



**RENATO BARBOSA CAMARGOS**

**EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO PER SE, EM  
HÍBRIDOS SIMPLES E INDIRETA PARA  
RESISTÊNCIA A DOENÇAS NO MILHO**

**LAVRAS - MG**

**2017**

**RENATO BARBOSA CAMARGOS**

**EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO PER SE, EM HÍBRIDOS SIMPLES E  
INDIRETA PARA RESISTÊNCIA A DOENÇAS NO MILHO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

Orientador

Dr. Renzo Garcia Von Pinho

Coorientador

Dr. Marcio Balestre

**LAVRAS - MG**

**2017**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca  
Universitário da UFLA, com dados informados pelo próprio autor.

Camargos, Renato Barbosa.

Eficiência da seleção per se, em híbridos simples e indireta para  
resistência a doenças no milho / Renato Barbosa Camargos. - 2016.  
103 p. : il.

Orientador(a): Renzo Garcia Von Pinho.

Coorientador(a): Marcio Balestre.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2016.  
Bibliografia.

1. Melhoramento de milho. 2. Estratégias de seleção. 3.  
Doenças foliares. 4. Podridões de espiga. I. Von Pinho, Renzo  
Garcia. II. Balestre, Marcio.

**RENATO BARBOSA CAMARGOS**

**EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO PER SE, EM HÍBRIDOS SIMPLES E  
INDIRETA PARA RESISTÊNCIA A DOENÇAS NO MILHO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 20 de setembro de 2016

Dr. Rodrigo Oliveira de Lima	UFV
Dr. João Bosco dos Santos	UFLA
Dr. João Cândido de Souza	UFLA
Dr. Marcio Balestre	UFLA

Dr. Renzo Garcia Von Pinho  
Orientador

**LAVRAS - MG**

**2017**

## **DEDICO**

Aos meus pais, Nivaldo e Ivaneide e aos meus avós, Josias (*in memoriam*), Eva (*in memoriam*), Josafá (*in memoriam*) e Helena (*in memoriam*).

“Jamais se poderá expressar em simples palavras o sonho de um filho em tentar recompensar os sacrifícios de seus pais” (GONÇALVES).

## AGRADECIMENTOS

À Deus, por abençoar o meu caminho e pelas oportunidades que me têm sido concedidas.

Aos meus pais, Nivaldo e Ivaneide, à minha irmã Fernanda, ao meu irmão e grande amigo Thiago pela compreensão, quanto a minha ausência, pelo apoio incondicional e incentivo para que eu sempre acreditasse ser possível alcançar os meus objetivos.

À minha namorada Lívia, pelo amor e companheirismo, sempre presentes ao longo desta caminhada.

Às minhas madrinhas Maria, Sueli e Lúcia (*in memoriam*), e à minha tia Vilma pelo carinho e atenção durante toda a minha vida acadêmica.

À Universidade Federal de Lavras e à University of Illinois, pela oportunidade de realizar o curso de Doutorado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos que viabilizou a realização deste curso com parte realizado no Brasil e parte nos EUA.

Aos professores Renzo, Marcio e Fred Below, pela orientação, companheirismo, confiança e amizade construída.

Aos membros da banca examinadora, professores João Bosco, Rodrigo e João Cândido, por contribuírem de forma decisiva para a qualidade desta tese.

Aos membros do Grupo do Milho-UFLA e do Grupo Crop Physiology-UI, por todo o apoio, na realização deste trabalho, pela união, alegria, momentos de estudo e pelas amizades construídas dentro e fora dessas Universidades.

Aos amigos Ricardo e Kaio, pelo auxílio nas análises estatísticas e na redação desta Tese.

A todos os colegas do Núcleo de Estudos em Milho e Sorgo (GMILHO), pela amizade e boa convivência.

À Laene, Marli e Patrícia por toda a atenção e pela enorme disposição em me ajudar e esclarecer dúvidas durante o planejamento de atividades relacionadas ao curso de doutorado.

Aos companheiros da república 'Cunhão de Touro', Marcim, Rafael, Zina e Tibério pela amizade e apoio.

