson et al., 2004; Zhao et al., 2012; Kumar et al., 2022), diversos estudos demonstram que a resistência é controlada principalmente por QTLs distribuídos em diferentes regiões do genoma, com predominância de efeitos aditivos e contribuição variável de dominância e epistasia, características que favorecem sua exploração em programas de melhoramento recorrente (Burnette e White, 1985; Jeevan et al., 2020; Souza et al., 2025).

De acordo com o Sistema de Agrotóxicos Fitossanitários (AGROFIT, 2026), atualmente há 18 fungicidas registrados para o controle de *B. maydis*. Entretanto, a utilização de genótipos resistentes permanece como a principal estratégia de manejo da doença, podendo ser integrada ao controle químico e a outras práticas de manejo (Ferreira et al., 2024).

3.2.2.2 Fenotipagem digital

A fenotipagem compreende a mensuração das características observáveis das plantas, resultantes da interação entre o genótipo e o ambiente, incluindo atributos relacionados ao crescimento, desenvolvimento, fisiologia, produtividade e resistência a estresses bióticos e abióticos (Hickey et al., 2019). Em programas de melhoramento, constitui a principal base para a seleção de genótipos superiores, uma vez que a qualidade das avaliações fenotípicas influencia diretamente a eficiência da seleção e o ganho genético obtido a cada ciclo (Furbank e Tester, 2011; Jiang e Li, 2020).

O avanço das tecnologias de captura de imagens e sensoriamento remoto impulsionou o desenvolvimento da fenotipagem digital, abordagem baseada na aquisição automatizada de imagens e na extração computacional de informações fenotípicas (Furbank e Tester, 2011). Em comparação com a avaliação visual convencional, essa abordagem permite obter medidas mais objetivas, precisas e reprodutíveis, eliminando a subjetividade inerente ao avaliador e possibilitando o armazenamento permanente dos dados coletados para análises posteriores (Gill et al., 2022).

As imagens podem ser obtidas por diferentes sensores, incluindo câmeras RGB (DeChant et al., 2017; Stewart et al., 2019; Bai et al., 2023), multiespectrais (Moghimi et al., 2020), hiperespectrais (Mahlein et al., 2012), térmicas (Ludovisi et al., 2017), de fluorescência (Moustaka e Moustakas, 2023) e sistemas LiDAR (Tan et al., 2025). A escolha da tecnologia depende dos objetivos da avaliação, da escala do experimento e dos recursos disponíveis. Esses sensores podem ser embarcados em câmeras portáteis, sistemas estacionários, robôs, veículos terrestres autônomos, drones e veículos aéreos não tripulados (VANTs), possibilitando a coleta automatizada de dados fenotípicos em diferentes escalas espaciais e temporais (Vines e Zhang, 2022; Gill et al., 2022).

Em muitos programas de melhoramento, especialmente para avaliação de doenças, sistemas de baixo custo baseados em câmeras RGB convencionais ou smartphones têm se mostrado alternativas eficientes para a obtenção de imagens de alta qualidade, permitindo sua ampla adoção em atividades de pesquisa e seleção (Araus e Cairns, 2014; DeChant et al., 2017). Em aplicações que demandam elevada capacidade operacional, a fenotipagem digital pode ser expandida para plataformas de fenotipagem de alto rendimento (*high-throughput phenotyping*, HTP), que integram sensores, automação e sistemas robotizados para aquisição de grandes volumes de dados fenotípicos em curto intervalo de tempo (Gill et al., 2022).

A aquisição de imagens pode ser realizada tanto em ambientes controlados quanto em condições de campo. Em ambientes controlados, como casas de vegetação, câmaras de crescimento e sistemas de iluminação padronizados, é possível minimizar variações de iluminação, fundo e condições ambientais, aumentando a repetibilidade das avaliações e facilitando a extração de características fenotípicas (Langstroff et al., 2022). Por outro lado, a fenotipagem

em campo permite avaliar as plantas sob condições reais de cultivo, capturando a interação entre genótipo e ambiente, embora imponha desafios adicionais decorrentes da variabilidade da iluminação natural, oclusão entre plantas, influência do vento e maior complexidade do cenário (Perez-Sanz et al., 2017; Zhao et al., 2019).

Independentemente do ambiente de aquisição, a fenotipagem digital apresenta vantagens importantes em relação aos métodos convencionais. Por ser predominantemente não destrutiva, permite o monitoramento contínuo das mesmas plantas ao longo do ciclo da cultura, possibilitando acompanhar a dinâmica do crescimento, da resposta a estresses e da progressão de doenças (Pieruschka e Schurr, 2019). Além disso, a elevada capacidade de aquisição de dados favorece a avaliação simultânea de grandes populações de genótipos, reduzindo o tempo entre ciclos de seleção e aumentando a intensidade seletiva, fatores que contribuem diretamente para maiores ganhos genéticos (Furbank e Tester, 2011; Araus e Cairns, 2014).

A incorporação da fenotipagem digital aos programas de melhoramento tem ampliado sua aplicação desde a seleção de populações segregantes para características de interesse até a avaliação de linhagens e híbridos em ensaios multiambientais (Yang et al., 2020). Além disso, a integração de dados fenotípicos obtidos por imagens com abordagens como estudos de associação genômica (GWAS), mapeamento de QTL e seleção genômica tem aumentado a eficiência na identificação de regiões genômicas associadas a caracteres complexos e melhorado a acurácia das predições genômicas (Fritsche-Neto et al., 2025).

Apesar dessas vantagens, a fenotipagem digital gera grandes volumes de imagens cuja análise manual se torna inviável (Murphy et al., 2024). A conversão dessas imagens em informações quantitativas exige etapas de segmentação, extração de características e inferência, tornando o processamento automatizado um dos principais desafios da fenotipagem moderna (Perez-Sanz et al., 2017). Nesse contexto, o desenvolvimento de ferramentas computacionais capazes de interpretar automaticamente imagens e extrair características fenotípicas de forma precisa e reprodutível tornou-se essencial para que a fenotipagem digital alcance seu pleno potencial como ferramenta de suporte aos programas de melhoramento genético de plantas (Jiang e Li, 2020; Murphy et al., 2024).

3.2.2.3 Modelos de Deep learning aplicados à avaliação de doenças

A inteligência artificial (IA) refere-se ao desenvolvimento de sistemas computacionais capazes de simular a inteligência humana na execução de tarefas específicas (Sarker, 2022). Entre suas subáreas, destaca-se o aprendizado de máquina (*machine learning*, ML), no qual algoritmos aprendem padrões a partir de dados para realizar tarefas específicas. O aprendizado profundo (*deep learning*, DL), por sua vez, constitui uma subárea do ML baseada em redes neurais artificiais com múltiplas camadas, capazes de aprender automaticamente representações hierárquicas dos dados de entrada (Murphy et al., 2024). Diferentemente do ML convencional, que depende da extração manual de características, os modelos de DL realizam essa etapa diretamente a partir dos dados brutos, permitindo a identificação de padrões complexos e aumentando a capacidade de generalização dos modelos (LeCun et al., 2015; Alzubaidi et al., 2021).

As CNNs, representam a principal arquitetura de DL para análise de imagens e revolucionaram a visão computacional aplicada à agricultura. Por meio de sucessivas camadas convolucionais, essas redes aprendem automaticamente características que variam desde padrões simples, como bordas e texturas, até representações mais complexas, como sintomas de doenças, dispensando a engenharia manual de atributos e superando consistentemente os métodos tradicionais de reconhecimento de imagens (Barbedo, 2016; Mohanty et al., 2016; Gu et al., 2018).

A rápida evolução das CNNs resultou no desenvolvimento de arquiteturas especializadas para diferentes tarefas de visão computacional. Modelos como AlexNet, VGG e ResNet impulsionaram os avanços em classificação de imagens, enquanto arquiteturas como U-Net, Mask R-CNN e YOLO passaram a desempenhar papel central em tarefas de segmentação e detecção de objetos (Krizhevsky et al., 2012; Ronneberger et al., 2015; Redmon et al., 2016; He et al., 2017; Sapkota e Karkee, 2024). Entre essas arquiteturas, a família YOLO (*You Only Look Once*) destaca-se por realizar a detecção de objetos em uma única etapa (*single-stage detector*), dispensando a geração prévia de regiões de interesse e proporcionando elevada velocidade de processamento sem perda significativa de precisão (Redmon et al., 2016). As versões mais recentes da arquitetura

incorporaram avanços em acurácia, detecção de objetos pequenos e segmentação por instâncias, ampliando sua aplicação na agricultura e, particularmente, na identificação e quantificação de doenças em plantas (Wang et al., 2024).

Modelos baseados em YOLO têm sido empregados com sucesso na detecção de lesões em culturas como milho, arroz, trigo, tomate e amendoim, frequentemente alcançando elevados níveis de acurácia em condições experimentais (Abid et al., 2024; Aldakheel et al., 2024). Na avaliação de doenças de plantas, os modelos de DL são empregados principalmente em tarefas de classificação, detecção e segmentação de imagens (DeChant et al., 2017; Stewart et al., 2019; Haque et al., 2021; Qian et al., 2022; Yin et al., 2022; Rai e Pahuja, 2024). A classificação atribui um rótulo à imagem inteira, identificando, por exemplo, o tipo de doença presente. A detecção localiza automaticamente as lesões por meio de caixas delimitadoras (*bounding boxes*), enquanto a segmentação realiza a classificação pixel a pixel, podendo ainda distinguir individualmente cada lesão (*segmentação por instâncias*). Essas abordagens permitem estimar automaticamente a área foliar afetada e quantificar a severidade da doença com elevada precisão e reprodutibilidade (Barbedo, 2016; Thenmozhi e Srinivasulu, 2019; Stewart et al., 2019).

A aplicação de modelos de DL à fenotipagem de doenças oferece vantagens importantes em relação à avaliação visual convencional, incluindo maior objetividade e reprodutibilidade, processamento automatizado de grandes volumes de imagens, detecção precoce de sintomas e integração com plataformas de fenotipagem digital (Barbedo, 2016; Mohanty et al., 2016; Gill et al., 2022). Entretanto, sua aplicação ainda enfrenta desafios relacionados à necessidade de grandes conjuntos de dados anotados, à variabilidade das condições de campo, como iluminação e oclusão entre plantas, e à limitada capacidade de generalização entre diferentes culturas e patossistemas (Barbedo, 2022). Estratégias como transferência de aprendizado (*transfer learning*), aumento de dados (*data augmentation*) e construção de bases de dados representativas têm sido amplamente empregadas para superar essas limitações e ampliar a robustez dos modelos em condições reais de cultivo (Thenmozhi e Srinivasulu, 2019; Barbedo, 2022).

3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1 Desenvolvimento do modelo de aprendizado profundo para quantificação da MHM

O panorama geral do fluxo de trabalho desenvolvido, abrangendo desde a aquisição dos dados experimentais e o treinamento do modelo até as etapas de predição e análise automatizada, encontra-se sintetizado de forma esquemática na Figura 1.

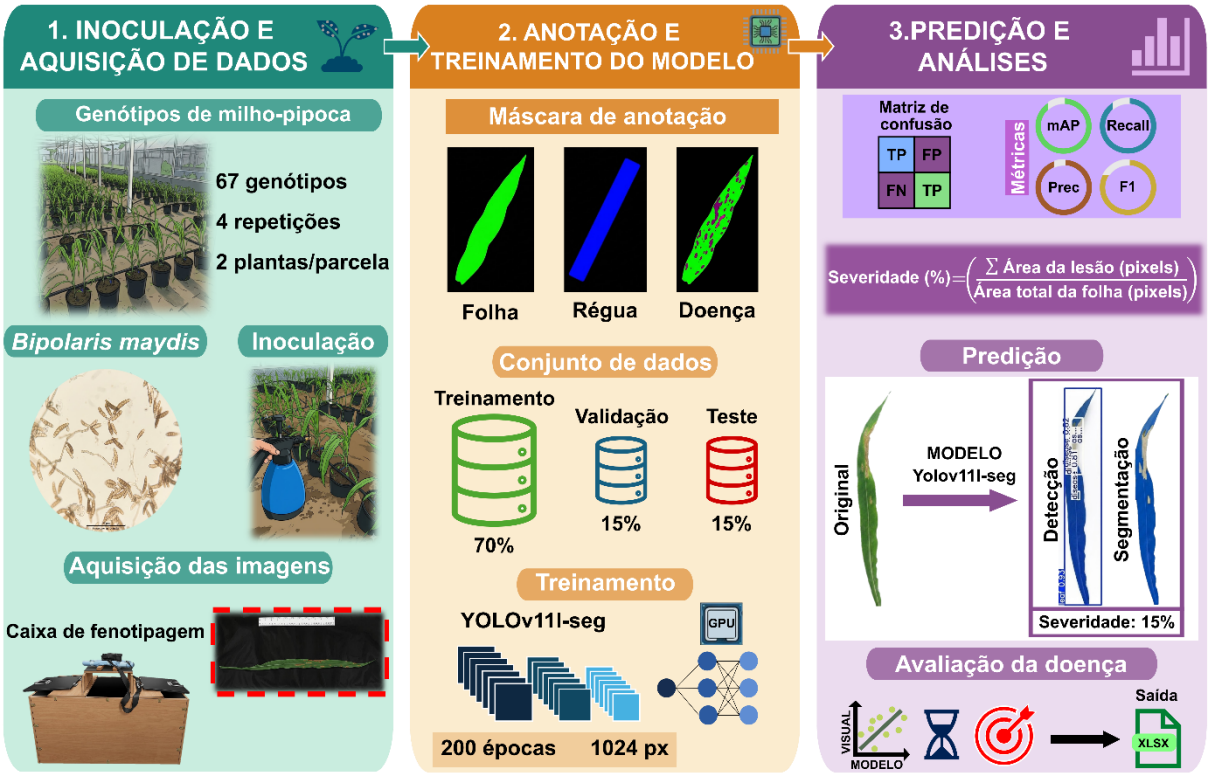


Figura 1. Resumo gráfico do *pipeline* de fenotipagem digital para quantificação de MHM em milho-pipoca. (1) Inoculação e aquisição de dados em caixa de fenotipagem; (2) Processo de anotação de máscaras (folha, régua e lesão) e treinamento do modelo YOLOv11l-seg com 200 épocas; (3) Predição, métricas de validação, cálculo pixelar da severidade (%) e geração automatizada de resultados.

3.2.3.2 Material vegetal e condições experimentais

Foram avaliados 67 genótipos de milho-pipoca provenientes do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

(UENF), compreendendo 63 híbridos simples e quatro linhagens endogâmicas. A identificação e o tipo de material genético de cada genótipo são apresentados na Tabela Suplementar S1 (Tabela S1). O experimento foi conduzido em casa de vegetação na UENF, em Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil (21°45' S; 41°17' W), no ano de 2025, utilizando o delineamento em blocos casualizados (DBC), com quatro repetições.

As plantas foram cultivadas em vasos plásticos com capacidade de 3,6 L, preenchidos com substrato composto por solo, areia e esterco, na proporção de 1:1:1. Foram semeadas quatro sementes por vaso e, aos 20 dias após a semeadura, foi realizado o desbaste, mantendo-se duas plantas por vaso, que constituíram a unidade experimental. A irrigação foi realizada por sistema de gotejamento, com duas irrigações diárias controladas por temporizador digital e ajustadas de acordo com as necessidades da cultura.

