

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO**

**LUCAS RAFAEL DE SOUZA CAMACHO**

**Análise dialélica de linhagens de milho para rendimento de grãos e  
resistência à cercosporiose e mancha de *Phaeosphaeria***

MARINGÁ  
PARANÁ – BRASIL  
MARÇO – 2013

**LUCAS RAFAEL DE SOUZA CAMACHO**

**Análise dialéctica de linhagens de milho para rendimento de grãos e resistência à cercosporiose e mancha de *Phaeosphaeria***

Dissertação apresentada à Universidade Estadual de Maringá, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento para a obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Carlos Alberto Scapim.

MARINGÁ  
PARANÁ – BRASIL  
MARÇO – 2013



“É fácil mentir usando a estatística, difícil é dizer a verdade sem ela” (Andrejs Dunkels).

Aos meus pais, Reinaldo e Marta; e à minha irmã, Isabela, por todo amor, carinho,  
compreensão e incentivo.

Aos meus avôs, Reinaldo e Dorival (*in memoriam*), e às avós Oleides e Maria, por  
tanto carinho.

À minha noiva, Fernanda, incentivo, companheirismo, amizade, disponibilidade,  
compreensão e amor.

Com amor, dedico.

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por guiar os meus passos diariamente e por nunca deixar me faltar nada.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM) e seus professores, pelos ensinamentos durante esse período.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pelo auxílio financeiro.

Aos professores doutores Carlos Alberto Scapim, Dauri José Tessmann e Ronald José Barth Pinto, pelos ensinamentos, pelo apoio, pela confiança e pelas oportunidades concedidas nestes anos de convivência.

Aos Secretários do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Francisco José da Cruz e Maria Valquíria Magro, pelo constante auxílio.

Aos colegas Klayton Milani, Acácio Miotto, Marlon Coan e Henrique Senhorinho, pela amizade e pelos momentos compartilhados, tornando esta conquista ainda mais marcante.

Aos estagiários e colegas de Mestrado, participantes do grupo de pesquisa em Genética e Melhoramento, que muito trabalham para que os experimentos sejam desenvolvidos.

Aos amigos, Eduardo Xavier, Lauro Neto, Marco Aurélio, Paulo Eduardo, Daniel Malvezzi e Rodrigo Alencar, por sempre cultivarem o relacionamento que nos tornou grandes amigos.

A todos que contribuíram de forma direta e indireta para a realização deste trabalho.

## **BIOGRAFIA**

LUCAS RAFAEL DE SOUZA CAMACHO, filho de Reinaldo Rodrigues Camacho e de Marta de Souza Camacho, nasceu em Maringá, Paraná, no dia 26 de Agosto de 1988.

Concluiu o Ensino Fundamental, em dezembro de 2002, no Colégio Estadual Doutor Gastão Vidigal, e o Ensino Médio, em dezembro de 2005, no Colégio Nobel, ambos em Maringá, estado do Paraná.

Em março de 2006, ingressou no curso de Graduação em Agronomia da Universidade Estadual de Maringá (UEM), sendo titulado como Engenheiro Agrônomo no início do ano de 2011.

Em março de 2011, ingressou no Curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM) da Universidade Estadual de Maringá (UEM).

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	<b>IX</b>
<b>ABSTRACT</b> .....	<b>XI</b>
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	<b>1</b>
<b>2. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	<b>3</b>
2.1. O milho.....	3
2.2. Tipos de grãos e grupo heterótico.....	5
2.3. A cercosporiose do milho .....	6
2.3.1. Histórico e importância da doença.....	6
2.3.2. Etiologia e taxonomia da doença.....	7
2.3.3. Sintomatologia, ciclos de infecção e epidemiologia da doença .....	7
2.3.4. Condições ambientais favoráveis à infecção .....	8
2.3.5. <i>Cercospora zeina</i> .....	8
2.4. A mancha de <i>Phaeosphaeria</i> do milho.....	9
2.4.1. História e importância da doença.....	9
2.4.2. Etiologia e taxonomia.....	9
2.4.3. Sintomatologia, ciclos de infecção e epidemiologia da doença .....	10
2.4.4. Condições ambientais favoráveis à infecção .....	11
2.5. Avaliação da resistência a doenças foliares.....	11
2.6. Análise dialélica .....	12
2.7. Melhoramento genético visando resistência a doenças foliares .....	14
<b>3. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>16</b>
<b>3.1. Linhagens utilizadas e obtenção dos híbridos</b> .....	<b>16</b>
3.2. Os experimentos .....	17
3.3. Isolados de <i>Cercospora zeina</i> utilizados na inoculação.....	18
3.4. Inoculação.....	18
3.5. Avaliação da produtividade .....	19
3.6. Avaliações da severidade .....	19
3.7. Análise de variância .....	20
3.8. Análise dialélica parcial.....	21
<b>4. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	<b>23</b>

4.1. Análises dialélicas e efeitos gênicos do experimento I.....	23
4.1.1. Análise de variância.....	23
4.1.2. Análise dialélica, capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação.....	26
4.2. Análises dialélicas e efeitos gênicos do experimento II.....	33
4.2.1. Análise de variância.....	33
4.2.2. Análise dialélica, capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação.....	36
<b>5. CONCLUSÕES .....</b>	<b>41</b>
<b>6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....</b>	<b>42</b>

## RESUMO

CAMACHO, Lucas Rafael de Souza, M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, Fevereiro de 2013. **Análise dialélica de linhagens de milho para rendimento de grãos e resistência à cercosporiose e mancha de *Phaeosphaeria***. Professor Orientador: Carlos Alberto Scapim. Professores Conselheiros: Dauri José Tessmann e Ronald José Barth Pinto.

A obtenção de genótipos resistentes a doenças e com alto rendimento de grãos é prioridade no melhoramento de milho. É importante identificar genitores e estimar parâmetros genéticos e efeitos gênicos para direcionar os procedimentos a serem utilizados na obtenção de novos híbridos. Os objetivos deste trabalho foram: (i) avaliar a resistência genética de linhagens de milho comum à *Cercospora zeina* e à *Phaeosphaeria maydis*, agentes causadores das doenças conhecidas como cercosporiose e mancha de *Phaeosphaeria*, a fim de subsidiar informações ao melhoramento; (ii) avaliar o rendimento de grãos das linhagens e buscar identificar genitores que, quando cruzados, formem híbridos resistentes às doenças avaliadas neste trabalho e alcancem uma produtividade média satisfatória. Para atingir os objetivos, dois experimentos foram realizados. O experimento I foi realizado com a finalidade de avaliar o rendimento de grãos e a resistência dos genótipos à infestação natural de *Cercospora zeina* e *Phaeosphaeria maydis*. O experimento II visou a avaliar a resistência dos genótipos, comparando três métodos diferentes de avaliação, quando submetidos à inoculação de *Cercospora zeina* no campo. Ambos os experimentos foram conduzidos em campo e avaliações de severidades das doenças foram realizadas. Os dados foram analisados por análises de variância e análises dialélicas. Os efeitos da capacidade geral e específica de combinação foram significativos ( $p < 0,01$ ) para a resistência à cercosporiose e à mancha de *Phaeosphaeria* e ao rendimento de grãos. Os efeitos de capacidade específica foram predominantes, indicando que os genes de efeito não-aditivo foram mais importantes, permitindo a recomendação de algumas linhagens para formação de novos híbridos. As linhagens F<sub>1</sub>, F<sub>3</sub>, D<sub>2</sub> e D<sub>4</sub> foram as que mais contribuíram para o rendimento de grãos. As linhagens F<sub>2</sub>, F<sub>4</sub>, D<sub>2</sub>, D<sub>3</sub> e D<sub>6</sub> foram as que mais contribuíram para resistência à cercosporiose. As linhagens F<sub>3</sub>, D<sub>3</sub> e D<sub>4</sub> são as mais indicadas para resistência à mancha de *Phaeosphaeria*. O método 2 foi mais

eficiente para selecionar linhagens e diferenciá-las significativamente das demais. Em relação à identificação de linhagens visando resistência à *C. zeina*, os resultados obtidos nos experimentos I e II são semelhantes.

Palavras-chave: capacidade de combinação, efeitos gênicos, parâmetros genéticos.

## ABSTRACT

CAMACHO, Lucas Rafael de Souza, M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, February, 2013. **Diallel analysis of maize inbred lines for grain yield, resistance to gray leaf spot and *Phaeosphaeria* leaf spot.** Adviser: Carlos Alberto Scapim. Committee members: Dauri José Tessmann and Ronald José Barth Pinto.

Obtaining disease resistant genotypes with high grain yield are priority in maize breeding. Thus, it is important to identify parents and estimate genetic parameters and gene effects to lead the procedures that will be used to obtain new hybrids. The aims of this study were: (i) to evaluate the genetic resistance of inbred lines to *Cercospora zeina* and *Phaeosphaeria maydis*, the causal agents of diseases known as gray leaf spot and *Phaeosphaeria* leaf spot, in order to apport information for maize breeding; (ii) to evaluate the grain yield of the lines and identify parents those that, when crossed, form resistant hybrids to disease and satisfactory grain yield. To achieve the objectives, two experiments were carried out. The first experiment (experiment I) was carried out in order to obtain the yield and assess the severity of the genotypes in natural infestation of *Cercospora zeina* and *Phaeosphaeria maydis*. The second (experiment II) was carried out in order to assess the resistance of genotypes, comparing three different methods of evaluation, when inoculated with *Cercospora zeina*. Both experiments were carried out in the field and assessments of disease severity were performed. Data were examined by analysis of variance and diallel analysis. General and specific combining abilities were significant ( $p < 0.01$ ) for gray leaf spot resistance, *Phaeosphaeria* leaf spot resistance and grain yield. Specific combining ability was predominant, indicating that non-additive genes were more important, and some inbred lines are recommended to new hybrids formation. Inbred lines F<sub>1</sub>, F<sub>3</sub>, D<sub>2</sub> and D<sub>4</sub> were the ones that contributed most to the grain yield. Inbred lines F<sub>2</sub>, F<sub>4</sub>, D<sub>2</sub>, D<sub>3</sub> and D<sub>6</sub> were the ones that contributed most to resistance to gray leaf spot. The inbred lines F<sub>3</sub>, D<sub>3</sub> and D<sub>4</sub> are the most suitable for resistance to *Phaeosphaeria* leaf spot. The method 2 of evaluation was more efficient to select inbred lines and differentiate them significantly from the others. The results of the experiment I and II are in agreement with the identification of inbred lines for resistance to *C. zeina*.

Keywords: combining ability, gene effects, genetic parameters.

## 1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma gramínea da família Poaceae, planta herbácea anual, monóica díclina, pertencente à subfamília Panicoideae, tribo Maydeae.

A cultura do milho exerce importância fundamental no agronegócio atual. A obtenção de híbridos de linhagens superiores com alto rendimento e resistentes às principais doenças foliares é prioridade nacional.

Embora as pesquisas nos mais diversos campos da ciência estejam sendo desenvolvidas, ainda hoje, a cultura do milho é muito afetada por diversas doenças, podendo sofrer danos significativos no rendimento e na qualidade dos grãos. Alguns fatores levaram ao agravamento destes problemas, tais como: a pouca utilização de rotação de culturas, utilização de genótipos mais produtivos (porém mais suscetíveis a doenças) e a ocorrência de condições adversas ao desenvolvimento satisfatório da cultura (Paterniani et al., 2002).

Os danos associados às doenças foliares são decorrentes do mau funcionamento e da destruição dos tecidos fotossintéticos, devido ao aumento do número e da área de lesões, que podem determinar a necrose de toda a folha. A necrose e a morte prematura das folhas limitam a interceptação da radiação solar e a translocação dos produtos da fotossíntese, causando redução na produção de grãos (Brasil et al., 1998; Fantin et al., 1991; Von Pinho et al., 1998; Pinto et al., 2004; Reis et al., 2004). No Brasil, estas doenças têm aumentado de importância devido ao incremento de inóculo e das condições climáticas favoráveis, proporcionadas principalmente por sistemas de produção sob semeadura direta, em segunda safra e em áreas irrigadas.

A cercosporiose, causada pelo fungo *Cercospora* spp., é uma doença foliar que tem causado grandes problemas aos produtores de milho nos últimos anos. Esta doença pode causar lesões alongadas que acompanham o sentido das nervuras e também lesões irregulares e sem formato definido. Em estádios mais avançados, a coalescência das lesões destrói grande parte do tecido foliar, diminuindo a taxa fotossintética e, conseqüentemente, a produção em até 80% em cultivares suscetíveis (Fornasier Filho, 2007).

A mancha foliar do milho, causada pelo fungo *Phaeosphaeria maydis*, ocorre no Brasil de forma generalizada há muitos anos. Em materiais susceptíveis, a

incidência da *P. maydis* pode causar senescência prematura das plantas e redução do ciclo da planta, causando redução no rendimento de grãos de até 60% (Agroceres, 1996).

A análise dialélica oferece ao melhorista um grande número de informações, pois permite a estimação da capacidade de transferência de alelos. Este tipo de análise é frequentemente utilizado em programas de melhoramento de diversas culturas, principalmente na cultura do milho (Hallauer e Miranda Filho, 1995; Miranda e Gorgulho, 2001).

Os cruzamentos dialélicos são importantes, pois fornecem informações sobre a ação gênica predominante (efeitos aditivos e não-aditivos) na herança do caráter a ser melhorado, bem como estimativas da capacidade combinatória dos genitores, nível de heterose e subsídios para definir quais métodos intrapopulacionais ou interpopulacionais serão mais vantajosos (Cruz et al., 2012).

O objetivo deste trabalho é avaliar a resistência genética de linhagens de milho comum à *Cercospora zeina* e *Phaeosphaeria maydis*, agentes causadores das doenças conhecidas como cercosporiose e mancha de *Phaeosphaeria*, a fim de subsidiar informações ao melhoramento. Para isso, deve-se: (i) avaliar a capacidade geral e específica de combinação das linhagens, quanto à resistência as doenças; (ii) estudar a ação gênica predominante, de modo a definir as estratégias mais adequadas para inserir linhagens promissoras no programa de melhoramento genético de milho. Paralelamente a isso, deve-se avaliar o rendimento de grãos das linhagens e híbridos, além de buscar identificar genitores que, quando cruzados, formam híbridos resistentes às doenças supracitadas e alcançam uma produtividade média satisfatória.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. O milho

O milho (*Zea mays* L.) é uma gramínea da família Poaceae, subfamília Panicoideae e tribo Maydeae. Seu centro de diversidade genética se concentra no continente americano, principalmente na América Latina e na América Central, onde se encontram seus parentes silvestres mais próximos, como *Zea mays* Subs. *Mexicana* (teosinte) e *Tripsacum*. É uma planta essencialmente panmítica, uma vez que o monoecismo das Maydae se acentuou, tornando-a uma planta alógama com praticamente 100% de reprodução cruzada (Paterniani e Campos, 2005).

A cultura do milho exerce importância fundamental no agronegócio brasileiro. Estima-se que a produção brasileira foi de 69,48 milhões de toneladas na safra 2011/2012, representando um crescimento de mais de 20 por cento ante a temporada 2010/2011, quando o Brasil produziu 57,4 milhões de toneladas de milho. A área cultivada na primeira e segunda safra 2011/2012 atingiu 15,1 milhões de hectares, ante 13,8 milhões de hectares na temporada anterior. Em 2011/12, o milho superou a soja como a maior colheita de grãos do Brasil, que hoje é um dos maiores produtores e exportadores globais do cereal (Conab, 2013).

Além do econômico, outros aspectos enaltecem a importância do milho. A evolução do milho por meio do melhoramento começou quando o homem percebeu o potencial da espécie para alimentos, rações, fibras e combustível. Embora não se tenha uma decisão definitiva sobre a genealogia ancestral do milho, os melhoristas primitivos certamente desempenharam um papel importante em domesticar e desenvolver as espécies como se conhece hoje. O milho, no entanto, é conhecido por ser uma das poucas espécies indígenas cultivadas no hemisfério ocidental cerca de 7.000 a 10.000 anos atrás (Wilkes, 2004).