À querida Dona Sandra, zeladora da república pela atenção e boa vontade em ajudar.

Enfim, a todos aqueles que, direta ou indiretamente, estiveram comigo, durante esta caminhada, meu MUITO OBRIGADO!



## RESUMO

As doenças no milho correspondem a um dos principais fatores limitantes, para se continuar obtendo ganhos em produtividade, nos programas de melhoramento desse cereal. Com isso, ampla discussão tem sido realizada sobre estratégias que possam proporcionar maior eficiência durante o processo de seleção. Diante disso, foram conduzidos dois trabalhos distintos, visando oferecer contribuições que possam orientar futuros trabalhos de melhoramento. Os objetivos do primeiro trabalho foram estudar o controle genético e a eficiência da seleção, com base no comportamento per se das linhagens e com base no comportamento de híbridos, quanto à reação à mancha-branca, ferrugem comum e podridões de espiga, em programas de melhoramento de milho, bem como a relação entre a performance per se das linhagens e de híbridos simples para a resistência a essas doenças. Para isso, foi avaliado o comportamento de 106 linhagens e 661 híbridos, em diferentes locais, no Brasil, quanto à reação a essas enfermidades. Posteriormente, estimaram-se as importâncias relativas dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos sobre a expressão desses caracteres, a associação entre os parâmetros considerados, ao se realizar a seleção nessas gerações e o ganho com a seleção. Os resultados obtidos indicaram que há predomínio de efeitos aditivos, para a resistência a mancha-branca e podridões de espiga, já para a ferrugem comum, tem-se predomínio de efeitos de dominância. Entretanto a avaliação dos híbridos, por meio da análise dialélica, foi eficiente na seleção para resistência a essas doenças. As enfermidades e as gerações avaliadas são inter-relacionadas, o incremento no nível de resistência tem resposta correlacionada mais expressiva, quando a seleção é orientada pela reação à mancha-branca e há maior similaridade genética entre os parâmetros considerados na seleção orientada pelo comportamento dos híbridos. No segundo trabalho, objetivou-se estudar a eficiência da seleção indireta, para resistência à mancha-branca, cercosporiose, helmintosporiose e podridões de espiga, por meio da avaliação da produtividade utilizando biplots. Com isso, foi avaliado o comportamento de 242 linhagens quanto a essas enfermidades, em dois locais, no estado de Minas Gerais. Após isso, foi utilizada a abordagem de modelos mistos, associada a técnicas multivariadas, para o estudo da relação entre produtividade, doenças foliares e doenças de espigas. Concluiu-se que a produtividade de espigas despalhadas tem maior grau de associação com as podridões de espiga do que com as doenças foliares avaliadas, o que justifica a seleção indireta, para a resistência a grãos ardidos, por meio da avaliação da produtividade.

**Palavras-chave:** Melhoramento vegetal. Estratégias de seleção. Doenças foliares. Podridões de espiga.

## ABSTRACT

The diseases in corn correspond to one of the main limiting factors to continue obtaining gains in productivity, in this cereal breeding programs. With this, a wide discussion has been held about strategies that can provide greater efficiency during the selection process. Faced with this, two distinct works were conducted, aiming to offer contributions that may guide future breeding works. The objectives of the first work were to study the genetic control and the selection efficiency based on the lineages per se's behavior and based on the hybrids behavior, as the reaction to white spot, common rust and ear rot, in corn breeding programs, as well as the relation between the performance per se's of the lineages and of simple hybrids for the resistance to these diseases. For this, the behavior of 106 lineages and 661 hybrids in different locations in Brazil was evaluated for the reaction to these diseases. Subsequently, the relative importance of the additive and non-additive genetic effects on the expression of these characters was estimated, the association among the parameters considered when the selection was made in those generations and the gain with the selection. The results indicated that there is a predominance of additive effects for resistance to white spot and ear rot, whereas for common rust predicts effects of dominance. However, the hybrids evaluation by means diallel analysis was efficient in selecting for resistance to these diseases. The diseases and generations evaluated are interrelated, the increase in the resistance level has a more expressive correlated response when the selection is oriented by the reaction to the white spot and there is greater genetic similarity among the parameters considered in the selection oriented by the hybrids behavior. In the second work, the objective was to study the efficiency of indirect selection for resistance to white spot, cercosporiosis, helmintosporiosis and ear rot, by means productivity evaluation using biplots. Thus, the behavior of 242 lineages was evaluated for these diseases, in two sites, in *Minas Gerais* state. After that, the mixed models approach associated to multivariate techniques was used to study the relation among productivity, foliar diseases and ear diseases. It was concluded that the husked ears yield has a higher degree of association with ear rot than with the foliar diseases evaluated, which justifies the indirect selection for resistance to ear rot by means productivity evaluation.