3.2.3.3 Preparo do inóculo

Foi utilizado o isolado de **B. maydis** “Cf/UENF 496”, previamente obtido por Ramos et al. (2026) na clínica fitopatológica da UENF e mantido sob preservação pelo método de Castellani. Discos miceliais de 6 mm de diâmetro, contendo estruturas do patógeno, foram retirados e transferidos para 10 placas de Petri contendo meio de cultura de extrato seco de malte. As placas foram incubadas em câmara de crescimento a 24°C, sob fotoperíodo de 12h (claro/escuro).

Após 10 dias, os esporos foram coletados das placas, transferidos para tubos Eppendorf contendo água destilada e, posteriormente, distribuídos em novas placas, totalizando 100 unidades, que foram então acondicionadas em câmara de crescimento sob as mesmas condições ambientais.

Após 25 dias, as suspensões conidiais foram preparadas por meio da lavagem das placas com auxílio de um pincel para remoção dos conídios, seguida da transferência do material para um recipiente contendo água destilada. A concentração foi ajustada para $1,0 \times 10^4$ conídios mL^{-1} com o auxílio de uma câmara de Neubauer.

3.2.3.4 Inoculação, avaliação dos sintomas e aquisição de imagens

A inoculação do patógeno foi realizada quando as plantas atingiram o estádio fenológico V4–V6 (quatro a seis folhas completamente expandidas). A

inoculação foliar foi realizada por meio da pulverização de uma suspensão de conídios até o completo molhamento das plantas, com escorrimento. Cada repetição recebeu aproximadamente 1.000 mL da suspensão.

As condições ambientais no interior da casa de vegetação foram monitoradas durante todo o período de 21 dias entre a inoculação e a coleta das folhas. As temperaturas máxima, média e mínima diárias, juntamente com a umidade relativa média, são apresentadas na Figura 2.

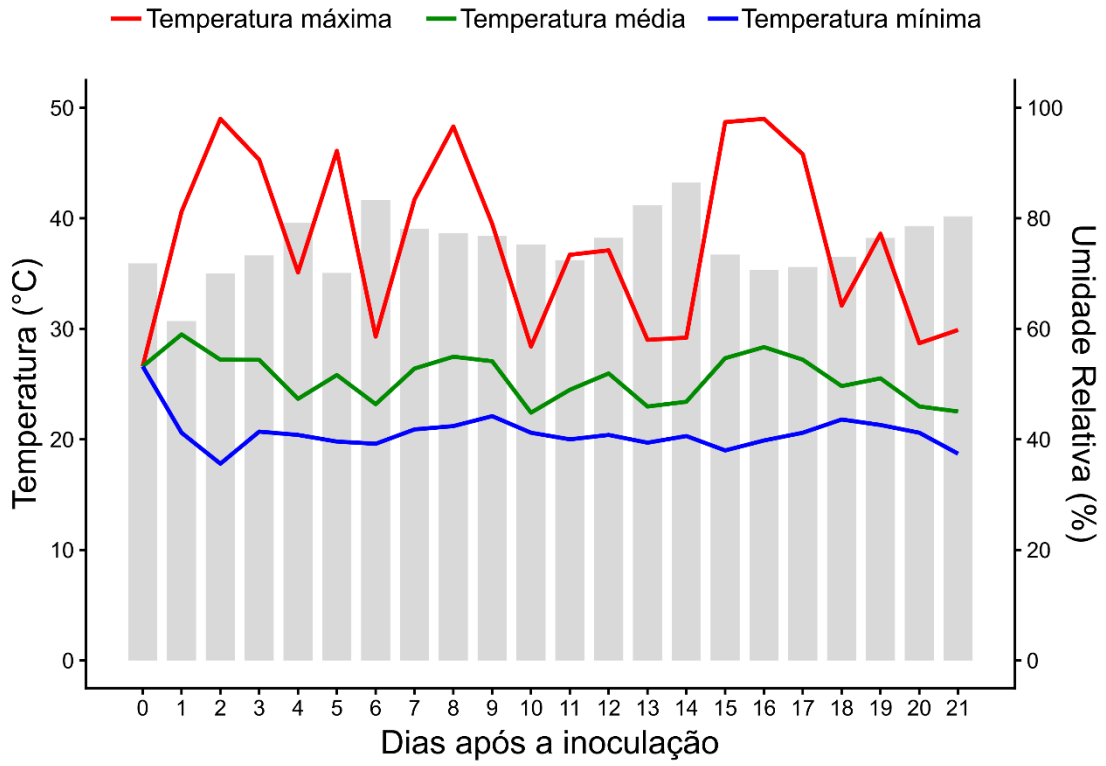


Figura 2. Condições ambientais da casa de vegetação durante o período de 21 dias entre a inoculação com *B. maydis* e a coleta das folhas. As linhas representam as temperaturas máximas (vermelho), médias (verde) e mínimas (azul) diárias, e as barras cinzas representam a umidade relativa média diária.

Aos 20 dias após a inoculação, a severidade da doença foi avaliada visualmente por meio da escala diagramática proposta por James (1971) (Figura 3A). Aos 21 dias após a inoculação, foram coletadas, de cada unidade experimental, as duas folhas que apresentavam maior severidade da doença. As folhas foram cortadas na base com tesoura, de modo a preservar todo o limbo foliar,

e posteriormente fotografadas no interior de uma caixa fechada com fundo preto e iluminação constante por LED branco, com o objetivo de padronizar a aquisição das imagens e minimizar interferências externas.

Para garantir a padronização da aquisição das imagens e a precisão das medições, foi utilizada uma caixa de fenotipagem com 1,0 m de altura, 1,0 m de comprimento e 0,50 m de largura. Uma régua foi posicionada ao lado das amostras para padronizar a escala durante a captura das imagens. As imagens foram obtidas com uma câmera Sony a6000, posicionada a uma altura fixa de 50 cm, utilizando foco manual, ISO 1250, velocidade do obturador de 1/160s, abertura f/3,5 e distância focal de 16 mm. A resolução original das imagens foi de 6024 × 4024 pixels, garantindo maior uniformidade e qualidade para a análise posterior das lesões (Figura 3B).

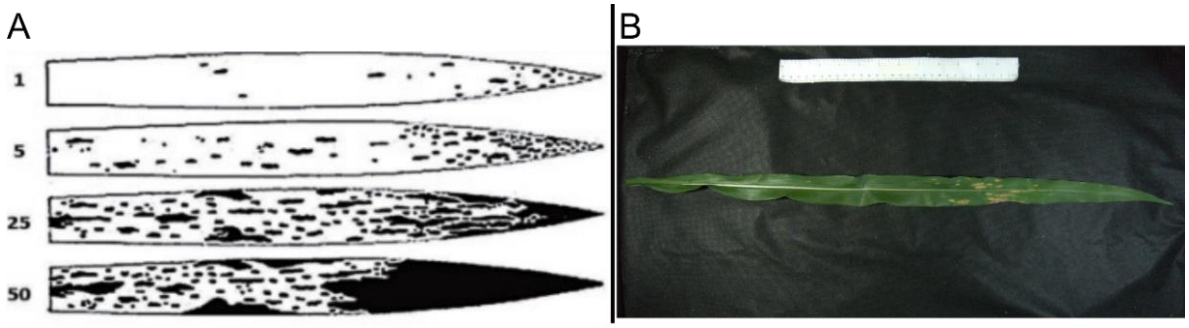


Figura 3. (A) Escala diagramática para avaliação da severidade da mancha foliar causada por *Bipolaris maydis* em folhas de milho, proposta por James (1971). (B) Exemplo de uma imagem utilizada no desenvolvimento do modelo baseado em rede neural convolucional (CNN).

3.2.3.5 Conjunto de dados e treinamento do modelo

Foi construído um conjunto original de dados com 1.093 imagens de alta resolução de folhas de milho-pipoca apresentando diferentes níveis de severidade de MHM para o treinamento da CNN. As imagens foram anotadas manualmente em três classes: régua (1.093 anotações), folha (1.093 anotações) e doença (7.905 anotações), utilizando a ferramenta Segment Anything Model 3 (SAM 3) (Carion et al., 2025) (Figura 4). Antes do treinamento, as imagens foram aleatorizadas e divididas em três subconjuntos: treinamento (70%), validação (15%) e teste (15%).

Para a detecção e segmentação de lesões foliares causadas por *B. maydis*, foi utilizada a arquitetura de CNN YOLO11l-seg, implementada na biblioteca Ultralytics (versão 8.4.14). Essa arquitetura foi escolhida por integrar a detecção e a segmentação de instâncias em uma única etapa, possibilitando maior eficiência computacional e maior precisão no delineamento das lesões foliares (Ultralytics, 2024).

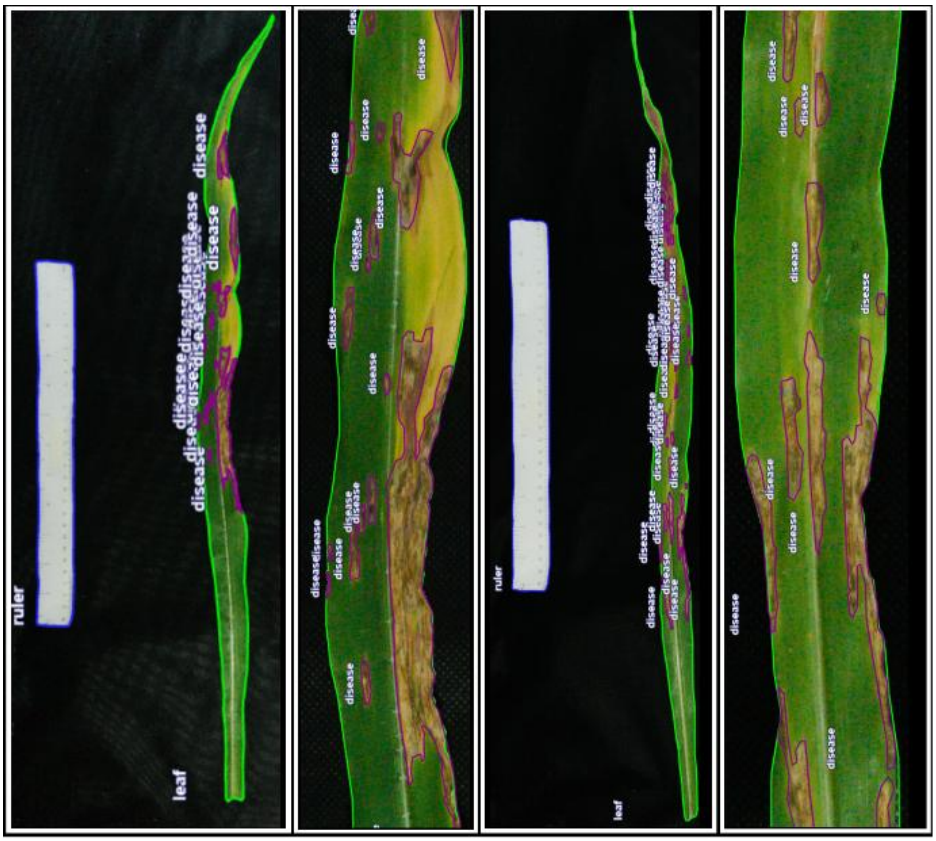


Figura 4. Anotação manual das classes régua, folha e doença utilizadas para o treinamento do modelo.

O treinamento foi realizado em ambiente Python (versão 3.12.13), em duas etapas sequenciais (*progressive fine-tuning*), com o objetivo de, inicialmente, aprender as características visuais das lesões e, posteriormente, refinar o modelo. Na primeira etapa, o treinamento foi conduzido a partir de pesos pré-treinados, utilizando imagens com resolução de 1024 pixels, o otimizador AdamW, taxa de aprendizado de 1×10^{-3} e até 200 épocas. Técnicas de aumento dinâmico de dados foram aplicadas durante o treinamento (*on-the-fly*), incluindo mosaico, rotação,

translação, redimensionamento, inversão horizontal e ajustes de brilho, saturação e matiz, com o mosaico desativado nas últimas 10 épocas.

Na segunda etapa, o modelo foi refinado a partir dos melhores pesos obtidos anteriormente (*best.pt*), com redução da taxa de aprendizado para 1×10^{-4} e ajustes nos pesos da função de perda para classificação (cls = 1,5) e localização (box = 10,0). Nessa etapa, o mosaico foi mantido durante a maior parte do treinamento e desativado nas últimas 50 épocas.

Para avaliar o desempenho do modelo, foram utilizadas as seguintes métricas:

$$\text{Precisão} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FP}} \quad (1)$$

TP = verdadeiros positivos e FP = falsos positivos.

$$\text{Recall} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FN}} \quad (2)$$

$$\text{mAP} = \frac{\text{P}_{\text{average}}}{\text{N (class)}} \quad (3)$$

mAP= precisão média; $\text{P}_{\text{average}}$= precisão média por classe; e N(class)= número total de classes.

$$\text{F1 (score)} = 2 \text{ x } \frac{\text{Precisão x Recall}}{\text{Precisão} + \text{ Recall}} \quad (4)$$

$$\text{IoU} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{ FP} + \text{FN}} \quad (5)$$

$$\text{Dice} = 2 \text{ x } \frac{2\text{TP}}{2\text{TP} + \text{ FP} + \text{FN}} \quad (6)$$

FN = falsos negativos

3.2.3.6 Estimativa da severidade

A severidade da mancha foliar causada por *B. maydis* foi estimada utilizando uma metodologia adaptada de Bock et al. (2020), baseada na proporção entre a área lesionada e a área foliar total, expressa em porcentagem.

$$\text{Severidade (\%)} = \left(\frac{\sum \text{Área da lesão (pixels)}}{\text{Área total da folha (pixels)}} \right) \quad (7)$$

3.2.3.7 Comparação entre a avaliação visual e o aprendizado profundo

Para comparar a fenotipagem visual com o modelo baseado em CNN, as imagens foram renomeadas e organizadas de acordo com os respectivos tratamentos e parcelas experimentais. Foram utilizadas duas folhas por parcela, selecionando-se aquelas que apresentavam os maiores níveis de severidade (8) análise de variância foi realizada com base no delineamento em blocos casualizados:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} \quad (8)$$

Em que: Y_{ij} = valor observado do *i*-ésimo genótipo no *j*-ésimo bloco; μ = média geral; G_i = efeito fixo do *i*-ésimo genótipo; B_j = efeito fixo do *j*-ésimo bloco; e ε_{ij} = erro experimental aleatório associado à observação Y_{ij}, com NID $(0, \sigma^2)$.

As pressuposições de normalidade dos resíduos e da homogeneidade das variâncias foram verificadas por meio dos testes de Shapiro-Wilk ($p > 0{,}05$) e O'Neill-Mathews ($p > 0{,}05$), respectivamente. Devido à não normalidade, os dados foram transformados utilizando o pacote ***bestNormalize***, aplicando a técnica *OrderNorm*.

O coeficiente de determinação genotípico foi estimado de acordo com Cruz et al. (2012), utilizando as seguintes equações:

$$V_g = \frac{MS_{trat} - MS_e}{rep} \quad (9)$$

Em que: V_g: variância genotípica; MS_{trat}: quadrado médio do tratamento; MS_{res}: quadrado médio do erro; rep: repetição.

$$H^2 = \frac{V_g}{V_g + \frac{MS_{res}}{rep}} \quad (10)$$

H^2: coeficiente de determinação genotípica.