Durante esse período, o homem contribuiu para a seleção e evolução de diversas variedades, como milho duro, farináceo, grão dentado, pipoca e milho doce. A contribuição humana foi também decisiva para a criação de variedades adaptadas às mais diversas regiões do mundo. Os grãos de milho formaram a base alimentícia de antigas civilizações americanas (Brieger, 1949).

Em 1492, na América Central, Cristóvão Colombo observou detalhadamente as plantas de milho e levou algumas sementes para a Espanha. Mais tarde, o milho

passou a fazer parte da dieta dos mais variados povos e a também a representar importância econômica e, atualmente, a origem do milho tem despertado o interesse de muitos pesquisadores (Paterniani e Campos, 2005).

Em 1908, Shull e East divulgaram resultados sobre a endogamia e heterose, tornando possível propor um esquema básico de produção de sementes por meio do cruzamento entre linhagens endogâmicas (Shull, 1909). A introdução do milho híbrido no mercado impulsionou a agricultura moderna na década de 1920 (Paterniani e Viégas, 1987).

O melhoramento genético de milho no Brasil teve início em 1932, mas o lançamento do primeiro híbrido duplo ocorreu somente em 1939. A partir deste momento, foram surgindo novos híbridos e novas populações, o que possibilitou a extração de novas variedades e linhagens de milho (Viégas e Miranda Filho, 1978).

O Brasil tem liderado um mercado altamente competitivo no desenvolvimento de híbridos de milho tropical. Os híbridos têm sido responsáveis por expressivos aumentos na produtividade do milho, ocupando lugar de destaque entre as contribuições da ciência para a sociedade (Vencovsky e Ramalho, 2000).

O desenvolvimento de linhagens em um programa de melhoramento é essencial para que se obtenha sucesso na produção de híbridos de alto desempenho. A obtenção de linhagens é considerada responsável pela maior porcentagem dos custos envolvidos na produção de híbridos. As linhagens também são elementos essenciais nos estudos da diversidade genética e no desenvolvimento de mapas genéticos (Pierre et al., 2011).

O rendimento de grãos na cultura do milho pode ser influenciado por diversos fatores, tais como o clima, o histórico da área, a população de plantas utilizadas, as condições físicas e químicas do solo, a escolha dos híbridos e o manejo de plantas daninhas, pragas e doenças (Fancelli e Dourado-Neto, 2003).

Atualmente, a disseminação de patógenos que atuam nas lavouras de milho é considerada uma das principais dificuldades no desenvolvimento da cultura (Kuhnenet al., 2005). A presença simultânea de três elementos é fundamental na ocorrência de uma doença: o patógeno, plantas suscetíveis ao patógeno e ambiente favorável ao desenvolvimento da doença (Fantin e Duarte, 2008). Dependendo das condições edafoclimáticas de cada região, reduções expressivas no rendimento de grãos do milho são esperadas e isso varia de acordo com a incidência, severidade e modo de ataque de cada patógeno (Machado e Cassetari Neto, 2009).

Ao fim da década de 1980, no Brasil, os danos causados por agentes etiológicos de doenças na cultura do milho eram apenas esporádicos. Desde o início da década de 1990, o rendimento e qualidade dos grãos de milho estão sujeitos a um decréscimo significativo e isso se explica pelo aumento da frequência e intensidade de algumas doenças no campo (Pinho et al., 1999).

## **2.2. Tipos de grãos e grupo heterótico**

Cinco classes ou tipos de milho podem ser formados de acordo com as características do grão: dentado, duro, farináceo, pipoca e doce. No Brasil, o tipo duro ou “flint”, ocupa o primeiro lugar na produção de milho (Paes, 2006; Mendes et al., 2008). Em países de clima temperado predomina o tipo dentado (Coors et al., 1994; Philippeau et al., 1999; Paes, 2006).

Os milhos classificados como duros diferem dos farináceos e dentados na relação de endosperma vítreo: endosperma farináceo, apresentando um volume contínuo de endosperma vítreo, que resulta em grãos lisos e mais arredondados, com uma aparência dura e vítrea. Os milhos classificados como dentados apresentam o endosperma farináceo concentrado na região central do grão, entre a ponta e o extremo superior. Nas laterais dessa faixa e no verso do grão está localizado o endosperma vítreo. Durante a secagem do grão, o encolhimento do endosperma farináceo resulta na formação de uma indentação na parte superior do grão (Correa et al., 2002; Paes, 2006). Em relação ao tipo de grãos, um grupo heterótico distinto pode ser formado, entre os grãos do tipo duro ou dentado (Correa et al., 2002).

Lee (1995) define grupo heterótico como uma coleção de germoplasma que, quando cruzada com germoplasma de outro grupo, tende a exibir maiores níveis de heterose do que quando cruzada com membros de seu próprio grupo. A formação de grupos heteróticos em milho é vista de forma mais clara em germoplasma de clima temperado (Flints Europeus x linhagens dentadas americanas, utilizados na Europa, e Reid Yellow Dent x Lancaster, utilizados nos EUA) do que em germoplasma tropical. A dificuldade de estabelecimento de grupos heteróticos em germoplasma tropical se deve, principalmente, a um elevado nível de diversidade genética utilizado nos programas tropicais, associado à realização de poucos estudos de capacidade combinatória (Crossa et al., 1990; Beck et al., 1990).

O Brasil tem explorado fortemente a heterose resultante de cruzamentos híbridos entre linhagens dos grupos heteróticos dentado e duro, obtendo-se um tipo semidentado amarelo, embora milhos dentados amarelos também tenham alcançado boa receptividade (Paterniani e Campos, 2005).

### **2.3. A cercosporiose do milho**

#### **2.3.1. Histórico e importância da doença**

A cercosporiose do milho foi relatada pela primeira vez em 1924, no estado de Illinois, EUA. Desde então, a doença foi considerada sem importância, ocorrendo apenas no final do ciclo da cultura em regiões montanhosas (Reis et al., 2004).

No Brasil, seu primeiro relato ocorreu em 1945, em Campinas-SP. Naquela época, a cercosporiose não foi considerada uma doença de importância primária. A doença somente adquiriu um caráter epidêmico no ano de 2000, quando, na região sudoeste de Goiás, foi constatada uma severa epidemia que posteriormente se alastrou para outras regiões nas safras seguintes (Brunelli, 2004; Reis et al., 2004).

Fantin et al. (2001) afirmam que a cercosporiose foi relatada pela primeira vez por Chupp (1953). Atualmente, a cercosporiose é considerada uma das principais doenças da cultura do milho, principalmente em Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul.

Os danos causados pela cercosporiose podem afetar o rendimento de grãos causando perdas que variam entre 13% e 65% (Donahue et al., 1991; Ward e Nowell, 1998; Ward et al., 1999; Brito et al., 2007). Alguns fatores podem influenciar esta redução da produtividade, tais como o nível de resistência do hospedeiro, o sistema de produção empregado e as condições climáticas locais.

Os danos causados pela cercosporiose são decorrentes do fato de o patógeno colonizar grande parte do tecido foliar hospedeiro, diminuindo a área fotossintetizante, levando à senescência precoce da planta e, conseqüentemente, à redução do rendimento de grãos (Brito et al., 2007). Nesse contexto, o uso de cultivares resistentes é a principal medida de controle, podendo reduzir os custos de produção e minimizar os riscos à atividade e ao meio ambiente.

### **2.3.2. Etiologia e taxonomia da doença**

A espécie *C. zea-maydis*, anteriormente, foi dividida em dois grupos de diversidade com base em análises moleculares e de produção de cercosporina (grupos I e II). Por meio de análises moleculares, é possível distinguir os grupos I e II de *C. zea-maydis* em duas espécies diferentes de *Cercospora*. A espécie *C. zea-maydis* restringiu-se apenas aos isolados pertencentes ao grupo I e os isolados anteriormente atribuídos ao grupo II passaram a ser denominados *C. zeina* Crous & U. Braunsp. nov. (Crous et al., 2006).

A distinção das espécies *C. zea-maydis* e *C. zeina* foi demonstrada por análise filogenética de sequências de DNA, evidenciando que os isolados dessas espécies se agruparam em clados distintos (Crous et al., 2006).

De acordo com Brunelli (2004) e Mathioni (2006), alguns estudos determinaram a ocorrência de isolados pertencentes aos grupos I e II de *C. zea-maydis* no Brasil. Então, com base na nova classificação sistemática, atualmente, há a ocorrência de duas espécies principais causando a cercosporiose do milho no Brasil: a *C. zea-maydis* e *C. zeina*.

De acordo com Brunelli et al. (2008), no Brasil, verificou-se a ocorrência de *C. zeina* em São Paulo, Minas Gerais, Goiás e Paraná; de *C. zea-maydis* na Bahia, Minas Gerais e São Paulo; e de *C. sorghi* var. *maydis* em São Paulo.

### **2.3.3. Sintomatologia, ciclos de infecção e epidemiologia da doença**

Segundo Brunelli (2004), sob condições ambientais de temperatura e umidade, o fungo presente nos restos culturais produz conídios, disseminados pelo vento e respingos de chuva para infectar novas plantas de milho, constituindo o sítio primário de infecção. Os conídios depositados na superfície foliar germinam, conduzindo ao crescimento os tubos germinativos em direção aos estômatos. O processo de penetração pode se iniciar com 16 horas após a inoculação.

Após a penetração do fungo na planta hospedeira, há a formação de vesículas nas extremidades das hifas de penetração e o fungo inicia a colonização nos espaços intracelulares. No estágio inicial dos sintomas há o aparecimento de manchas amareladas de tecido plesioneocrótico e têm aspecto clorótico, com cerca de 1-3 mm de comprimento. Essas lesões possuem formato retangular, bordos bem definidos e são delimitadas em largura pelas nervuras principais da folha,

caracterizando bem a doença. Aproximadamente aos 12 dias após a inoculação, as lesões adquirem aspecto oleoso e coloração marrom, iniciando-se o processo de necrose do tecido (Reis et al., 2004).

#### **2.3.4. Condições ambientais favoráveis à infecção**

A faixa de temperatura ideal para o progresso da doença no campo é de 22 a 28°C e umidade relativa próxima de 100%. A ausência de água livre na folha é fator fundamental para iniciar o processo de infecção (Beckman e Payne, 1983; Ringer e Grybauskas, 1995).

Segundo Reis et al. (2004), as informações sobre a cercosporiose são escassas na literatura brasileira. Existem relatos de que a faixa de temperatura de 22-30°C, períodos prolongados de orvalho/neblina, alta umidade relativa e dias chuvosos podem favorecer a infecção. Casela et al. (2006) afirmam que a disseminação ocorre por meio dos esporos e restos culturais levados pelo vento e respingos de chuva. Os restos de cultura atuam como fonte de inóculo no local e até em outras áreas.

A severidade da doença aumenta em condições com temperaturas diurnas variando de moderada a alta e alta umidade relativa do ar, bem como o orvalho em noites frias, principalmente quando a temperatura se eleva logo após dias nublados ou chuvosos (Pinto et al., 2004).

#### **2.3.5. *Cercospora zeina***

Segundo Crous et al. (2006), *C. zeina* apresenta conidióforo curto e conídio fusiforme, cresce mais lentamente em cultura e não produz o pigmento púrpura associado à toxina cercosporina, o qual é típico para *C. zea-maydis*. Adicionalmente, as manchas foliares causadas por *C. zeina* são confinadas entre as nervuras, apresentando 2-3 mm de largura e 5-40 mm de comprimento, coloração cinza claro a marrom palha, com bordas indistintas e cloróticas nas lesões jovens.

Em relação às características morfológicas, *C. zeina* apresenta conidióforos agregados, semidensos, divergentes, ereto, subcilíndrico a flexuoso, distintamente geniculado-sinuoso, não ramificado, dimensões de 40-100 µm, 1-5 septos, de coloração oliváceo-palha a castanho médio, paredes finas e lisas. O fungo ainda possui conídios solitários, fusiformes 40-100 × 6-9 µm, 1-10 septos, coloração

hialina, paredes finas e lisas, ápice subobtusado e base subtruncada, hilo espesso, escuro e refrativo (Crous et al., 2006).

## **2.4. A mancha de *Phaeosphaeria* do milho**

### **2.4.1. História e importância da doença**

No Brasil, a mancha de *Phaeosphaeria*, também conhecida mancha branca ou pinta branca, causada pelo patógeno *Phaeosphaeria maydis*, ocorre de forma generalizada há muitos anos, embora a redução no rendimento de grãos causada por ela somente foi notada no final da década de 1980. O patógeno também já foi identificado em países da África e das Américas Central e do Sul, na Índia e, mais recentemente, nos Estados Unidos (Fantin, 1994).

A doença foi detectada no México, Colômbia e Equador, mas também se disseminou pelos continentes africano e asiático. A importância deste patógeno se dá pelo seu potencial em reduzir o rendimento de grãos. Em severidade próxima a 20%, pode reduzir em até 50% a taxa fotossintética, podendo causar danos acima de 60% no rendimento de grãos, quando as condições ambientais são favoráveis ao desenvolvimento do patógeno (Oliveira et al., 2004).

Em materiais susceptíveis, a incidência da *P. maydis* pode causar senescência prematura das plantas e redução do ciclo da planta pela redução da atividade fotossintética. Dependendo das condições ambientais, a perda no rendimento de grãos pode ser estimada em até 60% (Agrocere, 1996; Fernandes e Oliveira, 1997).

Pelo fato de haver um aumento significativo da área cultivada com o sistema semeadura direta envolvendo duas safras ao ano e, considerando a ausência de cultivares resistentes e condições climáticas favoráveis, a *P. maydis* passou a ser uma das principais doenças do milho (Von Pinho, 1998).

### **2.4.2. Etiologia e taxonomia**

A mancha de *Phaeosphaeria*, causada pelo Ascomycota *Phaeosphaeria maydis* (Henn.) Rane, Payak & Renfro, foi relatada pela primeira vez por Hennings (1902), no estado de São Paulo, Brasil, denominando-a *Sphaerulina maydis*, sendo

A *Phyllosticta* sp. considerada fase imperfeita. Posteriormente, a doença também foi relatada na Ásia, África, América do Sul, Central e do Norte, mostrando que esta se disseminou por vários países (Raneet al., 1965; Fantin, 1994; Carson, 1999). A doença foi descrita por Rane et al. (1965) como *Phaeosphaeria maydis* (*P. Henn.*).

O fungo pertence à ordem *Pleosporale* e família *Pleosporaceae*. Os peritécios são esféricos a subglobosos e possuem ostíolos papilados. Formam ascas hialinas, clavadas ou cilíndricas, retas ou curvadas, com oito ascósporos, os quais são retos, hialinos, levemente curvados, com três septos levemente constritos. Os picnídios são esféricos ou globosos, cuja coloração é marrom escuro a preto e possuem ostíolo arredondado (Alexopoulos et al., 1996).

Existem opiniões divergentes com relação ao verdadeiro agente causal da doença. Pereira et al. (2005) apontam que o patógeno da mancha de *Phaeosphaeria* é o fungo *P. maydis*. Porém, Paccola-Meirelles et al. (2001) afirmam que a doença é causada por um complexo microbiano contendo a bactéria *Pantoea ananatis*.

#### **2.4.3. Sintomatologia, ciclos de infecção e epidemiologia da doença**

Lesões foliares basais são os primeiros sintomas causados por *P. maydis* e essas lesões progridem rapidamente para as folhas superiores. As lesões são cloróticas, de formato arredondado e oblongo, com 0,3 até 2 cm de diâmetro e com o passar do tempo se tornam esbranquiçadas. Com o progresso da doença, as lesões se tornam aquosas verde-escuras, com bordos bem definidos, que passam a uma coloração de pardo-escura a acizentada. Ao final de seu desenvolvimento, as lesões apresentam estruturas reprodutivas, picnídios e pseudotécios, como pontuações escuras localizadas no centro (Fantin, 1994; Pegoraro et al., 2002; Lopes, 2003). As lesões são semelhantes às injúrias causadas pelo herbicida Paraquat (Pereira et al. 2005).