**Keywords:** Plant Breeding. Selection Strategies. Foliar Diseases. Ear rot.

## SUMÁRIO

	<b>PRIMEIRA PARTE</b> .....	11
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVAS</b> .....	11
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	14
<b>2.1</b>	<b>Mancha-branca do milho</b> .....	14
<b>2.2</b>	<b>Cercosporiose do milho</b> .....	16
<b>2.3</b>	<b>Ferrugem comum do milho</b> .....	17
<b>2.4</b>	<b>Grãos ardidos em milho</b> .....	19
<b>2.5</b>	<b>Helmintosporiose do milho</b> .....	22
<b>2.6</b>	<b>Estudo do controle genético e estratégias de seleção de genótipos</b> .....	24
<b>2.7</b>	<b>Seleção indireta nos programas de melhoramento de plantas</b> .....	28
	<b>REFERÊNCIAS</b> .....	31
	<b>SEGUNDA PARTE</b> .....	41
	<b>ARTIGO 1: Eficiência da seleção per se e em híbridos simples para resistência a doenças no milho</b> .....	41
	<b>ARTIGO 2: Seleção indireta para resistência a grãos ardidos e doenças foliares em linhagens de milho utilizando biplots</b> .....	76



## PRIMEIRA PARTE

### 1 INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVAS

O milho (*Zea mays* L.) é uma das espécies cultivadas de maior relevância, na agricultura brasileira, sendo uma cultura estratégica do ponto de vista de segurança alimentar e desenvolvimento regional. No panorama mundial, o Brasil ocupa posição de destaque como o terceiro maior produtor e o segundo maior exportador desse cereal (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2015), sendo o seu cultivo caracterizado pela produção, em duas épocas de semeadura, popularmente, conhecidas como safra verão e safrinha (GURGEL, 2012).

Nesse cenário, houve um aumento de 97%, na produção nacional desse grão, passando de 42 milhões para 83 milhões de toneladas, seguido de um incremento de 19%, em área plantada, pela inclusão de mais 2,5 milhões de hectares aos então 13 milhões cultivados, entre as safras 2000/01 e 2015/16 (CONAB, 2016). Com destaque ao deslocamento temporal da produção, para a época de plantio correspondente à safrinha, a qual ocorreu, a partir da safra 2011/12 e que, atualmente, é responsável por 62% da área plantada e 66% do volume da produção.

É inegável que o melhoramento de plantas tem contribuído para a evolução da produtividade do milho no Brasil. Estima-se que o ganho genético e o aprimoramento do manejo fitotécnico tenham proporcionado incremento de 94,6 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>, na produtividade média, ao longo dos últimos 40 anos, passando de 1.632 para 4.841 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2016). Vale ressaltar que a produtividade média brasileira concatena diferentes níveis tecnológicos e que, em áreas comerciais nas quais é adotado alto nível tecnológico, são obtidas produtividades bem superiores à média nacional.

Praticamente todos os programas de melhoramento de milho buscam, além da produtividade, estabilidade da produção de grãos nos vários ambientes de cultivo. Assim, o progresso genético obtido, ao longo dos últimos anos, foi bastante favorecido pelo incremento no nível de resistência a doenças.