Correlações fenotípicas (r) foram estimadas por meio do coeficiente de correlação de Pearson (Pearson, 1896):

$$r = \frac{\widehat{Cov}(X, Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_x^2 \,.\, \hat{\sigma}_y^2}} \quad (11)$$

Em que: $\widehat{Cov}(X, Y)$ corresponde à covariância fenotípica entre as características X e Y; $\hat{\sigma}_x^2$ refere-se ao estimador da variância fenotípica de X; e $\hat{\sigma}_y^2$ é o estimador da variância fenotípica de Y.

Posteriormente, foi aplicado o teste de agrupamento de médias de Scott–Knott ($p < 0,05$). Em seguida, os agrupamentos dos genótipos foram comparados utilizando uma matriz de confusão normalizada, considerando a fenotipagem visual e as predições do modelo.

A concordância e o erro entre as estimativas de severidade obtidas pelo modelo e pela avaliação visual foram avaliados utilizando o coeficiente de correlação de concordância de Lin (CCC), o erro absoluto médio (MAE) e a raiz do erro quadrático médio (RMSE), com base nas estimativas médias de severidade de cada genótipo. O CCC foi calculado da seguinte forma (Lin, 1989):

$$CCC = \frac{2\, s_{MV}}{s_M^2 + s_V^2 + (\bar{M} - \bar{V})^2} \quad (12)$$

Em que: s_{MV} representa a covariância entre as estimativas baseadas no modelo (M) e as estimativas visuais (V), e são suas respectivas variâncias, s_M^2 e s_V^2 são as médias de cada método. O intervalo de confiança de 95% para o CCC foi estimado utilizando o método de transformação z.

O MAE foi utilizado para quantificar a magnitude média dos erros absolutos entre os métodos, enquanto o RMSE, que atribui maior peso às diferenças de maior magnitude, foi calculado como:

$$RMSE = \sqrt{\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(M_i - V_i)^2} \quad (13)$$

Em que: M_i e V_i representam, respectivamente, as estimativas de severidade baseadas no modelo e na avaliação visual para o genótipo i, é o número de genótipos avaliados.

$$LoA = \bar{d} \pm 1.96\, s_d \quad (14)$$

Em que: $\bar{d}$ representa a diferença média entre os métodos, s_d é o desvio-padrão dessas diferenças.

Por fim, foi estimada a eficiência da seleção indireta:

$$Acc_{ind} = \mathrm{r_{xy}}.\sqrt{H_x} \quad (15)$$

Em que: Acc_{ind} é a acurácia esperada da seleção indireta para a característica-alvo y; r_{xy} é a correlação fenotípica entre a característica auxiliar x e a característica-alvo y; e H a raiz quadrada do coeficiente de determinação genotípica da característica auxiliar x.

Em seguida, foi estimada a eficiência relativa da seleção (ER):

$$ER = \frac{Acurácia\ da\ seleção\ indireta}{Acurácia\ da\ seleção\ direta}\ x\ 100 \quad (16)$$

3.2.3.8 Análises estatísticas

Todas as análises estatísticas foram realizadas no ambiente R (versão 4.5.0; R Core Team, 2025), utilizando o RStudio (versão 2024.12.1+563). Os pacotes bestNormalize, easyanova, ggcorrplot, ggplot2 e tidyverse foram empregados para transformação dos dados, análise de variância, análise de correlação, visualização gráfica e manipulação dos dados, respectivamente.

3.2.4 RESULTADOS

3.2.4.1 Treinamento e desempenho do modelo

O ajuste fino do modelo YOLOv11l-seg (Fase 2) resultou em alto desempenho geral ao longo de 200 épocas, com valores de mAP50 de 0,915 para detecção (caixas delimitadoras) e 0,874 para segmentação (máscaras) (Figura S1A–B). A análise por classe mostrou desempenho quase perfeito para Folha e

Régua, com valores de mAP50 de 0,995 em ambas as tarefas. A classe Doença apresentou desempenho de moderado a alto, com valores de mAP50 de 0,76 para detecção e 0,63 para segmentação, indicando maior dificuldade na delimitação das áreas lesionadas, conforme esperado devido à maior variabilidade visual das lesões, particularmente em termos de tamanho, posição e estágio de desenvolvimento.

A matriz de confusão mostrou classificação perfeita para as classes Folha e Régua, com todas as instâncias verdadeiras corretamente identificadas (Figura 5). A classe Doença apresentou maior dificuldade, com 78% das lesões verdadeiras corretamente detectadas e 22% classificadas como fundo, indicando falsos negativos. Além disso, regiões de fundo foram incorretamente classificadas como Doença, caracterizando falsos positivos, sendo 100% desses erros associados a essa classe.

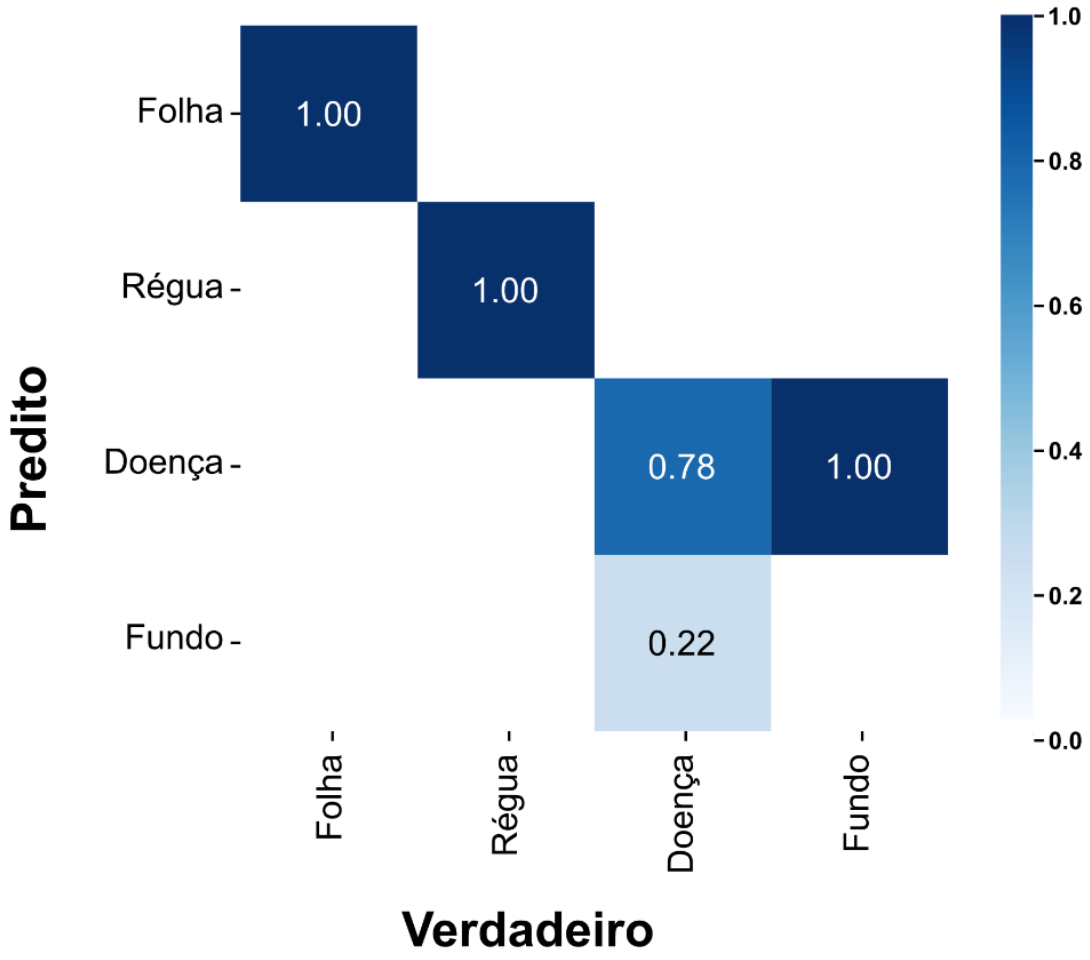


Figura 5. Matriz de confusão normalizada.

De modo geral, o modelo apresentou desempenho elevado e consistente nos conjuntos de validação e teste (Tabela 1). Para detecção, as métricas permaneceram iguais ou superiores a 0,89 em ambos os conjuntos. Maior variação foi observada para a segmentação entre os conjuntos de validação e teste, embora os valores tenham permanecido iguais ou superiores a 0,84 para a classe “Todas”.

Tabela 1. Métricas de desempenho do modelo YOLOv11l para detecção e segmentação de lesões causadas por *B. maydis* em folhas de milho-pipoca nos conjuntos de validação e teste.

Classes	Conjunto	Caixa			Máscara					
		Precisão	Recall	mAP50	Precisão	Recall	F1	mAP50	IoU	Dice
Geral	Validação	0.93	0.89	0.92	0.89	0.87	0.88	0.87	0.86	0.92
	Teste	0.93	0.91	0.92	0.92	0.89	0.90	0.91	0.84	0.91
Folha	Validação	0.99	1.00	1.00	0.99	1.00	1.00	1.00	0.93	0.96
	Teste	1.00	1.00	1.00	0.99	0.99	0.99	0.99	0.92	0.96
Régua	Validação	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.97	0.99
	Teste	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.97	0.98
Doença	Validação	0.79	0.68	0.76	0.66	0.61	0.63	0.63	0.68	0.81
	Teste	0.79	0.72	0.78	0.76	0.67	0.72	0.74	0.64	0.78

As classes Folha e Régua apresentaram desempenho próximo de 1,00 em ambos os conjuntos, enquanto a classe Doença apresentou desempenho mais moderado. Entre os conjuntos de validação e teste, a precisão da detecção foi de 0,79, com o recall aumentando de 0,68 para 0,72 e o mAP50 de 0,76 para 0,78. Para a segmentação, o mAP50 aumentou de 0,63 para 0,74 e o F1-score de 0,63 para 0,72, enquanto o IoU e o Dice apresentaram pequenas reduções, de 0,68 para 0,64 e de 0,81 para 0,78, respectivamente. Assim, embora o modelo tenha apresentado maior eficiência na identificação e segmentação das lesões no conjunto de teste, a correspondência espacial entre as máscaras preditas e as

máscaras de referência foi ligeiramente menor. Exemplos representativos dessas predições são apresentados na Figura 6.

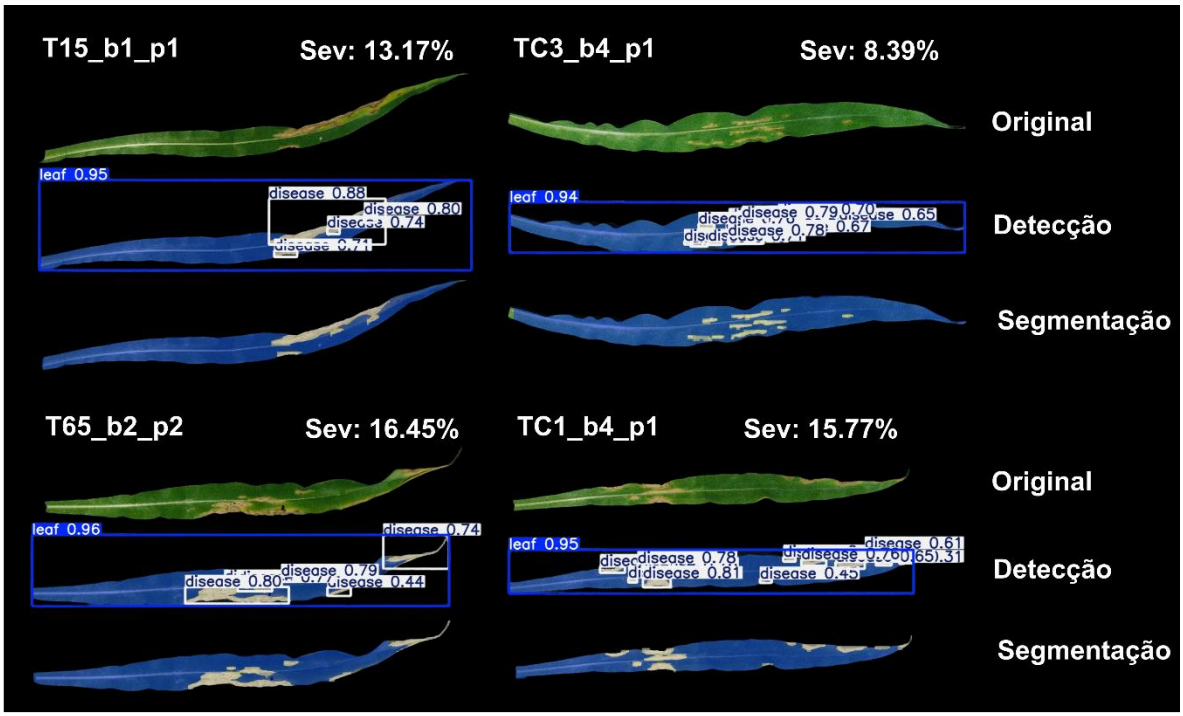


Figura 6. Exemplos de quatro genótipos, apresentando a imagem original e as saídas geradas pelo modelo YOLOv11l para detecção, segmentação e estimativa da severidade da doença (Sev.).

3.2.4.2 Desempenho comparativo entre fenotipagem visual e baseada no modelo

Foi observada uma forte associação entre as avaliações realizadas pelo modelo e as avaliações visuais em todos os cenários avaliados (Figura 7A). Os coeficientes de correlação para Modelo × Visual, Modelo × Visual_adj, Modelo_adj × Visual_adj e Modelo_adj × Visual variaram de 0,79 a 0,82, indicando elevada associação entre as duas abordagens de fenotipagem. As correlações entre os dados brutos e ajustados também foram altas para ambos os métodos, atingindo r = 0,96 para Modelo × Modelo_adj e r = 0,90 para Visual × Visual_adj, indicando que a transformação dos dados preservou o padrão geral das estimativas de severidade, com maior consistência para as avaliações realizadas pelo modelo.

Esse padrão foi corroborado pelos coeficientes de determinação genotípica (H^2), que foram consistentemente maiores para a avaliação baseada no modelo do que para a avaliação visual. Nos dados brutos, H^2 aumentou de 0,34 para a avaliação visual para 0,52 para o modelo, enquanto, após a transformação dos dados, os valores aumentaram para 0,45 e 0,61, respectivamente. Esses valores refletem uma maior discriminação dos genótipos por meio da avaliação da severidade estimada pelo modelo.