Oliveira et al. (2004) afirmam que inicialmente as lesões são encontradas dispersas no terço inferior das plantas, progredido rapidamente para as folhas do terço superior quando em condições favoráveis. Logo após o pendoamento é o momento ideal para que ocorra um severo processo de infecção.

*P. maydis* é um fungo ascomiceto, parasita necrotófico. Sua sobrevivência pode ser por meio da utilização de nutrientes do solo ou pela colonização dos restos culturais, podendo permanecer no campo em safras posteriores. Água, semente e

vento são os principais agentes de disseminação dos propágulos para as novas plantas (Fantin, 1994; Pereira, 1997; Pegoraro et al., 2001, Costa, 2009).

Algumas medidas devem ser realizadas para diminuir o inóculo e os danos causados pelo patógeno, como praticar a adubação balanceada, evitar plantios tardios, fazer uso da rotação de culturas e eliminar os restos culturais. Muitas vezes, o uso de fungicidas pode ser economicamente inviável para o produtor, o que torna a utilização de híbridos resistentes o método mais eficiente de controle da doença (Pereira, 1997; Casela et al., 2002).

#### **2.4.4. Condições ambientais favoráveis à infecção**

As condições climáticas favoráveis ao aparecimento da doença são temperaturas entre 24 e 30 °C, baixa luminosidade e umidade relativa elevada (Silva e Menten, 1997).

Sawazaki et al. (1997) acreditam que o principal fator climático responsável pelo desenvolvimento da doença é a regularidade de precipitação durante o ciclo da cultura. Para Fernandes e Oliveira (1997), as ocorrências da doença são mais severas em plantios tardios (a partir de novembro), pois, geralmente, nesta época são elevados os níveis de precipitações pluviométricas, favorecendo o desenvolvimento do patógeno.

Para Fantin (1994), as condições essenciais para que o patógeno se desenvolva são: temperatura moderada, aliada à alta umidade relativa do ar, principalmente se ocorre o aumento da temperatura logo após uma chuva.

#### **2.5. Avaliação da resistência a doenças foliares**

Dois métodos principais são utilizados na avaliação da resistência de plantas a doenças: o tipológico e o quantitativo. Escalas diagramáticas ou chaves descritivas enquadram-se no método tipológico, em que, por meio de avaliações de incidência e severidade da doença, é possível determinar o número de genes que controla a resistência, possibilitando dimensionar as populações segregantes para fins de seleção. A resistência poligênica e os componentes da resistência são avaliados pelo método quantitativo, possibilitando determinar o número aproximado de genes que controla a resistência, as ações e interações alélicas e as estimativas de parâmetros genéticos (Parlevliet, 1981).

As avaliações realizadas por meio de chaves descritivas utilizam escalas arbitrárias e subjetivas, podendo variar quando o avaliador tem mais ou menos experiência, o que resulta em baixa precisão nas avaliações. As escalas diagramáticas, por outro lado, possuem representações ilustrativas, reduzindo a subjetividade das estimativas de severidade, melhorando a acurácia, precisão e reprodutibilidade nas avaliações (Bergamin Filho e Amorim, 2003).

Segundo os autores Nutter e Schultz (1995), as escalas diagramáticas são bastante úteis por sua facilidade de utilização e melhoria nas avaliações, porém, alguns pressupostos básicos devem ser obedecidos, tais como: (i) delimitar as severidades mínima e máxima da doença em condições de campo; (ii) representar os sintomas fielmente e detalhadamente na escala; e (iii) tomar como base a acuidade humana, definidas pela lei de estímulo-resposta de Weber-Fechner, para elaborar os índices intermediários de severidade da escala.

## **2.6. Análise dialélica**

Os dialelos, como são comumente conhecidos, consistem no cruzamento entre genitores, produzindo um conjunto de combinações híbridas de  $p$  genitores, sejam eles linhagens endogâmicas ou parcialmente endogâmicas, híbridos comerciais, variedades de polinização aberta, compostos, sintéticos ou clones, podendo incluir os respectivos genitores, os híbridos recíprocos e até gerações segregantes (como  $F_2$ 's, retrocruzamentos, entre outras). Esta análise tem por finalidade prover estimativas de parâmetros genéticos úteis na seleção de genitores para hibridação e no entendimento da natureza e magnitude dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres (Cruz e Vencovsky, 1989; Cruz et al., 2012).

Existem três principais metodologias de análise dialélica. A primeira, proposta por Griffing (1956), visa a avaliar a capacidade combinatória de um grupo de genitores. A metodologia proposta por Gardner e Eberhart (1966) tem como objetivo avaliar o efeito de variedades e heterose varietal. Por último, a metodologia proposta por Hayman (1954) propõe avaliar o mecanismo básico de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos dos genitores e do limite de seleção (Cruz et al., 2012).

Cruz et al. (2012) afirmam que o comportamento dos genótipos é expresso na forma de capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, sendo possível diferenciá-los de acordo com o modo de ação gênica envolvida no controle dos diversos caracteres estudados.

Os conceitos de capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação foram postulados inicialmente por Sprague e Tatum (1942). Segundo esses autores e Cruz et al., (2012), a capacidade geral de combinação (CGC) é definida como o comportamento médio de um genitor em cruzamento com os demais genitores em um esquema de cruzamentos. O efeito gênico envolvido neste parâmetro é o aditivo e o estimador de CGC ( $\hat{g}_i$ ) é quem proporciona informações a respeito da ação gênica. A capacidade específica de combinação (CEC) é estimada por ( $\hat{s}_{ij}$ ) e pode ser definida como o desvio do comportamento de uma combinação híbrida específica em relação ao que seria esperado com base na CGC dos genitores envolvidos neste determinado cruzamento e este estimador está relacionado aos efeitos gênicos não-aditivos (efeitos de dominância e/ou epistáticos).

Para Cruz et al. (2012), os genitores com maiores estimativas positivas de  $\hat{g}_i$  são considerados superiores em relação aos demais genitores, pois estes são os que mais contribuíram para o aumento na expressão do caráter nas combinações híbridas formadas. Os materiais selecionados com base nas estimativas de CGC são indicados para programas de melhoramento intrapopulacional, pois apresentam maior concentração de alelos de efeitos aditivos (Cruz et al., 2012).

Os valores das estimativas de  $\hat{s}_{ij}$  indicam quais as combinações híbridas são melhores ou piores que o esperado, tomando como base a magnitude destas estimativas. Isso se deve à complementariedade entre os genitores cruzados, de forma que os alelos favoráveis dominantes de um dos genitores mascarem os efeitos dos alelos recessivos do outro genitor para os *loci* responsáveis pela característica estudada (Bórem e Miranda, 2009).

Problemas relacionados à grande quantidade de linhagens e combinações híbridas avaliadas em programas de melhoramento fizeram com que surgissem alternativas para reduzir a quantidade de cruzamentos, como é o caso do dialelo parcial. Nos dialelos parciais, para serem avaliados, os genitores são dispostos em dois grupos, podendo ou não pertencer a um conjunto comum, permitindo que

inferências sejam feitas para cada grupo. Modelos adaptados de Griffing (1956) ou de Gardner e Eberhart (1966) são utilizados na estimação de parâmetros genéticos, utilizando principalmente metodologias que analisam apenas  $F_1$ 's ou  $F_1$ 's e seus genitores (Cruz et al., 2012).

De acordo com Viana (2007), a utilização de dialelos parciais é uma ótima opção para o melhorista que deseja utilizar dois grupos de genitores e não há o interesse na formação de híbridos dentro de um dos grupos. Um exemplo seria o cruzamento entre um grupo formado por genótipos de milho pertencentes ao germoplasma tropical e um grupo formado por genótipos de milho pertencente ao germoplasma temperado. Segundo Geraldi e Miranda Filho (1988), outro exemplo seria o cruzamento entre dois grupos distintos de variedades ou de populações, como genótipos de milho com grãos do tipo duro e genótipos com grãos do tipo dentado.

## **2.7. Melhoramento genético visando resistência a doenças foliares**

Um dos principais objetivos dos programas de melhoramento tem sido a busca de resistência a doenças, evidenciando a importância do trabalho de equipes multidisciplinares. É importante avaliar os danos econômicos, a fonte de resistência, a complexidade da herança da doença, dominar a manipulação do patógeno, entre outros fatores. Realizar este trabalho se tornou praticamente impossível sem conciliar o melhoramento e a fitopatologia (Borém e Miranda, 2009).

Segundo Casela et al. (2006) e Paterniani et al. (2002), a resistência genética é a maneira mais eficaz e sadia ambientalmente de controlar a doença, pois o controle químico nem sempre é viável, tendo um custo elevado e reduzida eficiência. Fehr (1993) enfatiza que para um programa de melhoramento genético visando à resistência a doenças é fundamental a caracterização e discriminação dos genótipos quanto ao nível de resistência.

Camargo e Bergamin Filho (1995) afirmam que uma das maneiras de se classificar a resistência a doenças está relacionada ao número de genes envolvidos com a resistência, podendo ser monogênica ou poligênica. Quando a resistência é monogênica, apenas um gene confere a resistência. Quando vários genes estão relacionados com a resistência, esta é dita poligênica. Os autores ainda reiteram que este conhecimento é muito importante na tomada de decisão quanto às

estratégias que serão adotadas nos programas de melhoramento. Por exemplo, a utilização de retrocruzamentos é o método mais recomendável na transferência de genes de resistência quando a herança é monogênica.

Outra maneira de classificar a resistência a doenças está relacionada à presença ou ausência de interação diferencial entre genótipos do patógeno e do hospedeiro, de onde surgem os termos resistência vertical ou horizontal. Quando há presença de interação diferencial e o tipo de interação patógeno-hospedeiro é geralmente controlada por apenas um gene, diz-se que há especialização do patógeno em relação ao hospedeiro e a resistência é classificada como vertical. Quando não ocorre interação diferencial, diz-se que os isolados diferem em agressividade, geralmente mais de um gene e o ambiente estão envolvidos, e a resistência é classificada como horizontal (Vanderplank, 1968). Esta maneira de classificar a resistência permite prever as consequências dos tipos de resistência no progresso da doença, fornecendo subsídios aos melhoristas no momento de escolhas das fontes de resistência que serão usadas nos programas de melhoramento. A resistência vertical confere imunidade ou hipersensibilidade contra determinadas raças do patógeno (efeito qualitativo), enquanto a resistência horizontal, apesar de ser efetiva contra todas as raças, diminui o tamanho das lesões produzidas pelo patógeno, aumenta seu período latente e, ainda, diminui o número de esporos produzidos por lesão (Camargo e Bergamin Filho, 1995).

Inúmeros estudos de herança da resistência à cercosporiose indicaram presença de resistência poligênica (Bubecket al., 1993; Coates e White, 1994; SaghaiMarrof et al., 1996; Lehmensiek et al., 2001). Em relação à herança da resistência à mancha de *P. maydis*, mais estudos são necessários, pois são poucos os trabalhos que abordam o assunto. No entanto, alguns estudos indicam que a herança é quantitativa (Carson, 2001; Pegoraro et al., 2002; Silva, 2002; Lopes, 2003; Silva e Moro, 2004).

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1. Linhagens utilizadas e obtenção dos híbridos

O presente trabalho utilizou onze linhagens de milho (Quadro 1), algumas cedidas pelo Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) e outras obtidas de híbridos comerciais na Universidade Estadual de Maringá (UEM). Todas estão na oitava geração de autofecundação (S<sub>8</sub>).

Dez híbridos comerciais foram inseridos como testemunhas no experimento (Quadro 1). As testemunhas foram divididas em dois grupos, de acordo com sua susceptibilidade ou tolerância em relação à cercosporiose. O primeiro grupo é composto pelos híbridos susceptíveis ou medianamente susceptíveis: P3041, P30B39, DKB390, P32R22 e CD382. O segundo grupo foi composto pelos híbridos tolerantes ou medianamente tolerantes à cercosporiose: AS1575, AS1551, AG7088, DKB979 e DKB370.

Quadro 1 - Características das linhagens e testemunhas utilizadas no trabalho

Linhagens	Codificação	Procedência	Cor de grão	Tipo de grão
CML 12	F <sub>1</sub>	CIMMYT	Amarelo	Duro
CML 19	F <sub>2</sub>	CIMMYT	Amarelo	Duro
CML 22	F <sub>3</sub>	CIMMYT	Laranja	Duro
CML 18	F <sub>4</sub>	CIMMYT	Laranja	Duro
CML 13	F <sub>5</sub>	CIMMYT	Amarelo	Duro
CML 9	D <sub>1</sub>	CIMMYT	Amarelo	Dentado
CML 23	D <sub>2</sub>	CIMMYT	Laranja	Dentado
77.H30.1	D <sub>3</sub>	DKB360/Dekalb	Laranja	Dentado
9.H3.3	D <sub>4</sub>	AG8080/Agroceres	Laranja	Dentado
88.H4.7	D <sub>5</sub>	CD303/Coodetec	Laranja	Dentado
95.H34.4	D <sub>6</sub>	DAS2C599/Dow	Laranja	Dentado
AG 7088	-	Agroceres	Alaranjado	Semiduro
DKB 370	-	Dekalb	Amarelo/Alaranjado	Semiduro
DKB 390	-	Dekalb	Amarelo/Alaranjado	Semiduro
DKB 979	-	Dekalb	Alaranjado	Semiduro
P 3340	-	DU PONT DO BRASIL S.A	Sem informação	Duro
P 3041	-	DU PONT DO BRASIL S.A	Laranja	Duro
P 32R22	-	DU PONT DO BRASIL S.A	Amarelo	Semiduro
P 30B39	-	DU PONT DO BRASIL S.A	Alaranjado	Semiduro
AS 1575	-	Agroeste	Amarelo/Alaranjado	Semiduro
AS 1551	-	Agroeste	Amarelo	Semiduro
CD 384	-	COODETEC	Alaranjado	Semiduro

Os cruzamentos para a obtenção dos híbridos simples foram realizados por meio do esquema dialélico parcial de 5 linhagens do grupo duro com 6 linhagens do grupo dentado (Quadro 2).

Para a obtenção dos híbridos, as linhagens foram semeadas, pareadas em linhas de 5 m de comprimento, sob espaçamento de 0,80 m entre linhas e 0,20 m entre plantas. Por ocasião do florescimento, as polinizações foram feitas manualmente para cada par de linhagens.

Quadro 2 – Linhagens cruzadas no esquema dialelo parcial, originando 30 híbridos simples de milho

	(1') CML 9	(2') CML 23	(3') 77.H30.1	(4') 9.H3.3	(5') 88.H4.7	(6') 95.H34.4
(1) CML 12	1x1'	1x2'	1x3'	1x4'	1x5'	1x6'
(2) CML 19	2x1'	2x2'	2x3'	2x4'	2x5'	2x6'
(3) CML 22	3x1'	3x2'	3x3'	3x4'	3x5'	3x6'
(4) CML 18	4x1'	4x2'	4x3'	4x4'	4x5'	4x6'
(5) CML 13	5x1'	5x2'	5x3'	5x4'	5x5'	5x6'

### 3.2. Os experimentos

Dois experimentos foram realizados. O primeiro (experimento I) objetivou avaliar o rendimento de grãos dos tratamentos (linhagens, híbridos simples e testemunhas), bem como a resistência destes genótipos à infestação natural de *Cercospora zeina* e *Phaeosphaeria maydis*. O segundo (experimento II) teve a finalidade de avaliar a resistência conferida pelos genótipos quando submetidos à inoculação de *Cercospora zeinano* campo.

A instalação dos experimentos foi realizada na Fazenda Experimental de Iguatemi (FEI), com coordenadas geográficas 23° 25' S; 51° 57' O, a 550 metros de altitude, em solo classificado como Latossolo Vermelho Distrófico (Sistema, 1999). O experimento I foi instalado dia 30 de setembro de 2012 e o experimento II, dia 10 de novembro de 2012.

Ambos os experimentos foram instalados em blocos completos, casualizados, com duas repetições. As 11 linhagens, 30 híbridos e 10 testemunhas, constituíram os 51 tratamentos. No experimento I, a unidade experimental foi representada por duas fileiras de 5m de comprimento, com espaçamento de 0,90m entre fileiras, totalizando uma área útil de parcela de 9m<sup>2</sup>. No experimento II, a unidade experimental foi representada por uma fileira de 2m de comprimento, com

espaçamento de 0,90m entre fileiras, totalizando uma área útil de parcela de 3,6m<sup>2</sup>. Nos dois experimentos, a semeadura foi realizada em covas espaçadas de 0,2m, semeando-se duas sementes por cova e deixando-se apenas uma planta após o desbaste. O desbaste foi realizado 25 dias após a emergência das plântulas.

Para o cálculo da adubação de base, fez-se uma análise de solos da área experimental. Foram aplicados 380 kg ha<sup>-1</sup> do adubo formulado 4-20-20 na base e 150 kg ha<sup>-1</sup> de ureia em adubação de cobertura, 35 dias após a emergência das plântulas. Os tratos culturais seguintes seguiram as recomendações de Galvão e Miranda (2004) para a cultura do milho. Não foram feitas aplicações de fungicidas.

### **3.3. Isolados de *Cercospora zeina* utilizados na inoculação**

Cinco isolados obtidos para realizar a inoculação foram cedidos pelo Laboratório de Fitopatologia da UEM. Estes se encontravam armazenados em água deionizada estéril a 4 °C.

Segundo metodologia de Mathioni (2006), para o crescimento, os isolados foram transferidos para meio de cultura Batata-Dextrose-Ágar (BDA – 200 g L<sup>-1</sup> de batata, 20 g L<sup>-1</sup> de dextrose e 14 g L<sup>-1</sup> de ágar) em placas de Petri Pyrex, onde permaneceram por aproximadamente sete dias sob temperatura em torno de 27 °C, e fotoperíodo de 12 horas em luz ambiente e 12 horas no escuro. Em seguida, para a indução da esporulação, os isolados foram repicados para meio de cultura Suco de Tomate Temperado (STT – 200 mL de suco de tomate temperado) em placa de Petri Pyrex, permanecendo sob temperatura de aproximadamente 25 °C e fotoperíodo de 12 horas de luz ambiente e 12 horas no escuro, durante aproximadamente 15 dias.

### **3.4. Inoculação**

O preparo do inóculo foi realizado seguindo a metodologia proposta por Mathioni (2006).

O inóculo foi preparado transferindo-se cinco discos do meio de cultura STT colonizado pelo fungo e contendo esporulação visível, para erlenmeyers de 125 mL contendo 20g de sementes de sorgo previamente umedecidas com 16 mL de água e esterilizadas duas vezes por meio de autoclavagem durante 20 minutos a 1 atm. As culturas foram mantidas a 25 °C em fotoperíodo de 12 horas de luz ambiente e 12

horas no escuro, durante 15 dias, para colonização e esporulação do patógeno nas sementes de sorgo.

As plantas foram inoculadas no período correspondente ao estágio V<sub>6</sub>, com 5 a 6 folhas desenvolvidas, por meio do depósito de 10 sementes de sorgo colonizadas pelo patógeno no cartucho de cada planta. Nos primeiros cinco dias após a inoculação, a área experimental foi irrigada duas vezes ao dia, no período da manhã e da tarde, por aproximadamente 20 minutos cada. O experimento foi conduzido sob alta umidade, por meio de irrigações diárias e manutenção da umidade na superfície do solo.

### 3.5. Avaliação da produtividade

No experimento I, para a determinação do rendimento de grãos, a área útil de cada parcela foi colhida. Posteriormente, realizou-se a debulha, a pesagem, a aferição da umidade e correção do estande para um padrão de 50 plantas por parcela, mediante técnica de análise de covariância indicada por Vencovsky e Cruz (1991).

Os dados referentes ao rendimento de grãos foram corrigidos para kg ha<sup>-1</sup> com umidade de 13% na base úmida, utilizando-se a fórmula:

$$RG = (PG * K) * [(100 - UM) / (100 - UD)]$$

em que:

$RG$  = rendimento de grãos em kg ha<sup>-1</sup>;

$PG$  = massa dos grãos da parcela em toneladas;

$K$  = constante definida por: 10.000m<sup>2</sup> divididos pela área útil da parcela (9m<sup>2</sup>);

$UM$  = umidade de colheita;

$UD$  = umidade desejada para correção (13%).

### 3.6. Avaliações da severidade

No experimento I uma avaliação de severidade foi realizada, no estágio de grão pastoso, para duas doenças de ocorrência natural, a cercosporiose (*Cercospora zeina*) e mancha de *Phaeosphaeria* (*Phaeosphaeria maydis*).

Para cada parcela, oito plantas e três folhas por planta (folha da espiga, folha imediatamente abaixo da espiga e folha imediatamente acima da espiga), foram avaliadas individualmente quanto às severidades de cercosporiose e mancha de *Phaeosphaeria* (ou seja, a porcentagem de área foliar afetada por cada doença). Os valores de severidade das 24 folhas compuseram a média da parcela.

Para auxiliar as estimativas de severidade de cercosporiose, foi utilizada a escala de Smith (1989), com classes de 0, 2, 5, 10, 20, 35 e 50% de severidade. Para mancha de *Phaeosphaeria*, as estimativas de severidade foram realizadas com o auxílio da escala de Sachs et al. (2011), com classes de 1, 3, 6, 13, 25, 43, 63 e 79% de severidade.

No experimento II, para cada parcela, 5 plantas foram avaliadas 40 dias após a inoculação. Para fazer a avaliação, coletou-se uma folha por planta e estas foram avaliadas individualmente. Utilizou-se os valores de severidade das 5 folhas para o cálculo da média da parcela.

Para fins de comparação, três metodologias diferentes de avaliação foram utilizadas para obter as estimativas de severidade da *Cercospora zeina*. Na primeira (método 1), a variável resposta foi a porcentagem de área foliar afetada pela doença, avaliada visualmente, utilizando a escala de Smith (1989), com classes de 0, 2, 5, 10, 20, 35 e 50% de severidade. Na segunda (método 2), foi tirada uma fotografia das folhas sintomáticas e com a ajuda do software Assess 2.0 (*American Phytopathological Society*) foi quantificada a porcentagem da área foliar lesionada. Na terceira (método 3), com a ajuda da escala de Smith (1989), utilizou-se notas de 1 a 7 como variável resposta. A nota 1 corresponde a 0%, 2 a 2%, 3 a 5%, 4 a 10%, 5 a 20%, 6 a 35% e 7 a 50% de severidade.

### **3.7. Análise de variância**

As análises de variância foram feitas no delineamento blocos completos, casualizados, com testemunhas adicionais, considerando o efeito de tratamento como fixo, utilizando o Programa Genes (Cruz, 2006), que é destinado à análise e ao processamento de dados das áreas de genética e estatística experimental desenvolvidos pela Universidade Federal de Viçosa. As médias foram comparadas pelo teste de agrupamento proposto por Scott-Knott (1974), considerando um nível de 5% de probabilidade, utilizando o programa Sisvar 4.2 (Ferreira, 2003).

As análises de variância seguiram o modelo matemático-estatístico abaixo:

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

em que:

$Y_{ij}$  = valor observado na unidade experimental referente ao i-ésimo genótipo do j-ésimo bloco;

$\mu$  = média geral do ensaio;

$g_i$  = efeito do genótipo i, no j-ésimo bloco, (i = 1, 2, ..., I);

$b_j$  = efeito do bloco j, (j = 1, 2, ..., J);

$\varepsilon_{ij}$  = erro aleatório.

A seguir, é mostrado o esquema do resultado da análise de variância, quando se tem mais de uma testemunha (Quadro 3).

Quadro 3 - Esquema da análise de variância no delineamento blocos completos ao acaso, com testemunhas adicionais

FV	GL	SQ	QM	F
Blocos	r-1	SQB	QMB	
Tratamentos	(G-1)	SQT	QMT	QMT/QMR
Genótipos (G)	(g-1)	SQG	QMG	QMG/QMR
Linhagens (L)	l-1	SQL	QML	QML/QMR
Híbridos (H)	h-1	SQH	QMH	QMH/QMR
L vs H	1	SQLvsH	QMLH	QMLH/QMR
Testemunha (T)	t-1	SQTe	QMTe	QMTe/QMR
G vs T	1	SQGvsTe	QMGr	QMGr/QMR
Resíduo	(r-1)(G-1)	SQR	QMR	
Total	rG-1	SQTo		

### 3.8. Análise dialélica parcial

As médias das variáveis respostas e seus respectivos quadrados médios foram utilizadas para proceder às análises dialélicas, seguindo o modelo de dialelo parcial de Geraldi e Miranda Filho (1988), numa adaptação do modelo 4 de Griffing (1956). As análises dialélicas foram procedidas com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2006).

Utilizaram-se as médias transformadas para a variável severidade. Para isso, foi considerado o seguinte modelo matemático-estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(d_1 + d_2) + g_i + g'_j + s_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}.$$

em que:

$Y_{ij}$  = é a média do cruzamento envolvendo o i-ésimo genitor do grupo 1 e o j-ésimo genitor do grupo 2;

$Y_{i0}$  = é a média do i-ésimo genitor do grupo 1 ( $i = 0, 1, \dots, p$ );

$Y_{0j}$  = é a média do j-ésimo genitor do grupo 2 ( $j = 0, 1, \dots, q$ );

$\mu$  = média geral do dialeto;

$d_1, d_2$  = contrastes envolvendo médias dos grupos 1 e 2 e a média geral;

$g_i$  = efeito da capacidade geral de combinação do i-ésimo genitor do grupo 1;

$g'_j$  = efeito da capacidade geral de combinação do j-ésimo genitor do grupo 2;

$s_{ij}$  = efeito da capacidade específica de combinação; e

$\bar{\varepsilon}_{ij}$  = erro experimental médio.

O resultado da análise de variância é apresentado conforme o Quadro 4.

Quadro 4 - Esquema da análise de variância dialélica, segundo a metodologia de Geraldi e Miranda Filho (1988), adaptada de Griffing (1956)

FV	GL	SQ	QM	F
Tratamentos	pq+p+q-1	SQTr	QMTr	
Grupos (G1 vs G2)	1	SQG	QMG	QMG/QMR
CGC - G1	p-1	SQCGC1	QMCGC1	QMCGC1/QMR
CGC - G2	q-1	SQCGC2	QMCGC2	QMCGC2/QMR
CEC	pq	SQCEC	QMCEC	QMCEC/QMR
Resíduo	f		QMR	

f: graus de liberdade do resíduo fornecido previamente pela análise de variância.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Análises dialélicas e efeitos gênicos do experimento I

#### 4.1.1. Análise de variância

As pressuposições da análise de variância foram examinadas por meio do teste de Levene (homogeneidade de variâncias entre tratamentos), por meio do qual os erros foram estimados, descontando-se a média dos blocos, e o teste de Lilliefors (normalidade dos erros). Para atender aos pressupostos, os dados de severidade foram transformados para  $(x + 1)^{0,5}$ . Após a transformação dos dados, verificou-se que não houve diferenças no ranqueamento das médias fenotípicas quando comparadas com as médias originais.

A análise de variância obtida para os caracteres avaliados no experimento I, encontra-se apresentada no Quadro 5. Para as três variáveis verificaram-se diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) entre médias de tratamentos, evidenciando a existência de variabilidade genética entre as combinações híbridas, linhagens e testemunhas que constituíram o experimento.

Para todos os caracteres, houve diferença significativa ( $p < 0,01$ ) para os desdobramentos linhagens, híbridos e o contraste linhagens vs híbridos, indicando que o comportamento médio das linhagens foi diferente do comportamento médio dos híbridos e que há uma grande variabilidade existente dentro de cada grupo.

A precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação (CVe) foi de 4,6% para rendimento de grãos, considerado baixo segundo Scapim et al. (1995).

Para o caractere rendimento de grão, nota-se que houve diferença significativa, a 1% de probabilidade, para o contraste genótipos vs testemunhas. As testemunhas, em média, são superiores às combinações híbridas e linhagens, havendo um acréscimo na produtividade para as testemunhas consideradas tolerantes à cercosporiose. O mesmo ocorre com a variável severidade para ambos os patógenos, em que há diferença significativa de severidade entre as testemunhas e os genótipos.

Para severidade às doenças, a diferença entre a média das combinações híbridas e das testemunhas não é muito pronunciada. As médias, tanto das

testemunhas, quanto das combinações híbridas, são inferiores à média das linhagens, indicando que, em média, há uma maior susceptibilidade das linhagens em relação aos outros genótipos envolvidos no experimento.

Quadro 5 - Quadrados médios da análise de variância dos caracteres rendimento de grãos (RG), em kg ha<sup>-1</sup>, e severidade, em porcentagem (dados transformados), para *Cercospora zeina* e *Phaeosphaeria maydis* sob infecção natural

Fontes de variação	Quadrados médios			
	gl	RG	<i>C. zeina</i>	<i>P. maydis</i>
Blocos	1	12,72	0,33	0,01
Tratamentos (T)	50	10363011,73**	3,80**	4,93**
Genótipos (G)	(40)	8221512,34**	3,69**	5,04**
Linhagens (L)	10	520894,24**	4,52**	6,46**
Híbridos (H)	29	2563889,37**	2,67**	3,63**
L vs H	1	249298759,45**	24,94**	31,48**
Testemunha (T)	9	1249244,52**	4,39**	4,56**
G vs T	1	178046892,02**	2,61**	4,11**
Resíduo	50	59059,50	0,17	0,16
Média geral <sup>1</sup>		5273,42	3,33 (10,09)	3,41 (10,63)
Média dos genótipos <sup>1</sup>		4620,93	3,41 (10,63)	3,51 (11,32)
Média das linhagens Grupo 1 <sup>1</sup>		1693,71	4,39 (18,27)	4,69 (21,00)
Média das linhagens Grupo 2 <sup>1</sup>		1780,62	4,27 (17,23)	4,42 (18,54)
Média dos híbridos <sup>1</sup>		5676,49	3,08 (8,49)	3,14 (8,86)
Média das testemunhas <sup>1</sup>		7948,64	3,00 (8,00)	3,01 (8,06)
Médias das testemunhas susceptíveis <sup>1</sup>		7760	3,65 (12,32)	3,79 (13,36)
Médias das testemunhas tolerantes <sup>1</sup>		8136,6	2,36 (4,57)	2,23 (3,97)
CVe (%)		4,6	12,7	11,84

\*\*Significativo (P<0,01) pelo teste F; <sup>1</sup>Médias destransformadas entre parênteses.

As médias dos caracteres envolvidos no experimento I são apresentadas no Quadro 6, juntamente com seus agrupamentos pelo teste de Scott-Knott (1974), a 5% de probabilidade.

Para rendimento de grãos, observou-se a formação de doze grupos. As testemunhas foram os tratamentos que apresentaram maiores valores para esta característica, com destaque para os híbridos DKB390, AS1575 e AG7088, com seus respectivos rendimentos de grãos de 9192,00 kg ha<sup>-1</sup>, 9094,12 kg ha<sup>-1</sup>, e 8899,78 kg ha<sup>-1</sup>. A combinação híbrida que mais se destacou foi 1x2', seguida pela 3x4', com respectivos rendimentos de grãos de 8492,02 kg ha<sup>-1</sup> e 7660,00 kg ha<sup>-1</sup>.