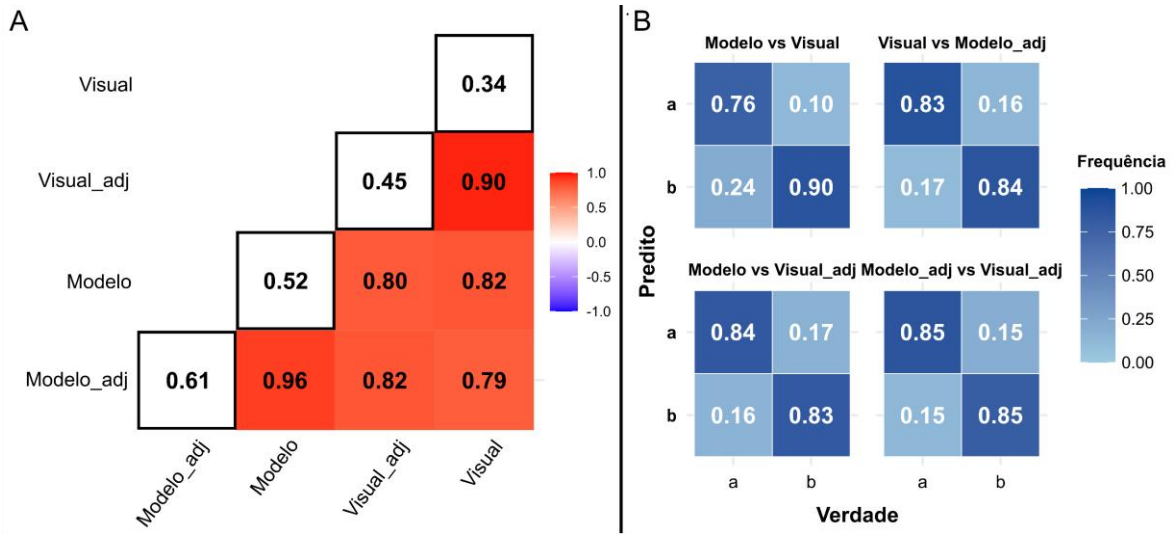


Figura 7. (A) Correlações de Pearson entre as estimativas de severidade obtidas por avaliação visual e pelo modelo, com os respectivos coeficientes de determinação genotípicos apresentados na diagonal; (B) matriz de confusão normalizada do teste de Scott-Knott ($p < 0,05$). Adj indica os dados após a transformação.

A análise das matrizes de confusão normalizadas (Figura 7B), em conjunto com o teste de Scott–Knott, mostrou a formação de dois grupos de genótipos (“a” e “b”) e demonstrou que o método de fenotipagem influenciou a classificação dos genótipos. As comparações envolvendo dados ajustados apresentaram alta similaridade de classificação, com valores variando de 83% a 84% para o grupo “a” e de 83% a 85% para o grupo “b”. Em contraste, a comparação baseada nos dados brutos (Modelo × Visual) apresentou menor correspondência para o grupo “a” (76%), enquanto esse valor permaneceu elevado para o grupo “b” (90%).

A proximidade entre as estimativas de severidade obtidas pelos dois métodos também foi avaliada por meio de métricas de concordância e erro. Nos dados brutos, o modelo e a avaliação visual apresentaram concordância moderada (CCC = 0,615), com MAE de 2,26 e RMSE de 2,82 (Tabela 2). Embora os coeficientes de correlação tenham indicado forte associação entre os métodos, o CCC revelou menor concordância absoluta entre as estimativas nesse cenário. Após o ajuste dos dados, o CCC aumentou para 0,816, acompanhado por menores valores de MAE e RMSE, indicando maior concordância entre os métodos na escala ajustada.

Tabela 2. Métricas de concordância e erro entre as estimativas de severidade da doença obtidas pelo modelo e pela avaliação visual, utilizando dados brutos e ajustados. O coeficiente de correlação de concordância de Lin (CCC) é apresentado com seu intervalo de confiança (IC) de 95%. MAE, erro absoluto médio; RMSE, raiz do erro quadrático médio.

Comparação	**Lin's CCC (95% CI)**	**MAE**	**RMSE**
Modelo × Visual	0.615 (0.493–0.713)	2.26	2.82
Modelo_adj × Visual_adj	0.816 (0.720–0.881)	0.28	0.35

Além disso, a análise de Bland–Altman foi utilizada para caracterizar a direção e a magnitude das diferenças entre as estimativas nos dados brutos. Foi observada uma diferença média de 2,14 pontos percentuais, com limites de concordância de 95% variando de −1,48 a 5,76 pontos percentuais (Figura 8). O viés positivo indicou que o modelo apresentou tendência de estimar valores de severidade superiores aos obtidos pela avaliação visual.

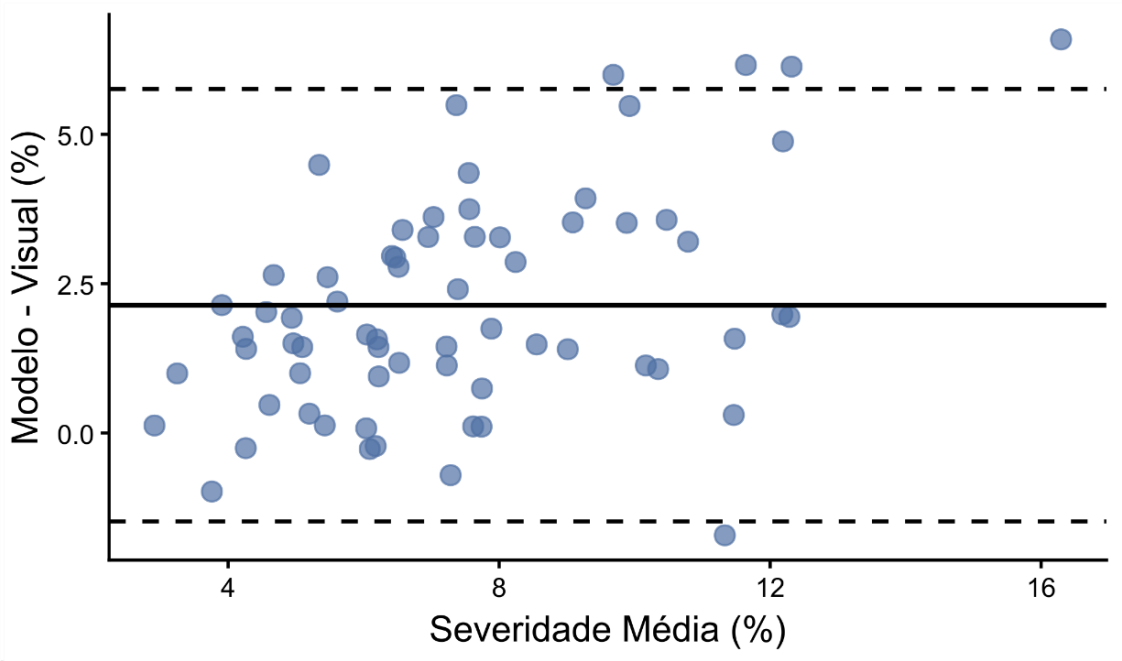


Figura 8. Gráfico de Bland–Altman comparando as estimativas de severidade da doença obtidas pelo modelo e pela avaliação visual. A linha contínua indica a diferença média entre os métodos, enquanto as linhas tracejadas representam os limites de concordância de 95%. Cada ponto representa um genótipo.

Essas diferenças entre os métodos também se refletiram nos resultados de seleção dos genótipos. A acurácia de seleção variou entre os cenários avaliados (Figura 9A). Na comparação ajustada (Modelo_adj × Visual_adj), as acurácias foram de 0,64 para o modelo e 0,67 para a avaliação visual, enquanto, nos dados brutos (Modelo × Visual), os valores foram de 0,59 e 0,58, respectivamente. Maior discrepância foi observada na comparação cruzada Modelo × Visual_adj (0,58 vs. 0,67), enquanto Modelo_adj × Visual apresentou valores mais semelhantes (0,62 vs. 0,58).

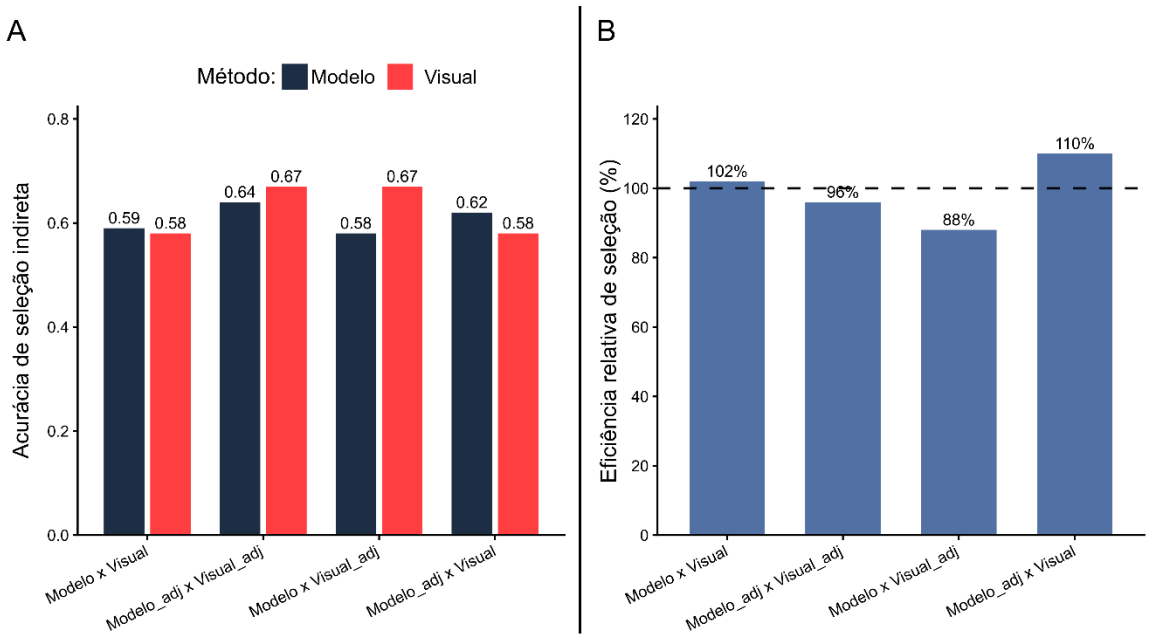


Figura 9. Comparação da acurácia de seleção entre os métodos de fenotipagem baseados no modelo e na avaliação visual. (A) Acurácia de seleção indireta para o modelo e para a avaliação visual. (B) Eficiência relativa de seleção baseada no modelo em comparação com a avaliação visual. “adj” indica dados ajustados.

Essa tendência também foi observada para a eficiência relativa de seleção (ER), que variou de 88% a 110% entre os cenários avaliados (Figura 9B). O maior valor foi observado para Modelo_adj × Visual (110%), seguido por Modelo × Visual (102%), enquanto Modelo_adj × Visual_adj e Modelo × Visual_adj apresentaram menores eficiências, de 96% e 88%, respectivamente. De modo geral, esses resultados mostram que a eficiência relativa da seleção baseada no modelo dependeu do cenário analítico, variando de ligeiramente inferior a ligeiramente superior à seleção visual.

3.2.5 DISCUSSÃO

O modelo apresentou desempenho consistente nas tarefas de detecção e segmentação e produziu estimativas de severidade associadas à avaliação visual. Além do desempenho preditivo, os resultados revelaram diferenças entre os métodos de fenotipagem em termos de concordância, discriminação entre

genótipos e eficiência de seleção, aspectos relevantes para a aplicação dessa abordagem em programas de melhoramento.

O modelo YOLOv11l-seg apresentou treinamento estável, com altos valores de precisão e mAP50 para detecção e segmentação (Figura S1), seguido por um padrão consistente de convergência após o ajuste fino. O aumento da função de perda após a desativação do mosaico na época 150 refletiu a transição para imagens com uma distribuição mais próxima das condições originais, sem comprometer o progresso do treinamento. A redução consistente das perdas de treinamento e validação ao longo das épocas, sem divergência evidente entre elas, indica ausência de sinais claros de overfitting (Cogswell et al., 2015).

De modo geral, as métricas demonstraram desempenho consistente na detecção e segmentação de lesões causadas por *B. maydis* em folhas de milho-pipoca (Tabela 1). A similaridade dos resultados entre os conjuntos de validação e teste indica que o desempenho foi mantido em dados não utilizados durante o treinamento, sustentando a capacidade de generalização do modelo (Goodfellow et al., 2016). O desempenho foi superior para detecção em comparação à segmentação, refletindo a maior complexidade envolvida na delimitação espacial precisa das lesões, um desafio amplamente reconhecido em tarefas de segmentação de instâncias (Sharma et al., 2022).

As classes Folha e Régua, caracterizadas por padrões visuais bem definidos, alcançaram classificação quase perfeita, destacando a capacidade do modelo de aprender objetos estruturalmente bem delimitados. Entretanto, a classe Doença apresentou maior dificuldade, o que pode estar associado à variabilidade dos sintomas e à dificuldade de detectar lesões em estágios iniciais (Barbedo, 2018). As lesões de MHM variam do marrom ao arroxeado, com margens marrom-avermelhadas e padrões altamente variáveis. Inicialmente, as lesões são elípticas, podendo coalescer, tornar-se acinzentadas e evoluir para padrões alongados e irregulares (Sun et al., 2020; Ramos et al., 2026). Além disso, são menores, mais estreitas e irregulares do que as lesões de NCLB (Nsibo et al., 2024). Segundo DeChant et al. (2017), doenças com lesões maiores e mais uniformes tendem a apresentar melhor desempenho em modelos baseados em imagens. Assim, a variabilidade morfológica de MHM pode dificultar sua identificação automatizada, especialmente quando diferentes estágios de infecção coexistem na mesma folha.

A literatura indica que estruturas pequenas, de baixo contraste ou pouco definidas são mais difíceis de detectar, aumentando a probabilidade de confusão entre lesões e regiões de fundo (Wiesner-Hanks et al., 2018; Nikouei et al., 2025; Shoaib et al., 2025). No presente estudo, essa dificuldade foi refletida tanto em lesões não detectadas quanto em regiões de fundo incorretamente classificadas como Doença, conforme mostrado pela matriz de confusão (Figura 5). Do ponto de vista fitopatológico, entretanto, pequenas lesões apresentam impacto limitado sobre a severidade total, que é determinada principalmente pela proporção da área foliar afetada (Madden et al., 2007; Bock et al., 2010; Del Ponte et al., 2017). Portanto, a menor sensibilidade a lesões muito pequenas apresenta impacto limitado sobre a eficiência de seleção de genótipos resistentes a MHM.

Embora esse impacto seja limitado para a estimativa da severidade, a ocorrência de falsos positivos e lesões não detectadas evidencia a necessidade de aprimorar a capacidade do modelo de distinguir lesões verdadeiras de regiões não afetadas pela doença. Regiões da imagem com características visuais semelhantes às lesões podem interferir no reconhecimento dos sintomas e, nesse contexto, o uso de um fundo uniforme, preferencialmente preto, combinado com um controle cuidadoso das condições de aquisição das imagens, pode contribuir para a redução desses erros. Essas condições incluem iluminação difusa e uniforme, com intensidade constante, para minimizar sombras, reflexos e variações na coloração das folhas, bem como a manutenção de configurações fixas da câmera e de um sistema padronizado de aquisição de imagens (Christ et al., 2026). Além do controle das condições de aquisição, o uso de um limiar de confiança, como aquele aplicado ao conjunto de teste (0,25), pode ajudar a restringir predições de baixa confiança e limitar falsos positivos na classe Doença sem comprometer a sensibilidade do modelo.

Para a segmentação da classe Doença, o modelo demonstrou boa capacidade de representar espacialmente as lesões, embora a delimitação de suas bordas tenha permanecido mais desafiadora. Conforme mostrado na Figura 6, as máscaras preditas cobriram adequadamente as regiões afetadas, mas nem sempre reproduziram com precisão os contornos das anotações, o que pode ter contribuído para os menores valores das métricas de sobreposição, como IoU e Dice. Ainda assim, as regiões afetadas foram representadas de forma satisfatória, sugerindo

que pequenas imprecisões nos contornos tiveram impacto limitado sobre a quantificação da severidade da doença.

Estudos utilizando modelos de *deep learning* para identificação, classificação e segmentação de doenças foliares em milho têm demonstrado elevado potencial. Stewart et al. (2019) obtiveram precisão de 0,96 e IoU médio de 0,73 para segmentação de NCLB utilizando Mask R-CNN em imagens adquiridas em campo por UAV. Resultados semelhantes foram relatados por Rai e Pahuja (2024), utilizando Attention U-Net em imagens de campo (IoU ≈ 0,72; F1 > 0,85). Para MHM, abordagens de classificação também apresentaram alto desempenho. Haque et al. (2021) alcançaram acurácia superior a 99% na distinção entre folhas sadias e infectadas, enquanto Yin et al. (2022) classificaram imagens em cinco níveis discretos de severidade, alcançando acurácia de 97,12%. Entretanto, essas abordagens não realizam a delimitação espacial das lesões nem fornecem diretamente uma estimativa contínua da área afetada. Mais recentemente, Sun et al. (2026) desenvolveram o BPNet para segmentação em nível de pixel de lesões de MHM, alcançando IoU de 0,73 e coeficiente Dice de 0,84 em imagens adquiridas sob condições altamente padronizadas. Embora obtidos sob diferentes condições experimentais, esses valores foram apenas moderadamente superiores aos observados no presente estudo, mesmo com uma arquitetura especializada e mecanismos voltados à delimitação de bordas, reforçando que a morfologia irregular e as bordas pouco definidas das lesões continuam sendo desafios para a segmentação de MHM.

Ao comparar a avaliação visual com as estimativas do modelo (Figura 7A), foram observadas fortes correlações entre os métodos (r = 0,79–0,82). Resultados semelhantes foram relatados por Lee et al. (2021), que encontraram correlação de r = 0,76 entre a AUDPC baseada na severidade visual de tar spot e a AUDPC derivada da contagem de estromas obtida por meio do Mask R-CNN. Clohessy et al. (2021) também observaram forte correlação (r = 0,78) entre avaliações visuais e estimativas baseadas em CNN da severidade de Tomato spotted wilt virus. Embora prática e de fácil aplicação, a avaliação visual está sujeita a vieses relacionados à experiência do avaliador, às condições ambientais e à fadiga durante as avaliações (Bock et al., 2020), fatores que podem contribuir para as diferenças entre os métodos.

Ao analisar as correlações dentro de cada método, comparando os dados brutos e transformados, foi observada forte associação entre os cenários. As correlações Modelo × Modelo_adj (r = 0,96) e Visual × Visual_adj (r = 0,90) indicaram elevada preservação da estrutura dos dados após o ajuste estatístico. Esse padrão também foi observado nos coeficientes de determinação genotípica (H^2). Nos dados brutos, o modelo apresentou $H^2 = 0,52$ e a avaliação visual $H^2 = 0,34$, enquanto, após a transformação, esses valores aumentaram para 0,61 e 0,45, respectivamente. O aumento de H^2 após a transformação pode ser atribuído à melhoria da distribuição dos resíduos e à redução da variação residual em relação à variação genotípica (Box e Cox, 1964). A maior proporção da variação atribuída aos genótipos na avaliação baseada em imagens indica maior confiabilidade na discriminação entre os materiais (Cruz et al., 2012).

A análise de agrupamento de Scott–Knott (Figura 7B) mostrou que o método de avaliação influenciou o ranqueamento dos genótipos. Embora tenha sido observada alta concordância entre os métodos, diferentes estratégias de fenotipagem e abordagens de processamento dos dados resultaram em variações na classificação dos genótipos quanto à resistência a *B. maydis*. Essas variações indicam que diferenças na forma como a severidade é quantificada podem alterar a classificação dos materiais, com implicações diretas para a seleção de genótipos (El Jarroudi et al., 2015; Bock et al., 2020).

Embora a correlação de Pearson tenha indicado forte associação entre os métodos, o CCC revelou concordância moderada nos dados brutos, acompanhada de maiores valores de MAE e RMSE. Após a transformação dos dados, o aumento do CCC e a redução de MAE e RMSE indicaram maior proximidade entre as estimativas. Esses resultados reforçam que uma forte associação não implica necessariamente elevada concordância entre métodos de avaliação.

A análise de Bland–Altman (Figura 8) permitiu caracterizar a direção dessas diferenças, revelando uma tendência de o modelo fornecer valores de severidade superiores aos da avaliação visual. Essa diferença foi mais pronunciada em níveis mais elevados de severidade, sugerindo um possível viés proporcional. A avaliação de doenças foliares em programas de melhoramento ainda é amplamente baseada em escalas diagramáticas, como a proposta por James (1971), frequentemente utilizada para *B. maydis* (Saluci et al., 2023; Ferreira et al., 2024; Saluci et al., 2024). Parte da discrepância entre os métodos pode estar

associada às características inerentes da avaliação visual, uma vez que escalas com níveis discretos de referência podem limitar a representação contínua da severidade e aumentar a dependência do julgamento do avaliador.

As diferenças observadas entre os métodos também se refletiram no desempenho de seleção, que variou de acordo com o cenário analítico. Nos dados brutos, o modelo apresentou acurácia ligeiramente superior à avaliação visual (0,59 vs. 0,58), enquanto, após a transformação, a avaliação visual apresentou maior acurácia (0,67 vs. 0,64). Nas comparações cruzadas, Modelo_adj apresentou maior acurácia do que a avaliação visual não transformada (0,62 vs. 0,58), enquanto Modelo × Visual_adj apresentou o padrão oposto (0,58 vs. 0,67). Esse comportamento também foi observado para a eficiência relativa de seleção (ER), que variou de 88% a 110%, com valores superiores a 100% para Modelo_adj × Visual (110%) e Modelo × Visual (102%). Segundo Falconer e Mackay (1996), a eficiência da seleção indireta pode igualar ou superar a da seleção direta quando a característica secundária apresenta maior determinação genética e forte correlação com a característica-alvo. Em conjunto com os maiores coeficientes de determinação genotípica obtidos para o modelo, esses resultados indicam que a fenotipagem baseada em CNN pode proporcionar desempenho de seleção comparável ao da avaliação visual e, em alguns cenários analíticos, maior eficiência na discriminação entre genótipos.

Esses resultados destacam o potencial da fenotipagem digital para a identificação de genótipos resistentes a *B. maydis*. O modelo proposto poderia ser incorporado às etapas de triagem sob condições controladas, promovendo maior uniformidade na expressão dos sintomas e podendo anteceder ou complementar as avaliações de campo (Langstroff et al., 2022). Seu uso permitiria a quantificação automatizada da severidade em grandes conjuntos de genótipos, reduzindo a dependência da avaliação visual e auxiliando na confirmação da resistência de materiais avaliados em condições de campo, nas quais variações na pressão de inóculo e nas condições ambientais podem interferir no desenvolvimento do patógeno e na expressão dos sintomas, potencialmente afetando a classificação dos genótipos (Bedendo et al., 2018). Nesse contexto, os resultados sustentam o uso da fenotipagem baseada em CNN como substituta da avaliação visual durante etapas padronizadas de triagem de resistência sob condições controladas, particularmente quando um grande número de genótipos precisa ser avaliado. Essa

aplicação amplia o potencial do modelo como ferramenta de apoio à seleção de materiais resistentes em programas de melhoramento.

Apesar de seu desempenho promissor, algumas limitações permanecem. Foi observada menor sensibilidade na detecção de lesões muito pequenas e de baixo contraste, um desafio recorrente em tarefas de segmentação de doenças foliares. Para superar essa limitação, estudos futuros devem ampliar e diversificar o conjunto de dados, incorporar sintomas causados por diferentes raças e isolados de *B. maydis* e avaliar arquiteturas alternativas de *deep learning*. Essas estratégias podem aumentar a sensibilidade a lesões iniciais, a robustez do modelo e sua capacidade de generalização. Considerando que aplicações baseadas em CNN para *B. maydis* ainda são incipientes, pesquisas adicionais são necessárias para consolidar e ampliar o uso dessas abordagens na avaliação da doença.

3.2.6 CONCLUSÃO

O modelo de visão computacional possibilitou a detecção, a segmentação e a quantificação automatizadas da severidade da mancha foliar causada por *B. maydis* em milho-pipoca, produzindo estimativas consistentes com a avaliação visual e maior estabilidade na discriminação entre os genótipos. O método de fenotipagem influenciou o ranqueamento dos genótipos quanto à resistência, demonstrando que a abordagem de avaliação pode afetar diretamente as decisões de seleção. Nesse contexto, a maior padronização proporcionada pela análise de imagens favorece comparações mais consistentes entre os genótipos. Assim, a abordagem proposta representa uma ferramenta promissora para a avaliação da MHM e para a seleção de genótipos resistentes em programas de melhoramento de milho-pipoca.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abade, A., Ferreira, P., Vidal, F. (2021) Plant diseases recognition on images using convolutional neural networks: a systematic review. *Computers and Electronics in Agriculture* 185:106125.

Abdullah, S.A. (2021) Nutritional value and quality standard of popcorn cooked by microwave and conventional heating. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 910:012035.

Abid, M.S.Z., Jahan, B., Al Mamun, A., Hossen, M.J., Mazumder, S.H. (2024) Bangladeshi crops leaf disease detection using YOLOv8. *Heliyon* 10(18):e37998.

AGROFIT (2026) Sistema de agrotóxicos fitossanitários. Disponível em: http://extranet.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons. Acesso em: 04 jul. 2026.

Akinwale, R.O., Badu-Apraku, B., Fakorede, M.A.B., Vroh-Bi, I. (2014) Heterotic grouping of tropical early-maturing maize inbred lines based on combining ability in Striga-infested and Striga-free environments and the use of SSR markers for genotyping. *Field Crops Research* 156:48-62.

Aldakheel, E.A., Zakariah, M., Alabdalall, A.H. (2024) Detection and identification of plant leaf diseases using YOLOv4. *Frontiers in Plant Science* 15:1355941.

Ali, F., Yan, J. (2012) Disease resistance in maize and the role of molecular breeding in defending against global threat. *Journal of Integrative Plant Biology* 54(3):134-151.

Allard, R.W. (1999) Principles of Plant Breeding. 2. ed. New York: John Wiley & Sons, 264p.

Almeida, R.N. (2022) Pré-seleção de linhagens de milho-pipoca para resistência à podridão de espigas ocasionada por *Fusarium* sp. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes, RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 102p.

Almeida, R.N., Vivas, M., Ribeiro, N.M.O., Saluci, J.C.G., Valadares, F.V., Vasconcelos, L.C., Amaral Junior, A.T. (2023) *Fusarium* ear rot resistance in South American popcorn lines. *Tropical Plant Pathology* 48:656-666.

Almeida, R.N., Vivas, M., Santos Junior, D.R., Saluci, J.C.G., Carlos, M.C., Santos, J.S., Amaral Junior, A.T. (2021) Combining abilities analysis for ear rot resistance in popcorn hybrids development. *Revista Ceres* 68(1):61-70.

Almeida, R.N., Vivas, M., Souza, Y.P., Saluci, J.C.G., Vasconcelos, L.C., Amaral Junior, A.T. (2024) Proposal of a super trait for increased grain yield, popping expansion, and ear rot resistance in popcorn. *Crop Science* 64:2789-2800.

Alzubaidi, L., Zhang, J., Humaidi, A.J., Al-Dujaili, A., Duan, Y., Al-Shamma, O., Santamaría, J., Fadhel, M.A., Al-Amidie, M., Farhan, L. (2021) Review of deep learning: concepts, CNN architectures, challenges, applications, future directions. *Journal of Big Data* 8(1):53.

Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., Freitas Júnior, S.P., Candido, L.S., Vittorazzi, C., Pena, G.F., Ribeiro, R.M., Silva, T.R.C., Pereira, M.G., Scapim, C.A., Viana, A.P., Carvalho, G.F. (2013) UENF 14: a new popcorn cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 13(3):218-220.

Angelotti, F., Hamada, E., Bettiol, W. (2024) A comprehensive review of climate change and plant diseases in Brazil. *Plants* 13:2447.

Araus, J.L., Cairns, J.E. (2014) Field high-throughput phenotyping: the new crop breeding frontier. *Trends in Plant Science* 19(1):52-61.

Aregbesola, E., Ortega-Beltran, A., Falade, T., et al. (2020) A detached leaf assay to rapidly screen for resistance of maize to *Bipolaris maydis*, the causal agent of southern corn leaf blight. *European Journal of Plant Pathology* 156:133-145.

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.

Badu-Apraku, B., Annor, B., Oyekunle, M., Akinwale, R.O., Fakorede, M.A.B., Talabi, A.O., Akaogu, I.C., Melaku, G., Fasanmade, Y. (2015) Grouping of early maturing quality protein maize inbreds based on SNP markers and combining ability under multiple environments. *Field Crops Research* 183:169-183.

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

Badu-Apraku, B., Fakorede, M.A.B., Gedil, M., Annor, B., Talabi, A.O., Akaogu, I.C., Oyekunle, M., Akinwale, R.O., Fasanmade, T.Y. (2016) Heterotic patterns of IITA and CIMMYT early-maturing yellow maize inbreds under contrasting environments. *Agronomy Journal* 108:1321-1336.

Badu-Apraku, B., Oyekunle, M., Fakorede, M.A.B., Vroh, I., Akinwale, R.O., Aderounmu, M. (2013) Combining ability, heterotic patterns and genetic diversity of extra-early yellow inbreds under contrasting environments. *Euphytica* 192:413-433.

Bai, Y., Shi, L., Zha, Y., Liu, S., Nie, C., Xu, H., Yang, H., Shao, M., Yu, X., Cheng, M., Liu, Y. (2023) Estimating leaf age of maize seedlings using UAV-based RGB and multispectral images. *Computers and Electronics in Agriculture* 215:108349.

Barbedo, J.G.A. (2016) A review on the main challenges in automatic plant disease identification based on visible range images. *Biosystems Engineering* 144:52-60.

Barbedo, J.G.A. (2018) Factors influencing the use of deep learning for plant disease recognition. *Biosystems Engineering* 172:84-91.

Barbedo, J.G.A. (2022) Deep learning applied to plant pathology: the problem of data representativeness. *Tropical Plant Pathology* 47:85-94.

Barrett, B.A., Kidwell, K.K. (1998) AFLP-based genetic diversity assessment among wheat cultivars from the Pacific North-west. *Crop Science* 38:1261-1271.

Bedendo, I.P., Amorim, L., Mattos Junior, D. (2018) Ambiente e doença. In: Amorim, L., Rezende, J.A.M., Bergamin Filho, A. (eds.) *Manual de fitopatologia: princípios e conceitos*. 5. ed. Ouro Fino, MG: *Agronômica Ceres*, v. 1, p. 93-102.

Bernardo, R. (2020) Breeding for Quantitative Traits in Plants. 3. ed. Woodbury: Stemma Press.

Blacutt, A.A., Gold, S.E., Voss, K.A., Gao, M., Glenn, A.E. (2018) *Fusarium verticillioides*: advancements in understanding the toxicity, virulence, and niche adaptations of a model mycotoxigenic pathogen of maize. *Phytopathology* 108(3):312-326.