Estes genótipos apresentaram alto desempenho, considerando que o rendimento médio no Brasil é de 4900,00 kg ha<sup>-1</sup> e no estado do Paraná é de 5927,00 kg ha<sup>-1</sup> (Conab, 2013).

Para a variável severidade em relação à cercosporiose, observou-se a formação de seis grupos. As testemunhas AG7088 e DKB370 apresentaram as menores médias de severidade e a linhagem que apresentou menor valor de severidade foi a F<sub>2</sub>, seguida pela linhagem F<sub>4</sub>. As combinações híbridas que apresentaram menores valores de severidade foram 2x1', 2x2', 2x3', 2x5', 2x6', 3x3', 4x3' e 4x6'. Nota-se que a maioria das combinações híbridas que obtiveram menores valores de severidade para cercosporiose possui o genitor F<sub>2</sub> participando da combinação híbrida. No entanto, a mesma linhagem apresentou um dos menores valores de rendimento de grãos.

Para a variável severidade em relação à mancha de *Phaeosphaeria*, observou-se a formação de sete grupos. As testemunhas que apresentaram menores médias de severidade foram AS1551, DKB390, AG7088 e DKB370. As combinações híbridas que apresentaram menores valores de severidade foram 1x1', 1x3', 1x4', 1x5', 2x4', 2x5', 3x4', 3x5' e 4x3'. Novamente a linhagem F<sub>2</sub> foi a que apresentou menor média entre as demais linhagens.

Quadro 6 - Valores médios para rendimento de grãos (RG), em kg ha<sup>-1</sup>, e severidade, em porcentagem, para *Cercospora zeina* e *Phaeosphaeria maydis* sob infecção natural de 30 combinações híbridas resultantes do dialelo parcial, 11 genitores e 10 testemunhas comerciais

Genótipos	RG	<i>C. zeina</i>	<i>C. zeina</i> <sup>1</sup>	<i>P. maydis</i>	<i>P. maydis</i> <sup>1</sup>
1 x 1'	7005,85 d	3,32 c	10,02	1,73 g	1,99
1 x 2'	8492,02 b	2,45 d	5,00	2,45 f	5,00
1 x 3'	6061,32 e	3,95 b	14,60	2,09 g	3,37
1 x 4'	5337,38 g	4,58 b	19,98	1,39 g	0,93
1 x 5'	5381,92 g	4,58 b	19,98	1,73 g	1,99
1 x 6'	5762,47 f	2,45 d	5,00	2,45 f	5,00
2 x 1'	4223,59 h	1,73 e	1,99	3,32 e	10,02
2 x 2'	5627,76 f	2,09 e	3,37	2,88 e	7,29
2 x 3'	5856,96 f	1,73 e	1,99	2,88 e	7,29
2 x 4'	6466,00 e	2,88 d	7,29	2,09 g	3,37
2 x 5'	6375,00 e	2,09 e	3,37	1,73 g	1,99
2 x 6'	4853,50 g	1,73 e	1,99	3,95 d	14,60
3 x 1'	5698,35 f	6,00 a	35,00	2,45 f	5,00
3 x 2'	5737,53 f	3,32 c	10,02	3,32 e	10,02
3 x 3'	5688,50 f	1,73 e	1,99	2,45 f	5,00
3 x 4'	7660,00 c	3,32 c	10,02	2,09 g	3,37
3 x 5'	4872,12 g	2,45 d	5,00	1,73 g	1,99

Quadro 6, Cont..

3 × 6'	6402,58 e	2,45 d	5,00	4,58 d	19,98
4 × 1'	4926,01 g	2,88 d	7,29	4,58 d	19,98
4 × 2'	5260,95 g	3,95 b	14,60	4,58 d	19,98
4 × 3'	5812,50 f	2,09 e	3,37	2,09 g	3,37
4 × 4'	5056,50 g	2,88 d	7,29	2,88 e	7,29
4 × 5'	3387,84 j	2,45 d	5,00	3,32 e	10,02
4 × 6'	3316,14 j	1,73 e	1,99	6,00 b	35,00
5 × 1'	3717,83 i	3,32 c	10,02	3,95 d	14,60
5 × 2'	6146,59 e	3,32 c	10,02	4,58 d	19,98
5 × 3'	6487,11 e	2,88 d	7,29	6,00 b	35,00
5 × 4'	6699,70 e	5,29 a	26,98	2,45 f	5,00
5 × 5'	5705,87 f	5,29 a	26,98	2,45 f	5,00
5 × 6'	6282,50 e	3,32 c	10,02	6,00 b	35,00
F <sub>1</sub>	1194,00 l	6,00 a	35,00	3,95 d	14,60
F <sub>2</sub>	1066,65 l	1,05 f	0,10	1,05 g	0,10
F <sub>3</sub>	1778,56 k	6,00 a	35,00	6,00 b	35,00
F <sub>4</sub>	2907,30 j	2,88 d	7,29	5,29 c	26,98
F <sub>5</sub>	1523,79 l	6,00 a	35,00	7,14 a	49,98
D <sub>1</sub>	2075,70 k	3,32 c	10,02	5,29 c	26,98
D <sub>2</sub>	1692,55 k	4,58 b	19,98	6,00 b	35,00
D <sub>3</sub>	2055,73 k	4,58 b	19,98	2,45 f	5,00
D <sub>4</sub>	1968,64 k	4,58 b	19,98	2,88 e	7,29
D <sub>5</sub>	1408,81 l	3,95 b	14,60	4,58 d	19,98
D <sub>6</sub>	1483,96 l	4,58 b	19,98	5,29 c	26,98
AS1575	9094,12 a	3,95 b	14,60	3,32 e	10,02
P3041	7500,00 c	3,32 c	10,02	3,32 e	10,02
P30B39	7285,50 d	2,09 e	3,37	4,58 d	19,98
AS1551	7653,00 c	3,32 c	10,02	1,73 g	1,99
DKB390	9192,00 a	3,95 b	14,60	1,73 g	1,99
P32R22	7498,61 c	2,88 d	7,29	3,32 e	10,02
AG7088	8899,78 a	1,05 f	0,10	1,73 g	1,99
DKB979	7810,83 c	2,45 d	5,00	3,32 e	10,02
CD382	7325,00 d	6,00 a	35,00	6,00 b	35,00
DKB370	7227,54 d	1,05 f	0,10	1,05 g	0,10
Média geral	5273,42	3,33	11,95	3,42	13,09

Médias seguidas por mesmas letras pertencem a um mesmo grupo, de acordo com o critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

<sup>1</sup>Médias destransformadas.

#### 4.1.2. Análise dialélica, capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação

A análise dialélica correspondente ao experimento I está apresentada no Quadro 7. Para todos os caracteres avaliados, observa-se diferença significativa ( $p < 0,01$ ) no efeito da CGC tanto para o conjunto de linhagens do grupo 1, quanto para o conjunto de linhagens do grupo 2, indicando que há variação entre as linhagens dentro de cada grupo.

Para rendimento de grãos e severidade da *C. zeina*, a magnitude dos quadrados médios para CGC e da porcentagem associada à soma de quadrado da CGC indica a predominância de efeitos aditivos mais pronunciados no conjunto genotípico do grupo 1. O inverso ocorre com a severidade da *P. maydis*, indicando haver predominância de efeitos aditivos mais elevados no conjunto genotípico do grupo 2. Esta diferença entre os grupos 1 e 2 é significativa a 1% de probabilidade (Quadro 7).

De acordo com Vencovsky e BARRIGA (1992), a CEC não acusa significância na ausência de dominância. No Quadro 7, verifica-se que a CEC apresentou efeito significativo ( $p < 0,01$ ), indicando que, além da aditividade, a presença de ação gênica não-aditiva foi significativa entre os *loci* relacionados aos caracteres avaliados. Esta significância indica que as combinações híbridas apresentam desempenho superior ou inferior ao esperado com base nas estimativas da CGC de seus genitores, evidenciando que os parentais apresentam entre si um apreciável grau de complementação gênica em relação às freqüências dos alelos nos *loci* que apresentam dominância. Este desvio de comportamento indica que algumas combinações híbridas foram favoráveis ou desfavoráveis para a redução da severidade das doenças e aumento do rendimento de grãos.

Para os três caracteres estudados, as porcentagens associadas às somas de quadrados das capacidades gerais de combinação e da capacidade específica de combinação indicam que a variabilidade genética não-aditiva (expressa pela CEC) é predominante e comparativamente maior do que a variabilidade aditiva (expressa pela CGC). Segundo Sprague e Tatum (1942), para linhagens selecionadas, a CEC é mais importante que a CGC, principalmente para rendimento de grãos. Segundo Cruz et al. (2012), as estimativas de CGC proporcionam informações acerca da concentração de genes predominantemente aditivos em programas de melhoramento intrapopulacional. Esta ferramenta tem sido amplamente utilizada, pois indica quais os genitores serão utilizados no programa.

Para a resistência à cercosporiose, a significância para ambas as capacidades de combinação (CGC e CEC) também foi relatada por outros autores, indicando a existência de variabilidade tanto para efeitos aditivos quanto para não-aditivos (Parentoni et al., 1991; Engelsing et al., 2011).

Elwinger et al. (1990) afirmam que, além do efeito gênico aditivo, os efeitos de dominância são também importantes para o controle da resistência a

cercosporiose, indicando que o controle genético do caráter pode variar entre diferentes fontes de resistência. Das et al. (1989a, 1989b) e Amaral (2005) também verificaram que os efeitos dominantes são mais importantes que os aditivos, para a resistência à mancha de *Phaeosphaeria*. Vários estudos apresentam resultados contrários a estes, evidenciando uma predominância de efeitos gênicos aditivos em detrimento aos não-aditivos para resistência a doenças foliares estudadas (Gevers et al., 1994; Welz e Geiger, 2000; Takamiya e Shigeyuki, 2000; Menkir e Ayodele (2005); Vanegas-Angaritas et al., 2007; Derera et al., 2008; Vieira, 2010).

Quadro 7 - Quadrados médios da análise dialélica do rendimento de grãos (RG), em kg ha<sup>-1</sup>, e severidade, em porcentagem (dados transformados), para *Cercospora zeina* e *Phaeosphaeria maydis* sob infecção natural de 30 híbridos resultantes do dialelo parcial

Fontes de Variação	gl	Quadrados médios		
		RG	<i>C. zeina</i>	<i>P. maydis</i>
Tratamentos	40	13793026,97**	6,08**	7,51**
Grupos (G1 vs G2)	1	3317534,47**	2,81**	3,61**
CGC - G1	4	4629090,05**	13,11**	4,28**
CGC - G2	5	1219176,70**	6,46**	9,03**
CEC	30	17459710,02**	5,18**	7,81**
Resíduo	50	59059,5	0,027	0,16
% SQG Grupos		0,6	1,2	1,2
% SQG grupo 1		3,4	21,6	5,7
% SQG grupo 2		1,1	13,2	15,0
% SQS		94,9	64,0	78,1

\*\* -Significativo (P<0,01) pelo teste F.

As estimativas de capacidade geral de combinação dos parentais são apresentadas no Quadro 8. Considerou-se haver diferenças entre os efeitos de dois genitores, quando o mesmo superou em, pelo menos duas vezes, o desvio-padrão (Singh e Chaudhary, 1979).

Segundo Cruz e Vencovsky (1989), um baixo valor de  $\hat{g}_i$  indica que a média dos híbridos em que a linhagem participa não difere muito da média geral do dialelo. Alto valor, positivo ou negativo, indica que os cruzamentos nos quais uma mesma linhagem participa e supera os cruzamentos com outras linhagens em comum. As linhagens que possuem maior freqüência de alelos favoráveis são aquelas que

apresentam maiores  $\hat{g}_i$  e devem ser utilizadas em combinações híbridas, pois a capacidade combinatória é uma característica herdável.

A linhagem F<sub>1</sub> se destacou dentre as demais, com  $\hat{g}_i$  positivo relevante, seguida das linhagens D<sub>2</sub> e D<sub>4</sub>, atuando de forma a aumentar o rendimento de grãos nas combinações híbridas em que fazem parte. De maneira oposta, as linhagens F<sub>4</sub> e D<sub>6</sub> contribuíram para a redução do rendimento de grãos.

Quando se trata de resistência a doenças, os valores desejáveis são os de  $\hat{g}_i$  e  $\hat{g}'_j$  negativos, pois estas linhagens contribuem para reduzir a média geral do dialelo, ou seja, diminuir a severidade da doença.

Para resistência à *C. zeina*, a linhagem F<sub>2</sub> foi a que mais contribuiu para a redução da severidade, seguida pelas linhagens D<sub>6</sub> e F<sub>4</sub>. De maneira oposta, as linhagens F<sub>1</sub> e D<sub>1</sub> foram as que contribuíram para aumento da susceptibilidade das combinações híbridas de que fizeram parte.

As linhagens D<sub>4</sub> e D<sub>5</sub> são as mais indicadas para contribuições na resistência a *P. maydis*, seguidas pelas linhagens F<sub>3</sub> e F<sub>2</sub>. De maneira oposta, a linhagem D<sub>1</sub> apresentou maior contribuição para a susceptibilidade à doença.

Quadro 8 - Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_i$  e  $\hat{g}'_j$ ) para rendimento de grãos (RG), em kg ha<sup>-1</sup>; e severidade, em porcentagem, para *Cercospora zeina* e *Phaeosphaeria maydis* sob infecção natural

Linhagens	RG	<i>C. zeina</i>	<i>P. maydis</i>
Grupo 1 - Duro		$\hat{g}_i$	
1 (F <sub>1</sub> )	641,66	1,24	0,44
2 (F <sub>2</sub> )	-126,7054	-0,85	-0,48
3 (F <sub>3</sub> )	138,97	-0,15	-0,51
4 (F <sub>4</sub> )	-690,9	-0,48	0,17
5 (F <sub>5</sub> )	36,97	0,25	0,37
DP ( $\hat{g}_i - \hat{g}_i$ )	48,6	0,032	0,08
1' (D <sub>1</sub> )	-37,87	1,05	1,01
2' (D <sub>2</sub> )	265,19	-0,19	0,03
3' (D <sub>3</sub> )	114,29	-0,5	-0,21
4' (D <sub>4</sub> )	260,26	0,22	-0,72
5' (D <sub>5</sub> )	-350,7541	-0,01	-0,72
6' (D <sub>6</sub> )	-251,13	-0,58	0,61
DP ( $\hat{g}'_j - \hat{g}'_j$ )	52,28	0,035	0,08

Considerando as três características simultaneamente, uma dificuldade para o melhoramento é o fato de não haver uma linhagem que agregue todas as características desejáveis. Por exemplo, a linhagem F<sub>2</sub> apresentou contribuições favoráveis para a resistência às doenças, mas contribuiu negativamente com o rendimento de grãos. A linhagem D<sub>4</sub> apresentou contribuição favorável para a resistência a *P. maydis* e contribuiu positivamente para o aumento no rendimento de grãos, mas sua contribuição para a resistência a *C. zeina* ficou na média do dialelo (próximo de zero).

Segundo Gomes et al. (2000), os efeitos da CEC podem ser interpretados como o desvio de um híbrido em relação ao que seria esperado com base na CGC de seus parentais. Baixos valores de  $\hat{s}_{ij}$  revelam que os híbridos apresentam comportamento esperado com base na CGC, enquanto altos valores de  $\hat{s}_{ij}$  indicam um desempenho favorável ou desfavorável em relação ao esperado. A combinação híbrida mais desejada é aquela que apresenta uma alta estimativa de CEC e a presença de pelo menos um dos genitores com elevada estimativa de CGC (Cruz et al., 2012).

As estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação estão apresentadas no Quadro 9. Dentre as relevantes, as combinações híbridas que mais se destacaram para rendimento de grãos foram 1x2', 3x4' e 2x5'. Os genitores F<sub>1</sub> e D<sub>2</sub> apresentaram valores altos de  $\hat{g}_i$  e  $\hat{g}'_j$ , respectivamente, resultando em um híbrido de alto  $\hat{s}_{ij}$ . Para a combinação híbrida 3x4', as estimativas do  $\hat{g}_i$  e  $\hat{g}'_j$  de seus genitores também foram favoráveis ao aumento da estimativa de  $\hat{s}_{ij}$ . Em contrapartida, ao verificar as estimativas de  $\hat{g}_i$  e  $\hat{g}'_j$  dos genitores F<sub>2</sub> e D<sub>5</sub>, nota-se que ambas são desfavoráveis ao incremento do rendimento de grãos, apresentando estimativas negativas de CGC e indicando que nem sempre um híbrido de alto valor de  $\hat{s}_{ij}$  possui genitores com estimativas de  $\hat{g}_i$  e  $\hat{g}'_j$  também elevadas. Isso sugere que a linhagem F<sub>2</sub> apresenta alto grau de complementação alélica com a linhagem D<sub>5</sub>. Ainda no tocante ao rendimento de grãos, as combinações híbridas 1x1', 2x4', 3x6', 4x3', 5x3', 5x4' e 5x6' também apresentaram elevadas estimativas de  $\hat{s}_{ij}$ . Nestes casos, pelo menos um dos genitores apresentou elevado valor de  $\hat{g}_i$  e  $\hat{g}'_j$ ,

confirmando a eficiência da metodologia usada por Cruz et al. (2012) na escolha de híbridos.

Cinco combinações híbridas (1x1', 1x2', 1x6', 2x1' e 5x1') se destacaram em relação às estimativas de CEC ( $\hat{s}_{ij}$ ) para a severidade de *C. zeina*. Dentre elas, as combinações 1x2', 1x6' e 2x1' apresentaram pelo menos um dos genitores com estimativas da CGC ( $\hat{g}_i$  e  $\hat{g}'_j$ ) negativas. As combinações híbridas 1x1' e 5x1' apresentaram todos os genitores com elevadas estimativas de  $\hat{g}_i$  e  $\hat{g}'_j$ , porém, as combinações híbridas se destacaram para a resistência à *C. zeina* devido ao alto grau de complementação alélica entre as linhagens para o aumento da resistência.

Sete combinações híbridas (1x1', 1x2', 1x3', 1x4', 1x5', 1x6' e 3x1') se destacaram em relação às estimativas de CEC ( $\hat{s}_{ij}$ ) para a severidade de *P. maydis*. Nota-se que praticamente todas as combinações híbridas formadas possuem a linhagem F<sub>1</sub> fazendo parte das combinações híbridas, indicando que possivelmente este genitor tenha apresentado uma alta complementação alélica com as linhagens do grupo dentado, haja vista esta linhagem ter apresentado  $\hat{g}_i$  favorável para resistência à doença. As combinações híbridas 1x1', 1x2' e 1x6' apresentaram todos os genitores com elevadas estimativas de  $\hat{g}_i$  e  $\hat{g}'_j$  (o que é desfavorável para resistência), porém, como evidenciado anteriormente para *C. zeina*, os valores de  $\hat{s}_{ij}$  das combinações híbridas destacaram-se para resistência a *P. maydis*.

As combinações híbridas que melhor agregaram as três características, de forma a contribuir para o rendimento de grãos e aumento da resistência às doenças foram 1x1' e 1x2'. Nestas combinações híbridas, as plantas possivelmente mantiveram os tecidos fotossintéticos ilesos, devido à redução do número e da área das lesões causados pela resistência, permitindo uma boa interceptação da radiação solar e a translocação dos produtos da fotossíntese.

Muitas combinações híbridas apresentaram estimativas de CEC ( $\hat{s}_{ij}$ ) relevantes para as três características estudadas, indicando que estas combinações apresentaram comportamento diferenciado em relação ao esperado pela CGC de suas linhagens genitoras. Isso corrobora a afirmativa de que os desvios dos efeitos esperados, conforme a aditividade, associados à dominância e/ou epistasia, têm grande importância para a expressão do rendimento de grãos e resistência às duas

doenças foliares avaliadas. Como os efeitos não-aditivos se mostraram importantes, uma possibilidade dentro do programa de melhoramento é a formação de híbridos a partir das linhagens promissoras.

Quadro 9 - Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação ( $\hat{s}_{ij}$ ), para rendimento de grãos (RG), em kg ha<sup>-1</sup>, e severidade, em porcentagem (dados transformados), para *Cercospora zeina* e *Phaeosphaeria maydis* sob infecção natural

Combinções	RG	<i>C. zeina</i>	<i>P. maydis</i>
Híbridas		$\hat{s}_{ij}$	
1 x 1'	2164,88	-1,50	-2,34
1 x 2'	3348,81	-1,12	-0,64
1 x 3'	1069,03	0,69	-0,75
1 x 4'	198,74	0,59	-0,93
1 x 5'	853,76	0,82	-0,60
1 x 6'	1135,61	-0,73	-1,22
2 x 1'	151,84	-0,98	0,18
2 x 2'	1252,18	0,63	0,72
2 x 3'	1632,08	0,57	0,98
2 x 4'	2096,11	1,00	0,69
2 x 5'	2616,13	0,44	0,32
2 x 6'	995,01	0,65	1,21
3 x 1'	1360,92	2,58	-0,67
3 x 2'	1096,51	1,16	1,18
3 x 3'	1198,91	-0,13	0,56
3 x 4'	3024,43	0,73	0,72
3 x 5'	847,45	0,10	0,35
3 x 6'	2277,83	0,67	1,86
4 x 1'	1418,45	-0,21	0,78
4 x 2'	1450,33	2,12	1,75
4 x 3'	2152,78	0,56	-0,48
4 x 4'	1250,81	0,62	0,83
4 x 5'	192,33	0,43	1,26
4 x 6'	21,85	0,28	2,60
5 x 1'	-518,43	-0,51	-0,05
5 x 2'	1608,09	0,74	1,56
5 x 3'	2099,51	0,61	3,23
5 x 4'	2166,13	2,29	0,19
5 x 5'	1782,45	2,52	0,19
5 x 6'	2260,33	1,13	2,40
DP ( $\hat{s}_{ij} - \hat{s}_{i'j}$ )	153,98	0,10	0,25

## 4.2. Análises dialélicas e efeitos gênicos do experimento II

### 4.2.1. Análise de variância

A análise de variância obtida para avaliar a resistência dos genótipos quando submetidos à inoculação de *Cercospora zeina* encontra-se apresentada no Quadro 10. Para as três metodologias de avaliação houve diferença significativa ( $p < 0,01$ ) entre médias de tratamentos, evidenciando a existência de variabilidade genética entre as combinações híbridas, linhagens e testemunhas que constituíram o experimento.

Para todas as metodologias, houve diferença significativa ( $p < 0,01$ ) para os desdobramentos linhagens, híbridos e o contraste linhagens vs. híbridos, indicando que o comportamento médio das linhagens foi diferente do comportamento médio dos híbridos e que há uma grande variabilidade existente dentro de cada grupo.

A precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação (CVE) foi de 31,54%, 12,7% e 11,84% para os métodos 1, 2 e 3, respectivamente. O alto valor apresentado pelo método 1 pode ser explicado pelo fato de existir a classe 0% quando os genótipos não apresentavam sintomas. Para os métodos 2 e 3 isso não ocorreu, pois no método 2 a leitura feita pelo software sempre captava algum valor, mesmo que mínimo, e no método 3 (baseado em notas) o valor mínimo é 1.

Para o contraste genótipo vs testemunhas, nota-se que houve diferença significativa, a 1% de probabilidade, apenas para o método 2. Por meio dessa metodologia, é possível verificar que, em média, as testemunhas são mais resistentes à cercosporiose em relação aos híbridos e linhagens. As informações prévias sobre a susceptibilidade e tolerância das testemunhas à cercosporiose foram confirmadas. As testemunhas tolerantes apresentaram menor média quando comparadas às testemunhas susceptíveis.

A não significância do contraste genótipos vs testemunhas para os métodos 1 e 3 pode ser explicada pelo fato de não haver valores interpolados entre as classes e notas, impedindo que haja uma discriminação mais detalhada da real severidade encontrada, como ocorre com a metodologia 2.

As médias de severidade das metodologias envolvidas no experimento II são apresentadas no Quadro 11, juntamente com seus agrupamentos pelo teste de Scott-Knott (1974), a 5% de probabilidade.

Quadro 10 - Quadrados médios da análise de variância para severidade, em porcentagem (dados transformados), para os genótipos submetidos à inoculação de *Cercospora zeina* no campo

Fontes de variação	gl	Quadrados médios		
		Método 1	Método 2	Método 3
Blocos	1	3,47	0,18	0,45
Tratamentos (T)	50	2,51**	2,99**	0,20**
Genótipos (G)	(40)	2,50**	3,12**	0,19**
Linhagens (L)	10	4,26**	4,48**	0,29**
Híbridos (H)	29	1,87**	2,69**	0,16**
L vs H	1	3,18**	1,85**	0,12**
Testemunha (T)	9	2,74**	1,67**	0,26**
G vs T	1	0,77 <sup>ns</sup>	9,71**	0,001 <sup>ns</sup>
Resíduo	50	0,65	0,02	0,04
Média geral <sup>1</sup>		2,56 (5,55)	2,92 (7,53)	1,96 (2,85)
Média dos genótipos <sup>1</sup>		2,61 (5,81)	3,07 (8,42)	1,96 (2,85)
Média das linhagens Grupo 1 <sup>1</sup>		3,41 (10,63)	3,64 (12,25)	2,12 (3,49)
Média das linhagens Grupo 2 <sup>1</sup>		2,53 (5,40)	3,05 (8,30)	1,95 (2,80)
Média dos híbridos <sup>1</sup>		2,49 (5,20)	2,98 (7,88)	1,94 (2,76)
Média das testemunhas <sup>1</sup>		2,38 (4,66)	2,29 (4,24)	1,95 (2,80)
Médias das testemunhas susceptíveis <sup>1</sup>		3,31 (9,96)	2,93 (7,58)	2,26 (4,11)
Médias das testemunhas tolerantes <sup>1</sup>		1,47 (1,16)	1,66 (1,76)	1,65 (1,72)
CVe (%)		31,54	5,62	10,81

-Significativo ( $P < 0,01$ ) pelo teste F; <sup>ns</sup> – Não significativo.

<sup>1</sup>Médias destransformadas entre parênteses.

Para o método 1, observou-se a formação de apenas dois grupos. Muitas combinações híbridas se destacaram em relação à baixa severidade encontrada, mas não houve uma diferença significativa entre estas combinações, impossibilitando destacar algum em específico. As linhagens com menores médias de severidade foram F<sub>2</sub>, F<sub>4</sub>, D<sub>3</sub>, D<sub>5</sub> e D<sub>6</sub> e as testemunhas que se destacaram foram os híbridos AS1575, AS1551, DKB390, AG7088, DKB979 e DKB370.

Situação similar ocorreu com o método 3. Apenas três grupos foram formados, dificultando a recomendação de combinações híbridas com baixa média de severidade, pois, apesar de haver diferenças visíveis entre as médias, estas não diferiram significativamente ( $p > 0,05$ ) das demais. As linhagens F<sub>2</sub> e D<sub>6</sub> diferiram significativamente ( $p < 0,05$ ) das demais e as testemunhas que mais se destacaram foram AS1551, AG7088 e DKB370.

As combinações híbridas 2x1', 2x3' e 4x6' se destacaram pela média baixa de severidade, diferindo significativamente ( $p < 0,05$ ) dos demais quando utilizada a

metodologia 2 de avaliação. Por meio dessa metodologia, apenas a linhagem F<sub>2</sub> se destacou, bem como os híbridos AG7088, DKB979 e DKB370. Onze grupos foram formados, evidenciando a superioridade desta metodologia para discriminar fenotipicamente os genótipos.

Quadro 11 - Valores médios de severidade, em porcentagem (dados transformados), para os genótipos submetidos à inoculação de *Cercospora zeina* no campo e avaliados por três metodologias diferentes, pareados com os respectivos valores médios destransformados

Genótipos	Método 1	M1d	Método 2	M2d	Método 3	M3d
1 x 1'	2,88 a	7,29	3,88 e	14,05	2,12 a	3,49
1 x 2'	2,09 b	3,37	2,34 i	4,48	1,86 b	2,46
1 x 3'	2,09 b	3,37	2,08 i	3,33	1,86 b	2,46
1 x 4'	2,45 b	5,00	3,22 g	9,37	2,00 a	3,00
1 x 5'	3,95 a	14,60	3,97 e	14,76	2,34 a	4,48
1 x 6'	2,09 b	3,37	2,25 i	4,06	1,86 b	2,46
2 x 1'	1,73 b	1,99	1,24 k	0,54	1,73 b	1,99
2 x 2'	1,39 b	0,93	1,82 j	2,31	1,57 c	1,46
2 x 3'	1,05 b	0,10	1,16 k	0,35	1,41 c	0,99
2 x 4'	2,52 b	5,35	3,77 e	13,21	1,98 a	2,92
2 x 5'	1,39 b	0,93	1,86 j	2,46	1,57 c	1,46
2 x 6'	1,39 b	0,93	2,10 i	3,41	1,57 c	1,46
3 x 1'	3,32 a	10,02	3,42 f	10,70	2,24 a	4,02
3 x 2'	2,09 b	3,37	2,57 h	5,60	1,86 b	2,46
3 x 3'	2,09 b	3,37	2,61 h	5,81	1,86 b	2,46
3 x 4'	3,32 a	10,02	3,53 f	11,46	2,24 a	4,02
3 x 5'	4,58 a	19,98	4,33 d	17,75	2,45 a	5,00
3 x 6'	2,45 b	5,00	2,57 h	5,60	2,00 a	3,00
4 x 1'	2,88 a	7,29	3,70 e	12,69	2,12 a	3,49
4 x 2'	2,18 b	3,75	3,19 g	9,18	1,86 b	2,46
4 x 3'	2,09 b	3,37	2,87 h	7,24	1,86 b	2,46
4 x 4'	3,95 a	14,60	4,69 c	21,00	2,34 a	4,48
4 x 5'	1,39 b	0,93	2,03 i	3,12	1,57 c	1,46
4 x 6'	1,05 b	0,10	1,21 k	0,46	1,41 c	0,99
5 x 1'	3,51 a	11,32	3,89 e	14,13	2,22 a	3,93
5 x 2'	2,45 b	5,00	2,83 h	7,01	2,00 a	3,00
5 x 3'	2,09 b	3,37	2,36 i	4,57	1,86 b	2,46

Quadro 11, cont..