Bock, C.H., Barbedo, J.G.A., Del Ponte, E.M., Bohnenkamp, D., Mahlein, A.K. (2020) From visual estimates to fully automated sensor-based measurements of plant disease severity: status and challenges for improving accuracy. *Phytopathology Research* 2:9.

Bock, C.H., Poole, G.H., Parker, P.E., Gottwald, T.R. (2010) Plant disease severity was estimated visually, by digital photography and image analysis, and by hyperspectral imaging. *Critical Reviews in Plant Sciences* 29(2):59-107.

Box, G.E.P., Cox, D.R. (1964) An analysis of transformations. Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological) 26:211-243.

Bruns, H.A. (2017) Southern corn leaf blight: a story worth retelling. *Agronomy Journal* 109(4):1218-1224.

Burnette, D., White, D. (1985) Inheritance of resistance to *Bipolaris maydis* race O. *Phytopathology* 75:1195-1200.

Camargo, L.E.A. (2018) Controle genético. In: Amorim, L., Rezende, J.A.M., Bergamin Filho, A. (eds.) *Manual de Fitopatologia: princípios e conceitos*. 5. ed. Ouro Fino, MG: *Agronômica Revista Ceres*, v. 1, p. 229-238.

Caranhato, A.L.H., Trindade, R.W.R., Uhdre, R.S., Pinto, R.J.B., Scapim, C.A., Paterniani, M.E.A.G.Z. (2022) Genetic improvement in popcorn. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo* 21:e1272.

Carion, N., Gustafson, L., Hu, Y.T., Debnath, S., Hu, R., Suris, D., Ryali, C., Alwala, K.V., Khedr, H., Huang, A., Lei, J., Ma, T., Guo, B., Kalla, A., Marks, M., Greer, J., Wang, M., Sun, P., Rädle, R., Afouras, T., Mavroudi, E., Xu, K., Wu, T.H., Zhou, Y., Momeni, L., Hazra, R., Ding, S., Vaze, S., Porcher, F., Li, F., Li, S., Kamath, A., Cheng, H.K., Dollár, P., Ravi, N., Saenko, K., Zhang, P., Feichtenhofer, C. (2025) SAM 3: Segment Anything with Concepts. *arXiv* 2511.16719. In: International conference on learning representations (ICLR), p. 138846-138923.

Carson, M.L., Stuber, C.W., Senior, M.L. (2004) Identification and mapping of quantitative trait loci conditioning resistance to southern leaf blight of maize caused by *Cochliobolus heterostrophus* race O. *Phytopathology* 94(8):862-867.

Carvalho, M.S.N., Mangolin, C.A., Scapim, C.A., Silva, T.A., Machado, M.F.P.S. (2013) A collection of popcorn as a reservoir of genes for the generation of lineages. *Molecular Biotechnology* 53:300-307.

Castro, C.R., Gonçalves, L.S.A., Pinto, R.J.B., Scapim, C.A., Baba, V.Y., Zeffa, D.M., Kuki, M.C. (2022) Genetic diversity and diallel analysis of elite popcorn lines. *Revista Ciência Agronômica* 53:e20207698.

Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (1994) *Managing trials and reporting data for CIMMYT's international maize testing program*. Mexico: CIMMYT, 23p.

Chen, G., Xiao, Y., Dai, S., Dai, Z., Wang, X., Li, B., Jaqueth, J.S., Li, W., Lai, Z., Ding, J., Yan, J. (2023) Genetic basis of resistance to southern corn leaf blight in the maize multi-parent population and diversity panel. *Plant Biotechnology Journal* 21(3):506-520.

Chen, J., Shrestha, R., Ding, J., Zheng, H., Mu, C., Wu, J., Mahuku, G. (2016) Genome-wide association study and QTL mapping reveal genomic loci associated with *Fusarium* ear rot resistance in tropical maize germplasm. *G3: Genes, Genomes, Genetics* 6(12):3803-3815.

Christ, M., Tabatabaei, S.A.H., Ostwald, N., Seifert, O., Elizalde, I.R., Klemm, P., Thölken, C., Lechner, M., Faridnia, N., Bange, G., Sohrabi, K. (2026) A low-cost "plant-scanner" platform for automated detection of *Ustilago maydis* infection in maize using deep learning. *Scientific Reports* 16:21644.

Clohessy, J.W., Sanjel, G.K., O'Brien, G.K., Barocco, R., Kumar, S., Adkins, S., Tillman, B., Wright, D.L., Small, I.M. (2021) Development of a high-throughput plant disease symptom severity assessment tool using machine learning image analysis and integrated geolocation. *Computers and Electronics in Agriculture* 184:106089.

Clóvis, L.R., Pinto, R.J.B., Uhdre, R.S., Rosa, J.C., Zeni Neto, H., Vivas, M., Amaral Júnior, A.T. (2021) Overall heritability in popcorn estimated by meta-analysis. *Acta Scientiarum. Agronomy* 43:e53721. (SciELO)

Coan, M.M.D., Senhorinho, H.J.C., Pinto, R.J.B., Scapim, C.A., Tessmann, D.J., Williams, W.P., Warburton, M.L. (2018) Genome-wide association study of resistance to ear rot by *Fusarium verticillioides* in a tropical field maize and popcorn core collection. *Crop Science* 58(2):564-578.

Cogswell, M., Ahmed, F., Girshick, R., Zitnick, L., Batra, D. (2015) Reducing overfitting in deep networks by decorrelating representations. *arXiv* 1511.06068.

Condon, B.J., Elliott, C., González, J.B., Yun, S.H., Akagi, Y., Wiesner-Hanks, T., Kodama, M., Turgeon, B.G. (2018) Clues to an evolutionary mystery: the genes for T-toxin, enabler of the devastating 1970 southern corn leaf blight epidemic, are present in ancestral species, suggesting an ancient origin. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 31(11):1154-1165.

Corwin, J.A., Kliebenstein, D.J. (2017) Quantitative resistance: more than just perception of a pathogen. *The Plant Cell* 29(4):655-665.

Cruz, C.D. (2016) Genes Software—extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum. Agronomy* 38:547-552.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, v. 1, 514p.

Czembor, E., Waśkiewicz, A., Piechota, U., Puchta, M., Czembor, J.H., Stępień, L. (2019) Differences in ear rot resistance and *Fusarium verticillioides*-produced fumonisin contamination between Polish currently and historically used maize inbred lines. *Frontiers in Microbiology* 10:449.

DeChant, C., Wiesner-Hanks, T., Chen, S., Stewart, E.L., Yosinski, J., Gore, M.A., Nelson, R.J., Lipson, H. (2017) Automated identification of northern leaf blight-infected maize plants from field imagery using deep learning. *Phytopathology* 107(11):1426-1432.

Del Ponte, E.M., Pethybridge, S.J., Bock, C.H., Michereff, S.J., Machado, F.J., Spolti, P. (2017) Standard area diagrams for aiding severity estimation: scientometrics, pathosystems, and methodological trends in the last 25 years. *Phytopathology* 107(10):1161-1174.

Dofing, S.M., D'Croz-Mason, N., Thomas-Compton, M.A. (1991) Inheritance of expansion volume and yield in two popcorn × dent corn crosses. *Crop Science* 31(3):715-718.

Editora Gazeta (2020) Mato Grosso lidera também no milho-pipoca. Santa Cruz do Sul, RS. Disponível em: https://www.editoragazeta.com.br/mato-grosso-lidera-tambem-no-milho-pipoca/. Acesso em: 14 jan. 2022.

El Jarroudi, M., Kouadio, A.L., Mackels, C., Tychon, B., Delfosse, P., Bock, C.H. (2015) A comparison between visual estimates and image analysis measurements to determine Septoria leaf blotch severity in winter wheat. *Plant Pathol.* 64:355-364.

Elliott, K., Berry, J.C., Kim, H., Bart, R.S. (2022) A comparison of ImageJ and machine learning-based image analysis methods to measure cassava bacterial blight disease severity. *Plant Methods* 18:86.

Facco, D.B., Hammerschmitt, R.K., Griesang, J., Semler, T., Silva, I.C.B. da, Somavilla, A. (2025) Desempenho agronômico de milho-pipoca no CTECNO Parecis, região oeste de Mato Grosso, safra 2024/25. Boletim Técnico CTECNO Parecis, 10. Cuiabá: Associação dos Produtores de Soja e Milho do Estado de Mato Grosso.

Falconer, D.S. (1960) Introduction to quantitative genetics. 1. ed. New York: Ronald Press, 384p.

Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996) Introduction to quantitative genetics. 4. ed. Harlow: Longman Group Ltd.

Fan, X.M., Chen, H.M., Tan, J., Xu, C.X., Zhang, Y.M., Huang, Y.X., Kang, M.S. (2008) A new maize heterotic pattern between temperate and tropical germplasms. *Agronomy Journal* 100:917-923.

Ferreira, C.M., Saluci, J.C.G., Vivas, M., Santos, J.S., Andrade Junior, M.S., Vivas, J.M.S., Ramos, G.K.S., Gravina, G.A. (2024) Characterization of *Bipolaris maydis*: symptoms and pathogenicity in popcorn genotypes (*Zea mays* L.). *Brazilian Journal of Biology* 84:e256799.

Food and Agriculture Organization of the United Nations (2022) FAO's plant production and protection division. Rome: FAO.

Freitas Júnior, S.P., Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G., Cruz, C.D., Scapim, C.A. (2006) Capacidade combinatória em milho-pipoca por meio de dialelo circulante. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 41(11):1599-1607.

Fritsche-Neto, R., Resende, R.T., Olivoto, T., Garcia-Abadillo, J., Nascimento, M., Bahia, M.A.M., Jarquin, D., Vieira, R.A. (2025) Prediction-based breeding: modern tools to optimize and reshape programs. *Crop Science* 65:e70175.

Furbank, R.T., Tester, M. (2011) Phenomics—technologies to relieve the phenotyping bottleneck. *Trends in Plant Science* 16(12):635-644.

Gabriel, L.C., Pereira, C.B., Bavia, G.P., Coan, M., Donel, A.A., Tessmann, D.J., Scapim, C.A. (2018) Avaliação da resistência de genótipos de milho-pipoca ao

acúmulo de fumonisinas e à podridão de *Fusarium* da espiga. *Summa Phytopathologica* 44(3):286-288.

Gai, Y., Wang, H. (2024) Plant disease: a growing threat to global food security. *Agronomy* 14:1615.

Gaikpa, D.S., Miedaner, T. (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.

Gill, T., Gill, S.K., Saini, D.K., Chopra, Y., de Koff, J.P., Sandhu, K.S. (2022) A comprehensive review of high-throughput phenotyping and machine learning for plant stress phenotyping. *Phenomics* 2(3):156-183.

Glazebrook, J. (2005) Contrasting mechanisms of defense against biotrophic and necrotrophic pathogens. *Annual Review of Phytopathology* 43:205-227.

Goodfellow, I., Bengio, Y., Courville, A. (2016) Deep learning. Cambridge: MIT Press.

Gopinath, I., Hossain, F., Thambiyannan, S., Sharma, N., Duo, H., Kasana, R.K., Katral, A., Devlash, R., Veluchamy, S.S.K.R., Zunjare, R.U., Sekhar, J.C., Guleria, S.K., Rajasekaran, R., Muthusamy, V. (2024) Unraveling popping quality through insights on kernel physical, agro-morphological, and quality traits of diverse popcorn (*Zea mays* var. everta) inbreds from indigenous and exotic germplasm. *Food Research International* 191:114676.

Griffing, B. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences* 9:463-493.

Gu, J., Wang, Z., Kuen, J., Ma, L., Shahroudy, A., Shuai, B., Liu, T., Wang, X., Wang, G., Cai, J., Chen, T. (2018) Recent advances in convolutional neural networks. *Pattern Recognition* 77:354-377.

Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.B. (2010) Quantitative genetics in maize breeding. 3. ed. New York: Springer, 663p.

Haque, M.A., Marwaha, S., Arora, A., Paul, R.K., Hooda, K.S., Sharma, A., Grover, M. (2021) Image-based identification of maydis leaf blight disease of maize (*Zea*

mays) using deep learning. *The Indian Journal of Agricultural Sciences* 91(9):1362-1369.

He, K., Gkioxari, G., Dollár, P., Girshick, R. (2017) Mask R-CNN. In: 2017 IEEE International Conference on Computer Vision. Venice: IEEE, p. 2980-2988.

Henry, W.B., Williams, W.P., Windham, G.L., Hawkins, L.K. (2009) Evaluation of maize lines for resistance to *Aspergillus* and *Fusarium* ear rot and mycotoxin accumulation. *Agronomy Journal* 101:1219-1226.

Hickey, L.T., Hafeez, A.N., Robinson, H., Jackson, S.A., Leal-Bertioli, S.C.M., Tester, M., Gao, C., Godwin, I.D., Hayes, B.J., Wulff, B.B.H. (2019) Breeding crops to feed 10 billion. *Nature Biotechnology* 37(7):744-754.

Horst, R.K. (2001) Westcott's plant disease handbook. 6. ed. Boston: Kluwer Academic Publishers.

Hoseney, R.C., Zeleznak, K., Abdelrahman, A. (1983) Mechanism of popcorn popping. *Journal of Cereal Science* 1(1):43-52.

Hussain, H., Raziq, F., Khan, I., Shah, B., Altaf, M., Attaullah, Ullah, W., Naeem, A., Adnan, M., Junaid, K., Shah, S.R.A., Iqbal, M. (2016) Effect of *Bipolaris maydis* (Y. Nisik & C. Miyake) Shoemaker at various growth stages of different maize cultivars. *Journal of Entomology and Zoology Studies* 4(4):439-444.

James, W.C. (1971) A manual of assessment keys for plant diseases. St. Paul: American Phytopathological Society.

Jeevan, B., Gogoi, R., Sharma, D., Manjunatha, C., Rajashekara, H., Ram, D., Mishra, K.K., Mallikarjuna, M.G. (2020) Genetic analysis of maydis leaf blight resistance in subtropical maize (*Zea mays* L.) germplasm. *Journal of Genetics* 99:89.

Jiang, Y., Li, C. (2020) Convolutional neural networks for image-based high-throughput plant phenotyping: a review. *Plant Phenomics* 2020:4152816.

Kantety, R.V., Zeng, X., Bennetzen, J.L., Zehr, B.E. (1995) Assessment of genetic diversity in dent and popcorn (*Zea mays* L.) inbred lines using inter-simple sequence repeat amplification. *Molecular Breeding* 1:365-373.

Kaur, S., Kumar, B., Singh, V., Kumar, A., Rakshit, S. (2023) Genetic dissection of popping quality traits in tropical popcorn (*Zea mays* L. var. everta). *Journal of Cereal Science* 112:103700.

Kaur, S., Rakshit, S., Choudhary, M., Das, A.K., Kumar, R.R. (2021) Meta-analysis of QTLs associated with popping traits in maize (*Zea mays* L.). *PLOS ONE* 16(8):e0256389.

Krizhevsky, A., Sutskever, I., Hinton, G.E. (2012) ImageNet classification with deep convolutional neural networks. *Advances in Neural Information Processing Systems* 25:1097-1105.

Kuki, M.C., Pinto, R.J.B., Bertagna, F.A.B., Tessmann, D.J., Amaral Junior, A.T., Scapim, C.A., Holland, J.B. (2020) Association mapping and genomic prediction for ear rot disease caused by *Fusarium verticillioides* in a tropical maize germplasm. *Crop Science* 60(6):2867-2881.

Kumar, B., Choudhary, M., Kumar, K., Kumar, P., Kumar, S., Bagaria, P.K., Sharma, M., et al. (2022) Maydis leaf blight of maize: update on status, sustainable management and genetic architecture of its resistance. *Physiological and Molecular Plant Pathology* 121:101889.

Kumar, M., Shahi, J.P., Singhamsetti, A., Mahato, A., Shikha, K., Madankar, K. (2023) Elucidation of combining ability for earliness and popping expansion volume in popcorn (*Zea mays* var. everta) across different environments. *The Pharma Innovation Journal* 12(3):2811-2817.

Langstroff, A., Heuermann, M.C., Stahl, A., Junker, A. (2022) Opportunities and limits of controlled-environment plant phenotyping for climate response traits. *Theoretical and Applied Genetics* 135(1):1-16.

Lanubile, A., Maschietto, V., Borrelli, V.M., Stagnati, L., Logrieco, A.F., Marocco, A. (2017) Molecular basis of resistance to *Fusarium* ear rot in maize. *Frontiers in Plant Science* 8:1774.

LeCun, Y., Bengio, Y., Hinton, G. (2015) Deep learning. *Nature* 521:436-444.

Lee, D.Y., Na, D.Y., Góngora-Canul, C., Baireddy, S., Lane, B., Cruz, A.P., Fernández-Campos, M., Kleczewski, N.M., Telenko, D.E.P., Goodwin, S.B., Delp, E.J., Cruz, C.D. (2021) Contour-based detection and quantification of tar spot stromata using red-green-blue (RGB) imagery. *Frontiers in Plant Science* 12:675975.

Li, Y., Tao, X., Yao, L., Tang, S., Zhang, X., Tong, L., Liu, Q., Song, T., Zhang, D., Cao, Y., Zhong, T. (2025) qRfv2, a quantitative resistance locus against *Fusarium* ear rot in maize. *The Crop Journal* 13(1):41-50.

Lima, V.J., Amaral Júnior, A.T., Kamphorst, S.H., Bispo, R.B., Leite, J.T., Santos, T.O., Schmitt, K.F.M., Chaves, M.M., Oliveira, U.A., Santos, P.H.A.D. (2019) Combined dominance and additive gene effects in trait inheritance of drought-stressed and fully irrigated popcorn. *Agronomy* 9(12):782.

Lin, L.I.K. (1989) A concordance correlation coefficient to evaluate reproducibility. *Biometrics* 45:255-268.

Liu, W., He, G., Deng, X.W. (2024) Toward understanding and utilizing crop heterosis in the age of biotechnology. *iScience* 27(2):108901.

Lu, L., Xu, Z., Sun, S., Du, Q., Zhu, Z., Weng, J., Duan, C. (2020) Discovery and fine mapping of qSCR6.01, a novel major QTL conferring southern rust resistance in maize. *Plant Disease* 104(7):1918-1924.

Ludovisi, R., Tauro, F., Salvati, R., Khoury, S., Mugnozza Scarascia, G., Harfouche, A. (2017) UAV-based thermal imaging for high-throughput field phenotyping of black poplar response to drought. *Frontiers in Plant Science* 8:1681.

Madden, L.V., Hughes, G., van den Bosch, F. (2007) The study of plant disease epidemics. St. Paul: APS Press.

Mahlein, A.K. (2016) Plant disease detection by imaging sensors: parallels and specific demands for precision agriculture and plant phenotyping. *Plant Disease* 100(2):241-251.

Mahlein, A.K., Steiner, U., Hillnhütter, C., Dehne, H.W., Oerke, E.C. (2012) Hyperspectral imaging for small-scale analysis of symptoms caused by different sugar beet diseases. *Plant Methods* 8(1):3.

Manamgoda, D.S., Rossman, A.Y., Castlebury, L.A., Crous, P.W., Madrid, H., Chukeatirote, E., Hyde, K.D. (2014) The genus *Bipolaris*. *Studies in Mycology* 79:221-288.

Maschietto, V., Colombi, C., Pirona, R., Pea, G., Strozzi, F., Marocco, A., Rossini, L., Lanubile, A. (2017) QTL mapping and candidate genes for resistance to *Fusarium* ear rot and fumonisin contamination in maize. *BMC Plant Biology* 17(1):20.

Melchinger, A.E., Gumber, R.K. (1998) Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops. In: Lamkey, K.R., Staub, J.E. (eds.) Concepts and breeding of heterosis in crop plants. Madison: CSSA, p. 29-44.

Meshram, S., Gogoi, R., Bashyal, B.M., Kumar, A., Mandal, P.K., Hossain, F. (2022) Comparative transcriptome analysis of fungal pathogen *Bipolaris maydis* to understand pathogenicity behavior on resistant and susceptible non-CMS maize genotypes. *Frontiers in Microbiology* 13:837056.

Mesterházy, Á., Lemmens, M., Reid, L.M. (2012) Breeding for resistance to ear rots caused by *Fusarium* spp. in maize—a review. *Plant Breeding* 131:1-19.

Missmer, S.A., Suarez, L., Felkner, M., Wang, E., Merrill, A.H.J., 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* 114:237-241.

Moghimi, A., Pourreza, A., Zuniga-Ramirez, G., Williams, L.E., Fidelibus, M.W. (2020) A novel machine learning approach to estimate grapevine leaf nitrogen concentration using aerial multispectral imagery. *Remote Sensing* 12:3515.

Mohanty, S.P., Hughes, D.P., Salathé, M. (2016) Using deep learning for image-based plant disease detection. *Frontiers in Plant Science* 7:1419.

Moustaka, J., Moustakas, M. (2023) Early-stage detection of biotic and abiotic stress on plants by chlorophyll fluorescence imaging analysis. *Biosensors* 13(8):796.

Mundt, C.C. (2014) Durable resistance: a key to sustainable management of pathogens and pests. *Infection, Genetics and Evolution* 27:446-455.

Munkvold, G.P. (2003) Epidemiology of *Fusarium* diseases and their mycotoxins in maize ears. *European Journal of Plant Pathology* 109:705-713.

Murphy, K.M., Ludwig, E., Gutierrez, J., Gehan, M.A. (2024) Deep learning in image-based plant phenotyping. *Annual Review of Plant Biology* 75(1):771-795.

Mutka, A.M., Bart, R.S. (2015) Image-based phenotyping of plant disease symptoms. *Frontiers in Plant Science* 5:734.

Nadeem, A., Hussain, S., Fareed, A., Fahim, M., Iqbal, T., Ahmad, Z., Saeedullah, Karim, R., Akbar, A. (2024) Genetic variations among the isolates of *Bipolaris maydis* based on phenotypic and molecular markers. *Brazilian Journal of Biology* 84:e253147.

Nelson, R., Wiesner-Hanks, T., Wisser, R., Balint-Kurti, P. (2018) Navigating complexity to breed disease-resistant crops. *Nature Reviews Genetics* 19(1):21-33.

Nikouei, M., Baroutian, B., Nabavi, S., Taraghi, F., Aghaei, A., Sajedi, A., Moghaddam, E.M. (2025) Small object detection: a comprehensive survey on challenges, techniques and real-world applications. *Intelligent Systems with Applications* 1:200561.

Niks, R.E., Qi, X., Marcel, T.C. (2015) Quantitative resistance to biotrophic filamentous plant pathogens: concepts, misconceptions, and mechanisms. *Annual Review of Phytopathology* 53:445-470.

Nsibo, D.L., Barnes, I., Berger, D.K. (2024) Recent advances in the population biology and management of maize foliar fungal pathogens *Exserohilum turcicum*, *Cercospora zeina* and *Bipolaris maydis* in Africa. *Frontiers in Plant Science* 15:1404483.

Olayiwola, M.O., Ajala, S.O., Ariyo, O., Ojo, D.K., Gedil, M. (2021) Heterotic grouping of tropical maize inbred lines and their hybrid performance under stem borer infestation and low soil nitrogen condition in West and Central Africa. *Euphytica* 217:14.

Oliveira, G.H.F., Murray, S.C., Cunha Júnior, L.C., Lima, K.M.G., Morais, C.L.M., Teixeira, G.H.A., Môro, G.V. (2020) Estimation and classification of popping expansion capacity in popcorn breeding programs using NIR spectroscopy. *Journal of Cereal Science* 91:102861.

Olivoto, T., Lúcio, A.D.C., Silva, J.A.G. da, Marchioro, V.S., Souza, V.Q. de, Jost, E. (2019b) Mean performance and stability in multi-environment trials I: combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal* 111:2949-2960.

Olivoto, T., Lúcio, A.D.C., Silva, J.A.G. da, Sari, B.G., Diel, M.I. (2019a) Mean performance and stability in multi-environment trials II: selection based on multiple traits. *Agronomy Journal* 111:2961-2969.

Oyetunde, O.A., Badu-Apraku, B., Ariyo, O.J., Alake, C.O. (2020) Efficiencies of heterotic grouping methods for classifying early maturing maize inbred lines. *Agronomy* 10:1198.

Paterniani, M.E.A.G.Z., Fachini, C., Rodrigues, C.S. (2020) Innovation and specialty maize breeding for market niches in the state of São Paulo. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo* 19:1-19.

Pearson, K. (1896) Mathematical contributions to the theory of evolution. III. Regression, heredity, and panmixia. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London A* 187:253-318.

Peng, Y., Li, S.J., Yan, J., Tang, Y., Cheng, J.P., Gao, A.J., Yao, X., Ruan, J.J., Xu, B.L. (2021) Research progress on phytopathogenic fungi and their role as biocontrol agents. *Frontiers in Microbiology* 12:670135.

Pereira Filho, I.A., Cruz, J.C., Pacheco, C.A.P., Costa, R.V. (2021) *Árvore do Conhecimento: milho-pipoca*. Brasília, DF: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

Pereira, H.S., Vivas, M., Souza, Y.P., Almeida, R.N., Santos, G.R., Gonçalves, G.M.B., Saluci, J.C.G., Souza, R.F., Souza, A.L.R. (2025) Impact of *Fusarium* sp. severity and agronomic traits on popcorn popping expansion. *Agronomy Journal* 117(5):e70187.

Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. (2001) Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 1(1):3-10.

Perez-Sanz, F., Navarro, P.J., Egea-Cortines, M. (2017) Plant phenomics: an overview of image acquisition technologies and image data analysis algorithms. *GigaScience* 6(11):1-17.

Pieruschka, R., Schurr, U. (2019) Plant phenotyping: past, present, and future. *Plant Phenomics* 2019:7507131.

Pimentel, G. F. (1990) *Curso de estatística experimental*. 13. ed. Piracicaba: Nobel, 468p.

Poland, J.A., Nelson, R.J. (2011) In the eye of the beholder: the effect of rater variability and different rating scales on QTL mapping. *Phytopathology* 101(3):290-298.

Qian, X., Zhang, C., Chen, L., Li, K. (2022) Deep learning-based identification of maize leaf diseases is improved by an attention mechanism: self-attention. *Frontiers in Plant Science* 13:864486.

R Core Team (2025) *R: a language and environment for statistical computing*. Version 4.5.0. Vienna: R Foundation for Statistical Computing.

Rahaman, M., Chen, D., Gillani, Z., Klukas, C., Chen, M. (2015) Advanced phenotyping and phenotype data analysis for the study of plant growth and development. *Frontiers in Plant Science* 6:619.

Rai, C.K., Pahuja, R. (2024) Northern maize leaf blight disease detection and segmentation using deep convolutional neural networks. *Multimedia Tools and Applications* 83(23):19415-19432.

Ramos, G.K.S., Vivas, M., Saluci, J.C.G., Andrade Júnior, M.S., Oliveira, A.B.N., Vivas, J.M.S., Gravina, G.A., Pinho, D.B., Almeida, R.N. (2026) Pathogenicity of *Bipolaris* species associated with southern corn leaf blight disease in Brazil. *Int. J. Pest Manag.* Publicação antecipada.

Redmon, J., Divvala, S., Girshick, R., Farhadi, A. (2016) You only look once: unified, real-time object detection. In: Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. Las Vegas: IEEE, p. 779-788.

Ristaino, J.B., Anderson, P.K., Bebber, D.P., Brauman, K.A., Cunniffe, N.J., Fedoroff, N.V., Finegold, C., Garrett, K.A., Gilligan, C.A., Jones, C.M., Martin, M.D., MacDonald, G.K., Neenan, P., Records, A., Schmale, D.G., Tateosian, L., Wei, Q. (2021) The persistent threat of emerging plant disease pandemics to global food security. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 118(23):e2022239118.

Ronneberger, O., Fischer, P., Brox, T. (2015) U-Net: convolutional networks for biomedical image segmentation. In: Navab, N., Hornegger, J., Wells, W., Frangi, A. (eds.) Medical image computing and computer-assisted intervention – MICCAI 2015. Cham: Springer, v. 9351, p. 234-241.

Ross, P.F., Nelson, P.E., Richard, J.L., Osweiler, G.D., Rice, L.G., Plattner, R.D., Wilson, T.M. (1990) Production of fumonisins by *Fusarium moniliforme* and *Fusarium proliferatum* isolates associated with equine leukoencephalomalacia and a pulmonary edema syndrome in swine. *Applied and Environmental Microbiology* 56(10):3225-3226.

Saluci, J.C.G., Vivas, M., Almeida, R.N., Dutra, I.P., Carlos, M.C., Amaral Júnior, A.T., Scapim, C.A. (2020) Potential of popcorn S4 lines for resistance to southern corn leaf blight. *Functional Plant Breeding Journal* 2(2):79-87.

Saluci, J.C.G., Vivas, M., Almeida, R.N., Vasconcelos, L.C., Valadares, F.V., Andrade Júnior, M.S., Ramos, G.K.S., Santos, J.S. (2024) Evaluation and selection of sources of resistance in popcorn to southern corn leaf blight. *Plant Pathol.* 73(9):2147-2156.

Saluci, J.C.G., Vivas, M., Dutra, I.P., Almeida, R.N., Santos, J.S., Amaral Junior, A.T., Pelúzio, J.B.E. (2023) Sources of resistance to *Bipolaris maydis* in popcorn lines under field conditions. *European Journal of Plant Pathology* 165(3):545-557.

Santacruz-Varela, A., Widrlechner, M.P., Ziegler, K.E., Salvador, R.J., Millard, M.J., Bretting, P.K. (2004) Phylogenetic relationships among North American popcorns and their evolutionary links to Mexican and South American popcorns. *Crop Science* 44:1456-1467.

Santos Junior, D.R., Amaral Junior, A.T., Lima, V.J., Leite, J.T., Bispo, R.B., Azeredo, V.C., Almeida Filho, J.E., Kamphorst, S.H., Viana, F.N., Ribeiro, R.M., et al. (2023) Recurrent interpopulation selection in popcorn: from heterosis to genetic gains. *Plants* 12(5):1056.

Santos, J.S., Souza, Y.P., Vivas, M., Amaral Junior, A.T., Almeida Filho, J.E., Mafra, G.S., Viana, A.P., Gravina, G.A., Ferreira, F.R.A. (2020) Genetic merit of popcorn lines and hybrids for multiple foliar diseases and agronomic properties. *Functional Plant Breeding Journal* 2(2):33-47.