5 × 4'	3,86 a	13,90	5,63 b	30,70	2,19 a	3,80
5 × 5'	4,22 a	16,81	5,54 b	29,69	2,32 a	4,38
5 × 6'	2,09 b	3,37	2,73 h	6,45	1,86 b	2,46
F <sub>1</sub>	3,32 a	10,02	3,71 e	12,76	2,24 a	4,02
F <sub>2</sub>	1,05 b	0,10	1,07 k	0,14	1,41 c	0,99
F <sub>3</sub>	4,48 a	19,07	4,97 c	23,70	2,45 a	5,00
F <sub>4</sub>	2,09 b	3,37	2,28 i	4,20	1,86 b	2,46
F <sub>5</sub>	6,00 a	35,00	6,18 a	37,19	2,65 a	6,02
D <sub>1</sub>	3,51 a	11,32	3,94 e	14,52	2,22 a	3,93
D <sub>2</sub>	3,15 a	8,92	3,89 e	14,13	2,09 a	3,37
D <sub>3</sub>	2,52 b	5,35	2,59 h	5,71	1,98 a	2,92
D <sub>4</sub>	2,88 a	7,29	3,82 e	13,59	2,12 a	3,49
D <sub>5</sub>	2,09 b	3,37	2,48 h	5,15	1,86 b	2,46
D <sub>6</sub>	1,05 b	0,10	1,58 j	1,50	1,41 c	0,99
AS1575	2,45 b	5,00	2,92 h	7,53	2,00 a	3,00
P3041	3,32 a	10,02	2,36 i	4,57	2,24 a	4,02
P30B39	2,88 a	7,29	2,64 h	5,97	2,12 a	3,49
AS1551	1,39 b	0,93	1,99 i	2,96	1,57 c	1,46
DKB390	2,45 b	5,00	2,81 h	6,90	2,24 a	4,02
P32R22	4,58 a	19,98	3,61 f	12,03	2,45 a	5,00
AG7088	1,05 b	0,10	1,05 k	0,10	1,57 c	1,46
DKB979	1,05 b	0,10	1,30 k	0,69	1,70 b	1,89
CD382	3,32 a	10,02	3,22 g	9,37	2,24 a	4,02
DKB370	1,05 b	0,10	1,05 k	0,10	1,41 c	0,99
Média geral	2,55	6,77	2,92	8,99	1,96	2,94

Médias seguidas por mesmas letras pertencem a um mesmo grupo, de acordo com o critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

#### 4.2.2. Análise dialélica, capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação

A análise dialélica correspondente ao experimento I está apresentada no Quadro 12. Para todas as metodologias utilizadas, observa-se diferença significativa ( $p < 0,01$ ) no efeito da CGC tanto para o conjunto de linhagens do grupo 1 quanto para o conjunto de linhagens do grupo 2, revelando que uma ou mais linhagens destes grupos se destacam das demais para resistência à *C. zeina*.

A magnitude dos quadrados médios para CGC e a porcentagem associada à soma de quadrado da CGC para os três métodos indicam a predominância de efeitos aditivos mais elevados no conjunto genotípico do grupo 1 e esta diferença é significativa ( $p < 0,01$ ).

Nota-se que, para as três metodologias, a CEC apresentou efeito significativo ( $p < 0,01$ ), evidenciando a presença de ação gênica não-aditiva significativa entre os *loci* relacionados à severidade. Esta significância indica que as combinações híbridas apresentam desempenho superior ou inferior ao esperado com base nas estimativas da CGC de seus genitores. Este desvio de comportamento indica que algumas combinações híbridas foram favoráveis ou desfavoráveis para a redução da severidade à *C. zeina* (Vencovsky e Barriga, 1992).

As porcentagens associadas às somas de quadrados das capacidades gerais de combinação e da capacidade específica de combinação indicam que a variabilidade genética não-aditiva (expressa pela CEC) é predominante e comparativamente maior do que a variabilidade aditiva (expressa pela CGC).

Estes resultados (utilizando genótipos inoculados) estão em consonância com o apresentado para resistência à *C. zeina* sob infecção natural (experimento I).

Quadro 12 - Quadrados médios da análise dialélica da severidade, em porcentagem (dados transformados), para os genótipos quando submetidos à inoculação de *Cercospora zeina* no campo

Fontes de Variação	gl	Quadrados médios		
		Método 1	Método 2	Método 3
Tratamentos	40	4,36**	5,81**	1,48**
Grupos (G1 vs G2)	1	8,78**	8,83**	1,38**
CGC - G1	4	9,08**	9,05**	1,62**
CGC - G2	5	2,84**	4,29**	0,65**
CEC	30	3,84**	5,52**	1,61**
Resíduo	50	0,65	0,02	0,04
% SQG Grupos		5,0	3,8	2,3
% SQG grupo 1		20,8	15,6	10,9
% SQG grupo 2		8,1	9,2	5,5
% SQS		66,1	71,4	81,3

\*\* -Significativo ( $P < 0,01$ ) pelo teste F.

As estimativas de efeitos de capacidade geral de combinação são apresentadas no Quadro 13. Assim como para o experimento I, considerou-se haver diferenças entre os efeitos de dois genitores, quando o mesmo superou, em pelo menos duas vezes, o desvio-padrão (Singh e Chaudhary, 1979).

A linhagem  $F_2$  se destacou entre as demais pelos três métodos, com  $\hat{g}_i$  negativo relevante, seguida das linhagens  $D_6$ ,  $F_4$ ,  $D_3$  e  $D_2$ , atuando de forma a

aumentar a resistência das combinações híbridas que serão participantes. De maneira oposta, as linhagens F<sub>1</sub> e D<sub>1</sub> contribuíram para o aumento da severidade das combinações híbridas.

Nota-se que os três métodos foram equivalentes na distinção entre linhagens que contribuem de forma favorável e desfavorável para resistência a *C. zeina*. No experimento I, a linhagem F<sub>2</sub> também se destacou, bem como as linhagens D<sub>6</sub> e F<sub>4</sub>, mas as linhagens D<sub>2</sub> e D<sub>3</sub> não apresentaram valores relevantes como apresentado no experimento II.

Quadro 13 - Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação de ( $\hat{g}_i$  e  $\hat{g}'_j$ ) para severidade, em porcentagem, dos genótipos quando submetidos à inoculação de *Cercospora zeina* no campo

Linhagens	Severidade		
	Método 1	Método 2	Método 3
Grupo 1 - Duro	$\hat{g}_i$		
1 (F <sub>1</sub> )	1,02	0,97	0,46
2 (F <sub>2</sub> )	-0,78	-0,83	-0,28
3 (F <sub>3</sub> )	0,05	-0,13	-0,004
4 (F <sub>4</sub> )	-0,37	-0,26	-0,15
5 (F <sub>5</sub> )	0,09	0,26	-0,02
DP ( $\hat{g}_i - \hat{g}'_i$ )	0,16	0,03	0,04
Grupo 2 - Dent	$\hat{g}'_j$		
1' (D <sub>1</sub> )	0,41	0,43	0,34
2' (D <sub>2</sub> )	-0,28	-0,29	-0,11
3' (D <sub>3</sub> )	-0,37	-0,48	-0,14
4' (D <sub>4</sub> )	0,36	0,6	0,06
5' (D <sub>5</sub> )	0,3	0,25	0,01
6' (D <sub>6</sub> )	-0,41	-0,5	-0,16
DP ( $\hat{g}'_j - \hat{g}'_{j'}$ )	0,17	0,03	0,04

As estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação estão apresentadas no Quadro 14.

Para a primeira metodologia, apenas uma combinação híbrida foi relevante em relação às demais (1x4'). Os genitores F<sub>1</sub> e D<sub>2</sub> não apresentaram estimativas de CGC favoráveis à resistência, porém o híbrido formado por esses genitores indicou uma forte complementação alélica no sentido de aumentar a resistência à *C. zeina*. Resultado semelhante ocorreu com a combinação híbrida 1x1' pelo método 3 de avaliação, sendo este o único híbrido com CEC relevante.

Por meio da metodologia 2, sete combinações híbridas apresentaram estimativas de  $\hat{s}_{ij}$  relevantes para aumento da resistência à *C. zeina* (1x2', 1x3', 1x4', 1x6', 2x1', 4x5' e 4x6'). As combinações 1x2', 1x6' e 2x1' também se destacaram pelas suas estimativas de  $\hat{s}_{ij}$  relevantes no experimento I (Quadro 9). Esse método de avaliação de doenças foi mais eficiente na discriminação da CEC entre os genótipos. Uma possível explicação para esse resultado se deve ao fato de que, por meio desta metodologia, existe a possibilidade de se obter valores intermediários entre as classes e notas de severidade, o que não acontece nos métodos 1 e 3.

A única combinação híbrida relevante que não apresentou os genitores com estimativas de CGC favoráveis foi 1x4'. As combinações híbridas 1x2', 1x3', 1x6', 2x1', 4x5' e 4x6' apresentaram pelo menos um dos genitores com valores de  $\hat{g}_i$  ou  $\hat{g}'_j$  favoráveis para resistência à *C. zeina*, com destaque para o híbrido 4x6', no qual tanto o genitor F<sub>4</sub> quanto o D<sub>6</sub> apresentaram estimativas de CGC favoráveis à resistência.

Nota-se que a maioria das combinações híbridas que contém o genitor F<sub>1</sub> em sua combinação apresentou um padrão de estimativas negativas de  $\hat{s}_{ij}$ . Outras combinações híbridas apresentaram um padrão de estimativas positivas. Segundo Cruz e Vencovsky (1989), nestas condições, há indícios de desvios de dominância, na qual se verificam genes que aumentam a expressão do caráter e outros igualmente dominantes, que as reduzem. No que se refere à resistência à *C. zeina*, existe a possibilidade de seleção de combinações híbridas potencialmente promissoras.

A linhagem F<sub>2</sub> apresentou, tanto no experimento I quanto no II, a menor estimativa de  $\hat{g}_i$ , sendo, portanto, totalmente favorável utilizá-la nas combinações híbridas para aumento da resistência à *C. zeina*. Porém, ao avaliar as estimativas de  $\hat{s}_{ij}$  das combinações híbridas, nota-se que estas apresentam apenas valores positivos (desfavorável à resistência).

É evidente a necessidade de se estudar a herança da resistência à cercosporiose por meio de uma metodologia que aborde o efeito recíproco da característica no esquema de dialelo parcial.

Quadro14 - Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação ( $\hat{s}_{ij}$ ) para severidade, em porcentagem, dos genótipos quando submetidos à inoculação de *Cercospora zeina* no campo

Combinções híbridas	$\hat{s}_{ij}$		
	Método 1	Método 2	Método 3
1 x 1'	-0,55	0,08	-0,22
1 x 2'	-0,65	-0,72	-0,01
1 x 3'	-0,56	-0,79	0,02
1 x 4'	-0,95	-0,74	-0,06
1 x 5'	0,61	0,36	0,35
1 x 6'	-0,53	-0,61	0,04
2 x 1'	0,10	-0,73	0,15
2 x 2'	0,45	0,58	0,44
2 x 3'	0,20	0,10	0,31
2 x 4'	0,94	1,63	0,69
2 x 5'	-0,14	0,05	0,32
2 x 6'	0,58	1,07	0,49
3 x 1'	0,85	0,74	0,38
3 x 2'	0,32	0,61	0,46
3 x 3'	0,41	0,84	0,49
3 x 4'	0,89	0,67	0,65
3 x 5'	2,22	1,82	0,92
3 x 6'	0,80	0,83	0,64
4 x 1'	0,85	1,14	0,40
4 x 2'	0,85	1,37	0,61
4 x 3'	0,84	1,24	0,64
4 x 4'	1,95	1,97	0,91
4 x 5'	-0,55	-0,35	0,19
4 x 6'	-0,17	-0,40	0,20
5 x 1'	1,01	0,82	0,38
5 x 2'	0,64	0,48	0,61
5 x 3'	0,37	0,19	0,51
5 x 4'	1,40	2,38	0,62
5 x 5'	1,83	2,64	0,82
5 x 6'	0,40	0,59	0,53
DP ( $\hat{s}_{ij} - \hat{s}_{i'j}$ )	0,41	0,10	0,13

Derera et al. (2008) e Engelsing et al. (2011), estudando a capacidade de combinação e efeito recíproco em genótipos de milho, não encontraram evidências sobre o efeito materno, indicando a não ocorrência de uma influência significativa dos genes citoplasmáticos. Porém, mais estudos necessitam ser realizados para certificar estes resultados.

## 5. CONCLUSÕES

a) Há variabilidade genética aditiva e não-aditiva para rendimento de grãos, resistência à cercosporiose e à mancha de *Phaeosphaeria*, caracterizando uma condição favorável para o melhoramento, porém os genes de efeito não-aditivos foram predominantes.

b) As linhagens F<sub>1</sub>, F<sub>3</sub>, D<sub>2</sub> e D<sub>4</sub> foram as que mais contribuíram para o rendimento de grãos. As linhagens F<sub>2</sub>, F<sub>4</sub>, D<sub>2</sub>, D<sub>3</sub> e D<sub>6</sub> foram as que mais contribuíram para resistência à cercosporiose. As linhagens F<sub>3</sub>, D<sub>3</sub> e D<sub>4</sub> são as mais indicadas para resistência à mancha de *Phaeosphaeria*.

c) Há maiores possibilidades de melhoramento para resistência à cercosporiose e mancha de *Phaeosphaeria*, utilizando os genes de efeito não-aditivos. Para isso, recomendam-se a formação de híbridos a partir das linhagens promissoras.

d) O método II foi mais eficiente para selecionar linhagens e diferenciá-las significativamente das demais, por permitir valores intermediários entre as classes de severidade.

e) Com relação à identificação de linhagens visando à resistência à *C. zeina*, os resultados obtidos por meio dos experimentos I e II demonstraram semelhanças para as linhagens F<sub>2</sub>, D<sub>3</sub> e D<sub>6</sub>.

f) É necessário estudar os efeitos recíprocos entre as linhagens, para avaliar a possibilidade de ocorrência de herança de efeito extracromossômico para resistência à cercosporiose.

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGROCERES. **Guia Agrocere de sanidade**. São Paulo: Sementes Agrocere, 1996. 72p.

ALEXOPOULOS, C.J.; MIMS, C.W.; BLACKWELL, M. **Introductory mycology**. 4th Ed. New York: John Willey & Sons, 1996. 869p.

AMARAL, A.L. **Etiologia e genética da resistência à mancha branca do milho**. Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2005. 93p. Tese (Doutorado em Fitotecnia).

BECK, D.L.; VASAL, S.K.; CROSSA, J. Heterosis and combining ability of CIMMYT'S tropical early and intermediate maturity maize (*Zeamays L.*) germplasm. **Maydica**, 35:279-285, 1990.

BECKMAN, P.M.; PAYNE, G.A. Cultural techniques and conditions influencing growth and sporulation of *Cercospora zae-maydis* and lesion development in corn. **Phytopathology**, 73:286-289, 1983.

BERGAMIN FILHO, A.; AMORIM, L. **Doenças de plantas tropicais: epidemiologia e controle econômico**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1996. 299p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: UFV, 2009. 529p.

BRIEGER, F.C. Origem e centros de domesticação do milho. **Ciência e Cultura**, 1:191-201, 1949.

BRITO, A.H.; VON PINHO, R.G.; POZZA, E.A.; PEREIRA, J.L.A.R.; FARIA FILHO, E.M. Efeito da cercosporiose no rendimento de híbridos comerciais de milho. **Fitopatologia Brasileira**, 32:472-479, 2007.

BRUNELLI, K.R. ***Cercospora zae-maydis*: esporulação, diversidade morfo-genética, e reação de linhagens de milho**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2004. 105p. Tese (Doutorado em Agronomia).

BRUNELLI, K.R.; DUNKLE, L.D.; SOBRINHO, C.A.; FAZZA, A.C.; CAMARGO, L.E.A. Molecular variability in the maize gray leaf spot pathogens in Brazil. **Genetics and Molecular Biology**, 31:938–942, 2008.

BUBECK, D.M.; GOODMAN, M.M.; BEAVIS, W.D.; GRANT, D. Quantitative trait *loci* controlling resistance to gray leaf spot in maize. **Crop Science**, 33:838-847, 1993.

CAMARGO, L.E.A.; BERGAMIN FILHO, A. Controle genético. In: BERGAMIN FILHO, A.; KIMATI, H.; AMORIN, L. (eds.) **Manual de Fitopatologia..** São Paulo: Agronômica Ceres, 1995. p. 729-760.

CARSON, M.L. Inheritance of resistance to *Phaeosphaeria* leaf spot of maize. **Plant Phytopathologic Societ Bulletin**, 3:7-10, 1965.

CARSON, M.L. Vulnerability of US maize germplasm to *Phaeosphaeria* leaf spot. **Plant Disease**, 83:462-464, 1999.

CARSON, M.L. Inheritance of resistance to *Phaeosphaeria* leaf spot of maize. **Plant Disease**, 85:798-800, 2001.

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S.; FERNANDES, F.T.; PINTO, N.F.J.A. Cultivo do milho: doenças foliares. **Circular Técnica 48**. Brasília: Embrapa/CNPMS, 2002. 5p.

CASELA, C.R.; FERREIRA, A.S.; PINTO, N.F.J.A. **Doenças da Cultura do Milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 14p.

CHUPP, C.A. **Monograph of the fungus genus cercospora**. New York: The Ronald Press, 1953. 667p.

COATES, S.T.; WHITE, D.G. Sources of resistance to gray leaf spot of corn. **Plant Disease**, 78:1153-1155, 1994.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos: safra 2012/2013 – Décimo levantamento**. Brasília: Conab, 2013. 29p.

COORS, J.G.; CARTER, P.R.; HUNTER, R.B. Silage corn. In: HALLAUER, A.R. (eds.). **Specialty Corns**. Boca Raton: CRC, 1994. p. 305-340.

CORREA, C.E.S.; SHAVER, R.D.; PEREIRA, M.N.; LAUER, J.G.; KOHN, K. Relationship between corn vitreousness and ruminal in situ starch degradability. **Journal of Dairy Science**, 85:3008-3012, 2002.

COSTA, F.M.P. Milho manchado. **Revista Cultivar**, 121:34-37, 2009.

CROSSA, J.; VASAL, S.K.; BECK, D.L. Combining ability estimates of CIMMYT'S tropical late yellow maize germplasm. **Maydica**, 35:273-278, 1990.

CROUS, P.W.; GROENEWALD, J.Z.; GROENEWALD, M.; CALDWELL, P.; BRAUN, U.; HARRINGTON, T.C. Species of *Cercospora* associated with gray leaf spot of maize. **Studies in Mycology**, 55:189-197, 2006.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: estatística experimental e matrizes**. Viçosa: UFV, 2006. 285p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. 480p.

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, 12:425-438, 1989.

DAS, S.N.; PRODHAN, H.S.; KAISER, S.A.K.M. Further studies on the inheritance of resistance to *Phaeosphaeria* leaf spot of maize. **Indian Journal of Mycological Research**, 27:127-130, 1989a.

DAS, S.N.; SINHAMAHAPATRA, S.P.; BASAK, S.L. Inheritance of resistance to *Phaeosphaeria* leaf spot maize. **Annual Agricultural Research of Nadia**, 10:182-184, 1989b.

DERERA, J.; TONGOONA, P.; PIXLEY, K.V.; VIVEK, B.S.; LAING, M.D.; RIJ, N.C.V. Gene action controlling gray leaf spot resistance in Southern African maize germplasm. **Crop Science**, 48:93-98, 2008.

DONAHUE, P.J.; STROMBERG, E.L.; MYERS, S.L. Inheritance of reaction to gray leaf spot in a diallel cross of 14 maize inbreds. **Crop Science**, 41:926-931, 1991.

ELWINGER, G.F.; JOHNSON, M.W.; HILL, R.R.; AYERS, J.E. Inheritance of resistance to gray leaf spot of maize. **Crop Science**, 30:350–358, 1990.

EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 1999. 412p.

ENGELSING, M.J.; ROZZETTO, D.S.; COIMBRA, J.L.M.; ZANIN, C.G.; GUIDOLIN, A.F. Capacidade de combinação em milho para resistência a *Cercospora zeae-maydis*. **Revista Ciência Agronômica**, 42:232-241, 2011.

FANCELLI, A.L.; DOURADO NETO, D. **Milho**: estratégias de manejo para alta produtividade. Piracicaba: Esalq/USP/LPV, 2003. 208p.

FANTIN, G.M. Mancha de *Phaeosphaeria*, doença do milho que vem aumentando sua importância. **O Biológico**, 56:39-39, 1994.

FANTIN, G.M.; BRUNELLI, K.R.; RESENDE, I.C.; DUARTE, A.P. **A mancha de Cercospora do milho**. Campinas: Instituto Agronômico de Campinas, 2001. 19p.

FANTIN, G.M.; DUARTE, A.P. Manejo ampliado. **Revista Cultivar Grandes Culturas**, 108:24-27, 2008.

FANTIN, G.M.; SAWAZAKI, E.; BARROS, B.C. Avaliação de variedades de milho pipoca quanto à resistência a doenças e qualidade da pipoca. **Summa Phytopathologica**, 17:90-104, 1991.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. Ames: Macmillian Publishing Company, 1993. 527p.

FERNANDES, F.T.; OLIVEIRA, E. Principais doenças na cultura do milho. **Circular técnica 26**. Sete Lagoas: Embrapa – CNPMS, 1997. 80p.

FERREIRA, D.F. **Sisvar versão 4.2**. DEX/UFLA, 2003. CD-ROM.

FORNASIERI FILHO, D. **Manual da cultura do milho**. Jaboticabal: Funep, 2007. 576p.

GALVÃO, J.C.C.; MIRANDA, G.V. **Tecnologias de produção do milho**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004. 366p.

GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, 22:439-452, 1966.

GERALDI, I.O.; MIRANDA FILHO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, 11:419-30, 1988.

GEVERS, H.O.; LAKE, J.K.; HOHLS, I. Diallel cross analysis of resistance to gray leaf spot in maize. **Plant Disease**, 78:379-383, 1994.

GOMES, M.S.; PINHO, E.V.R.; PINHO, R.G.V.; VIEIRA, M.G.G.C. Estimativas da capacidade de combinação de linhagens de milho tropical para qualidade fisiológica de sementes. **Ciência e Agrotecnologia**, 24:41-49, 2000.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. **Australian Journal of Biological Science**, 9:463-493, 1956.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press. 1995. 468p.

HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, 39:789-809, 1954.

HENNINGS, P.V. Fungi S. Paulenses II a cl. Puttermans collecti. **Hedwigia**, 41:295-311, 1902.

KUHNEN, S.; OGLIARI, J.B.; ALVES, A.C.; MARASCHIN, M. Mancha crescente. **Revista Cultivar Grandes Culturas**, 68:16-19, 2005.

LEE, M. DNA markers and plant breeding programs. **Advances in Agronomy**, 55:265-344, 1995.

LEHMENSIEK, A.; ESTERHUIZEN, A.M.; VAN STADEN, D.; NELSON, S.W.; RETIEF, A.E. Genetic mapping of gray leaf spot (GLS) resistance genes in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, 103:797-803, 2001.

LOPES, M.T.G. **Mapeamento de genes de resistência a mancha de *Phaeosphaeria* em milho**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2003. 117p. Tese (Doutorado em Agronomia).

MACHADO, A.Q.; CASSETARI NETO, D. Sucesso na safrinha. **Caderno Técnico Cultivar: Cultura do Milho**, 115:03-10, 2008.

MATHIONI, S.M. **Agressividade de isolados de *Cercospora zae-maydis* em genótipos de milho**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2006. 55p. Dissertação (Mestrado em Agronomia).

MENDES, M.C.; VON PINHO, R.G.; PEREIRA, M.N.; FILHO, E.M.F.; FILHO, A.X.S. Avaliação de híbridos de milho obtidos do cruzamento entre linhagens com diferentes níveis de degradabilidade da matéria seca. **Bragantia**, 67:285-297, 2008.

MENKIR, A.; AYODELE, M. Genetic analysis of resistance to gray leaf spot of mid altitude maize inbred lines. **Crop Science**, 45:163–170, 2005.

MIRANDA FILHO, J.B.; GORGULHO, E.P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos Genéticos e Melhoramento: Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 650-671.

NUTTER, F.W.; SCHULTZ, P.M. Improving the accuracy and precision of disease assessments: selection of methods and use of computer-aided training programs. **Canadian Journal of Plant Pathology**, 17:174-184, 1995.

OLIVEIRA, E.; FERNANDES, F.T.; CASELA, C.R.; PINTO, N.F.J.A.; FERREIRA, A.S. Diagnose e controle de doenças na cultura do milho. In: **Tecnologia de Produção do Milho: economia, cultivares, quimigação, doenças, plantas daninhas e pragas**. Viçosa: UFV, 2004. p. 227- 268.

PACCOLA-MEIRELLES, L.D.; FERREIRA, A.S.; MEIRELLES, W.F.; MARRIEL, I.E.; CASELA, C.R. Detection of a bacterium associated with a leafspot disease of maize in Brazil. **Journal of Phytopatology**, 149:275-279, 2001.

PAES, M.C.D. Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho. **Circular técnica 75**. Sete Lagoas: Embrapa – CNPMS, 2006. 6p.

PARENTONI, S.N.; GAMA, E.E.G.E.; REIFSCHNEIDER, F.J.B.; GUIMARAES, P.E.O. Avaliação da capacidade combinatória de dez linhagens de milho doce. **Horticultura brasileira**, 9:71-73, 1991.

PARLEVLIT, J.E. Disease resistance in plants and its consequences for plant breeding. In: FREY, J.K. (eds.). **Plant breeding II**. Iowa: The Iowa State University Press, 1981. p. 309-364.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 491-552.

PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 795p.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; DUDIENAS C.; SAWAZAKI, E.; LÜDERS R.R. Variabilidade Genética de Híbridos Triplos de Milho para Resistência a Ferrugem Tropical. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, 1:63-69, 2002.

PEGORARO, D.G.; BARBOSA NETO, J.F.; SOGLIO, F.K.D.; VACARO, E.; NUSS, C.N.; CONCEIÇÃO, L.D.H. Herança da resistência à mancha foliar de feosféria em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 37:329-336, 2002.

PEGORARO, D.G.; BARBOSA NETO, J.F.; VACARO, E.; NUSS, C.N.; SOGLIO, F.K.D. Efeito de época de semeadura e adubação na mancha foliar de *Phaeosphaeria* em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 36:1037-1042, 2001.

PEREIRA, O.A.P. Doenças de milho. In: KIMATI, H.; AMORIN, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A.; REZENDE, J.A.M. (eds.). **Manual de fitopatologia**. São Paulo: Ceres, 1997. p. 538-555.

PEREIRA, O.A.P.; CARVALHO, R.V.; CAMARGO, L.E.A. Doenças do milho (*Zea mays* L.). In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A. (eds.) **Manual de Fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. p. 477-488.

PHILIPPEAU, C.; MONREDON, F.D.; MICHALETDOREAU, B. Relationship between ruminal starch degradation and the physical characteristics of corn grain. **Journal of Animal Science**, 77:238-243, 1999.

PIERRE, P.M.O.; DAVIDE, L.M.C.; COUTO, E.G.O. Duplo-haplóides: Estratégias para obtenção e importância no melhoramento genético do milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, 10:1-16, 2011.

PINHO, R.G.V.; RAMALHO, M.A.P.; RESENDE, I.C.; POZAR, G.; OLIVATTO, A.N.D. Controle genético da resistência do milho às ferrugens polissora e tropical. **Fitopatologia Brasileira**, 24:394-399, 1999.

PINTO, N.F.J.A.; ANGELIS, B.; HABE, M.H. Avaliação da Eficiência de Fungicidas no Controle da Cercosporiose (*Cercospora zeae-maydis*) na Cultura do Milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, 3:139-145, 2004.

REIS, E.M.; CASA, R.T.; BRESOLIN, A.C.R. **Manual de diagnose e controle de doenças do milho**. Passo Fundo: Aldeia Norte, 2004. 141p.

RINGER, C.E.; GRYBAUSKAS, A.P. Infection cycle components and disease progress of gray leaf spot on field cover. **Plant Disease**, 79:24-28, 1995.

SACHS, P.J.D.; NEVES, C.C.S.V.J.; CANTERI, M.G.; SACHS, L.G. Escala diagramática para avaliação da severidade da mancha branca em milho. **Summa Phytopathologica**, 37:202-204, 2011.

SAGHAI MARROF, M.A.; ZUE, Y.G.; XIANG, Z.X.; STROMBERG, E.L.; RUFENER, G.K. Identification of quantitative trait loci controlling resistance gray leaf spot disease in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, 93:539-546, 1996.

SAWAZAKI, E.; DUDIENAS, C.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; GALVÃO, J.C.C.; CASTRO, J.L.; PEREIRA, J. Reação de cultivares de milho a mancha de *Phaeosphaeria* no Estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 32:585-589, 1997.

SCAPIM, C.A.S.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 30:683-686, 1995.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A.A. cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, 30:507-512, 1974.

SHULL, G.H.A. pure line method of corn breeding. **Report of American Breeders Association**, 5: 51-59, 1909.

SILVA, H.P.; MENTEN, J.O.M. Manejo integrado de doenças na cultura do milho. In: FANCELLI, A.L.; DOUTORADO-NETO, D. (org.). **Tecnologia da produção de milho**. Piracicaba: Esalq/USP, 1997. p. 40-56.

SILVA, H.P.; MORO, J.R. Diallel analysis of maize resistance to *Phaeosphaeria maydis*. **Scientia Agricola**, 61:36-42, 2004.

SINGH, R.K.; CHAUDHARY, B.D. **Biometrical methods in quantitative genetic analysis**. New Delhi: Kalyani, 1979. 304p.

SMITH, K.L. **Epidemiology of gray leaf spot of field corn (*Zea mays L.*) caused by *Cercospora zea-maydis* Tehon & Daniels**. Maryland: University of Maryland, 1989. 170p. Tese (Doutorado em Agronomia).

SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of American Society of Agronomy**, 34:923-932, 1942.

TAKAMIYA, Y.; SHIGEYUKI, S. Varietal difference and genetic analysis of field resistance to Northern leaf blight in maize inbred lines. **Bulletin of Hokkaido Prefectural Agricultural Experiment Stations**, 78:59-67, 2000.

VANDERPLANK, J.E. **Disease resistance in plants**. Orlando: Academic Press, 1968. 194p.

VANEGAS-ANGARITAS H.; LEÓN, C.; LEÓN, L.N. Analisis genético de la tolerancia a *Cercospora* spp. en líneas endogâmicas de maíz tropical. **Agrociencia**, 41:35-43, 2007.

- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- VENCOVSKY, R.; CRUZ, C.D. Comparação de métodos de correção de rendimento de parcelas experimentais com estandes variados: I. Dados simulados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, 26:647-657, 1991.
- VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M.A.P. Contribuição do melhoramento genético de plantas no Brasil. In: PATERNIANI, E. (ed.). **Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária**. Brasília: Embrapa comunicação para transferência de tecnologia, 2000. p. 57-89.
- VIANA, J.M.S. Heterosis and combining ability analysis from the partial diallel. **Bragantia**, 66:51-60, 2007.
- VIÉGAS, G.P.; MIRANDA FILHO, J.B. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E. (eds.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. p. 257-298.
- VIEIRA, R.A. **Melhoramento genético da resistência à helmintosporiose comum, cercosporiose e ferrugem-polissora em milho-pipoca**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2010. 102p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento).
- VON PINHO, R.G. **Metodologias de avaliação, qualificação de danos e controle genético da resistência do milho à *Puccinia polysora* e *Physopella zae***. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 1998. 140p. Tese (Doutorado em Genética e melhoramento de plantas).
- WARD, J.M.J.; NOWELL, D.C. Integrated management for the control of maize gray leaf spot. **Integrated Pest Management Review**, 3:1-12, 1998.
- WARD, J.M.J.; STROMBERG, E.L.; NOWELL, D.C.; NUTTER Jr., F.W. Gray leaf spot: A disease of global importance in maize production. **Plant Disease**, 83:884-895, 1999.

WELZ, H.G.; GEIGER, H.H. Genes for resistance to northern corn leaf blight in diverse maize populations. **Plant Breeding**, 119:1-14, 2000.

WILKES, G. Corn, strange and marvelous: but is a definitive origin known? In: SMITH, C.W.; BETRAN, J.; RUNGE, E.C.A. (eds.) **Corn: origin, history, technology, and production**. Wiley: Hoboken, 2004. p. 3–63.