Sapkota, R., Karkee, M. (2024) Comparing YOLOv11 and YOLOv8 for instance segmentation of occluded and non-occluded immature green fruits in complex orchard environment. *arXiv* 2410.19869.

Sarker, I.H. (2022) AI-based modeling: techniques, applications and research issues towards automation, intelligent and smart systems. *SN Computer Science* 3:158.

Savary, S., Willocquet, L., Pethybridge, S.J., Esker, P., McRoberts, N., Nelson, A. (2019) The global burden of pathogens and pests on major food crops. *Nature Ecology & Evolution* 3:430-439.

Sawazaki, E., Paterniani, M.E.A.G.Z., Castro, J.L. de, Gallo, P.B., Galvão, J.C.C., Saes, L.A. (2000) Potencial de linhagens de populações locais de milho-pipoca para síntese de híbridos. *Bragantia* 59(2):143-151.

Schauffler, G.P., Fonseca, J.A.V., Piero, R.M.D. (2022) Defense mechanisms involved in the resistance of maize cultivars to *Bipolaris maydis*. *European Journal of Plant Pathology* 163:269-277.

Schmidt, P., Hartung, J., Rath, J., Piepho, H.P. (2019) Estimating broad-sense heritability with unbalanced data from agricultural cultivar trials. *Crop Science* 59(2):525-536.

Schwantes, I.A., Amaral Junior, A.T. do, Vivas, M., Almeida Filho, J.E. de, Kamphorst, S.H., Guimarães, A.G., et al. (2018) Inheritance of resistance to *Fusarium* ear rot in popcorn. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 18(1):81-88.

Schwantes, I.A., Amaral Junior, A.T., Gerhardt, I.F.S., Vivas, M., Silva, F.H.L., Kamphorst, S.H. (2017) Diallel analysis of resistance to *Fusarium* ear rot in Brazilian popcorn genotypes. *Tropical Plant Pathology* 42:70-75.

Serna-Saldivar, S.O. (2022) Popcorn and other puffed grains. In: Snack foods. Boca Raton: CRC Press, p. 201-220.

Sharma, R., Saqib, M., Lin, C.T., Blumenstein, M. (2022) A survey on object instance segmentation. *SN Computer Science* 3:499.

Shi, T., Liu, Y., Zheng, X., Hu, K., Huang, H., Liu, H., Huang, H. (2023) Recent advances in plant disease severity assessment using convolutional neural networks. *Scientific Reports* 13(1):2336.

Shoaib, M., Sadeghi-Niaraki, A., Ali, F., Hussain, I., Khalid, S. (2025) Leveraging deep learning for plant disease and pest detection: a comprehensive review and future directions. *Frontiers in Plant Science* 16:1538163.

Shoemaker, R.A. (1959) Nomenclature of *Drechslera* and *Bipolaris*, grass parasites segregated from *Helminthosporium*. *Canadian Journal of Botany* 37(5):879-887.

Shukuru, B.N., Archana, T.S., Kangela, A.M. (2023) Rapid screening for resistance of maize inbred and hybrid lines against southern corn leaf blight. *Journal of Phytopathology* 171:452-469.

Silva, E. (2023) Produção de milho-pipoca “estoura” no Brasil. *Globo Rural*. Disponível em: https://globorural.globo.com/agricultura/milho/noticia/2023/11/producao-de-milho-pipoca-estoura-no-brasil.ghtml. Acesso em: 14 dez. 2023.

Singh, R., Srivastava, R.P., Ram, L. (2012) Southern corn leaf blight—an important disease of maize: an extension fact sheet. *Indian Research Journal of Extension Education* 2(n. esp.):239-241.

Souza, Y.P., Gonçalves, G.M.B., Saluci, J.C.G., Almeida, R.N., Santos, J.S., Pereira, H.S., Souza, R.F., Souza, A.L.R., Vasconcelos, L.C., Andrade Júnior, M.S., et al. (2025) Selecting South American popcorn germplasm for *Bipolaris maydis* resistance at contrasting nitrogen levels. *Plants* 14:302.

Sprague, G.F., Tatum, L.A. (1942) General versus specific combining ability in single crosses of corn. *Agronomy Journal* 34:923-932.

St. Clair, D.A. (2010) Quantitative disease resistance and quantitative resistance loci in breeding. *Annual Review of Phytopathology* 48:247-268.

Stewart, E.L., Wiesner-Hanks, T., Kaczmar, N., DeChant, C., Wu, H., Lipson, H., Nelson, R.J., Gore, M.A. (2019) Quantitative phenotyping of northern leaf blight in UAV images using deep learning. *Remote Sensing* 11(19):2209.

Sun, X., Qi, X., Wang, W., Liu, X., Zhao, H., Wu, C., Chang, X., Zhang, M., Chen, H., Gong, G. (2020) Etiology and symptoms of maize leaf spot caused by *Bipolaris* spp. in Sichuan, China. *Pathogens* 9(3):229.

Sun, Y., Li, Y., Li, Z., Tian, X., Guo, H., Wan, X. (2026) BPNet: a boundary-aware and prototype-constrained network for segmenting corn southern leaf blight. *Smart Agricultural Technology* 102422.

Tan, J., Liu, S., Li, G., Yang, W., Liang, M., Li, X., Chen, Y., et al. (2025) UAV-LiDAR high-throughput time-series phenotyping and genome-wide association analysis reveal the genetic basis of plant height in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Plant Phenomics* 7(4):100139.

Tembo, E., Minnaar-Ontong, A., Menkir, A., Marais, G., Magorokosho, C., Labuschagne, M.T. (2022) Inheritance of resistance to *Fusarium verticillioides* ear rot in maize inbred lines of southern, West and Central African origin. *Crop Science* 62:1818-1833.

Thenmozhi, K., Srinivasulu Reddy, U. (2019) Crop pest classification based on deep convolutional neural network and transfer learning. *Computers and Electronics in Agriculture* 164:104906.

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

Ultralytics (2024) YOLO11 documentation. Disponível em: https://docs.ultralytics.com. Acesso em: 17 jul. 2026.

United States Department of Agriculture (2024) *2022 Census of Agriculture: United States summary and state data*. Washington, DC: USDA–NASS, v. 1, Geographic Area Series, part 51, table 35.

Van der Plank, J.E. (1963) *Plant diseases: epidemics and control*. New York: Academic Press, 349p.

Viana, J.M.S. (2023) The impact of epistasis in heterosis and combining ability analyses. *Frontiers in Plant Science* 14:1168419.

Vines, P.L., Zhang, J. (2022) High-throughput plant phenotyping for improved turfgrass breeding applications. *Grass Research* 2:1.

Wang, P., Deng, H., Guo, J., Ji, S., Meng, D., Bao, J., Zuo, P. (2024) Leaf segmentation using modified YOLOv8-Seg models. *Life* 14:780.

Wiesner-Hanks, T., Stewart, S., Kaczmar, N., DeChant, C., Wu, H., Nelson, R.J., Lipson, H. (2018) Image set for deep learning: field images of maize annotated with disease symptoms. *BMC Research Notes* 11:440.

Xu, Y., Zhang, Z., Lu, P., Li, R., Ma, P., Wu, J., Li, T., Zhang, H. (2023) Increasing *Fusarium verticillioides* resistance in maize by genomics-assisted breeding: methods, progress, and prospects. *The Crop Journal* 11(6):1626-1641.

Yang, W., Feng, H., Zhang, X., Zhang, J., Doonan, J.H., Batchelor, W.D., Xiong, L., Yan, J. (2020) Crop phenomics and high-throughput phenotyping: past decades, current challenges, and future perspectives. *Molecular Plant* 13(2):187-214.

Yin, C., Zeng, T., Zhang, H., Fu, W., Wang, L., Yao, S. (2022) Maize small leaf spot classification based on improved deep convolutional neural networks with a multi-scale attention mechanism. *Agronomy* 12:906.

Yu, D., Wang, H., Gu, W., Qin, T., Sun, P., Lu, Y., Shi, B., Zheng, H. (2021) Genetic diversity and population structure of popcorn germplasm resources using genome-wide SNPs through genotyping-by-sequencing. *Genetic Resources and Crop Evolution* 68:2379-2389.

Zhao, C., Zhang, Y., Du, J., Guo, X., Wen, W., Gu, S., Wang, J., Fan, J. (2019) Crop phenomics: current status and perspectives. *Frontiers in Plant Science* 10:714.

Zhao, Y., Lu, X., Liu, C., Guan, H., Zhang, M., Li, Z., Cai, H., Lai, J. (2012) Identification and fine mapping of rhm1 locus for resistance to southern corn leaf blight in maize. *Journal of Integrative Plant Biology* 54:321-329.

Ziegler, K.E. (2001) Popcorn. In: Hallauer, A.R. (ed.) Specialty corns. 2. ed. Boca Raton: CRC Press, p. 205-233.

Zuber, M.S. (1942) Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniform trial data. *Journal of the American Society of Agronomy* 34(1):30-47.

APÊNDICE

Tabela S1. Identificação e tipo de material genético dos 67 genótipos de milho-pipoca avaliados quanto à resistência à mancha de helmintosporiose maidis.

Genótipo	Tipo de material genético.	Genótipo	Tipo de material genético.
L691xL625	Híbrido	L683xL326	Híbrido
L55xL274	Híbrido	L503xL381	Híbrido
L625xL594	Híbrido	L503xL274	Híbrido
L691xL274	Híbrido	L503xL326	Híbrido
L328xL55	Híbrido	L503xL207	Híbrido
L55xL683	Híbrido	L691xL55	Híbrido
L381xL594	Híbrido	L207xL274	Híbrido
L503xL292	Híbrido	L503xL55	Híbrido
L381xL625	Híbrido	L274xL326	Híbrido
L691xL381	Híbrido	L381xL274	Híbrido
L625xL326	Híbrido	L625xL292	Híbrido
L594xL683	Híbrido	L594xL274	Híbrido
L55xL381	Híbrido	L691xL328	Híbrido
L55xL594	Híbrido	L328xL381	Híbrido
L503xL328	Híbrido	L625xL274	Híbrido
L292xL207	Híbrido	L625xL207	Híbrido
L683xL207	Híbrido	L691xL683	Híbrido
L691xL292	Híbrido	L691xL207	Híbrido
L328xL207	Híbrido	L594xL326	Híbrido
L691xL503	Híbrido	L292xL274	Híbrido
L625xL683	Híbrido	L55xL326	Híbrido
L328xL292	Híbrido	L503xL594	Híbrido
L328xL274	Híbrido	L381xL683	Híbrido
L55xL625	Híbrido	L328xL683	Híbrido
L292xL683	Híbrido	L381xL326	Híbrido
L328xL625	Híbrido	L381xL292	Híbrido
L207xL326	Híbrido	L503xL683	Híbrido
L292xL594	Híbrido	L503xL625	Híbrido
L381xL207	Híbrido	L292xL326	Híbrido
L328xL594	Híbrido	L80	Linhagem
L683xL274	Híbrido	L222XL443	Híbrido
L691xL594	Híbrido	L63	Linhagem
L328xL326	Híbrido	L594xL691	Híbrido
L691xL326	Híbrido	----------	----------

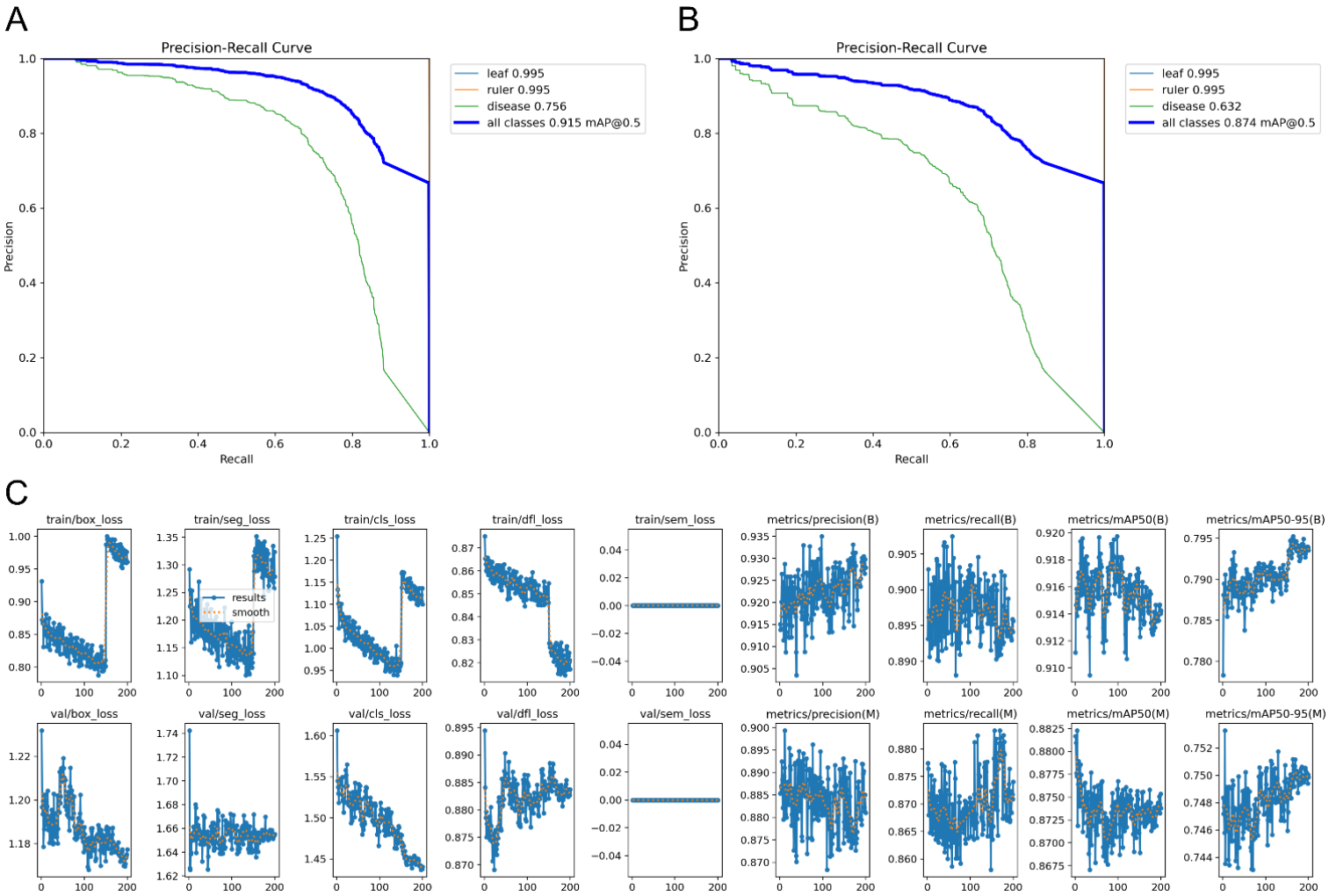


Figura S1. (A) Curva de precisão-recall (*precision–recall*) para as caixas delimitadoras (*bounding boxes*); (B) curva de precisão-recall (*precision–recall*) para as máscaras; (C) curvas de perda (*loss*) de treinamento e validação do modelo YOLOv11l-seg durante a Fase 2 de ajuste fino (*fine-tuning*) ao longo de 200 épocas.