Todavia a maior causa da descontinuidade de híbridos comerciais, no mercado brasileiro, deve-se ao desenvolvimento, em nível epidêmico, de novas doenças ou de raças fisiológicas de doenças pré-existentes, antes consideradas sem importância econômica (POZAR et al., 2009), favorecidas, principalmente, por algumas mudanças, no sistema de produção, tais como o cultivo de híbridos com baixos níveis de resistência, pela introdução de germoplasma temperado, manejo inadequado da irrigação, plantio do milho safrinha, adoção do sistema de plantio direto e ausência de rotação de culturas (COTA et al., 2013).

De modo que o milho, antes considerado uma planta rústica do ponto de vista fitossanitário, tornou-se vulnerável, a partir do início da década de 90, quando as doenças tornaram-se mais frequentes e severas nesse cereal, passando a ser um dos principais fatores limitantes, para se continuar obtendo ganhos em produtividade, nos programas de melhoramento (PEREIRA et al., 2015). Com destaque para a mancha-branca, cercosporiose, ferrugem comum, hemintosporiose e podridões de espiga, as quais, em condições ambientais favoráveis e em híbridos suscetíveis, podem causar reduções bastante expressivas na produtividade e na qualidade dos grãos (CASELA; FERREIRA; PINTO, 2006).

Como reflexo disso, a incorporação de resistência genética a essas doenças está entre os principais objetivos dos programas de melhoramento de milho para as regiões onde cada uma delas é importante. Contudo esses trabalhos têm apresentado alguns entraves, haja vista que a maioria desses caracteres tem herança quantitativa, expressiva interação genótipos x ambientes, avaliação trabalhosa e de alto custo financeiro.

Nesse contexto, ampla discussão tem sido motivada, nos programas de melhoramento sobre estratégias, que possam proporcionar maior eficiência, na seleção de genótipos resistentes, e algo comumente questionado refere-se à eficiência da seleção direcionada pelo desempenho per se das linhagens e dos híbridos, bem como o grau de associação entre as estimativas de reação aos patógenos estudados, nessas gerações, o que é dependente da caracterização do germoplasma quanto à natureza e magnitude dos efeitos genéticos aditivos e de dominância que controlam essas doenças.

Além disso, alguns exemplos de sucesso, na utilização da seleção indireta no estudo de doenças de difícil avaliação, têm estimulado pesquisadores do setor público e privado a concentrar maiores esforços, na elucidação do emprego dessa metodologia, para outros patossistemas do milho (HENRY et al., 2009; MARTIN et al., 2012; PRESELO et al., 2006), pois espera-se que isso possa orientar futuros trabalhos de melhoramento.

Diante do exposto, os objetivos do primeiro trabalho foram estudar o controle genético e a eficiência da seleção, com base no comportamento per se das linhagens e com base no comportamento dos híbridos quanto à reação à mancha-branca, ferrugem comum e podridões de espiga em programas de melhoramento de milho, bem como a relação entre o comportamento nessas gerações quanto à resistência a essas doenças. No segundo trabalho, objetivou-se estudar a eficiência da seleção indireta, para resistência à mancha-branca, cercosporiose, helmintosporiose e podridões de espiga, por meio da avaliação da produtividade, utilizando biplots na abordagem de modelos mistos.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Mancha-branca do milho

A mancha-branca foi, inicialmente relatada, na cultura do milho, em 1965 por Rane, na Índia, tendo como agente etiológico o fungo *Phaeospharia maydis* (RANE; PAYAK; RENFRO, 1965). No Brasil, a partir do início da década de 1980, essa doença passou a ser observada em campos de produção de milho. Em estudo realizado por Fantin, Sawazaki e Barros (1991), o fungo *Phaeospharia maydis* foi descrito como o causador dessa enfermidade, tal como citado, anteriormente, por Rane, Payak e Renfro (1965).

No entanto, após análises citológicas de lesões em estágio inicial, Paccola Meirelles et al. (2001) isolaram, com frequência elevada, a bactéria *Pantoea ananatis*, sugerindo que o fungo *Phaeospharia maydis* não é o patógeno primário dessa doença e que ele se estabelece após a infecção bacteriana. Já Amaral et al. (2002) relataram que os fungos *Phyllosticta* sp, *Phoma sorghina* e *Sporormiella* sp., estando conjuntamente associados à etiologia dessa enfermidade, cada um deles tem sua frequência variável nas lesões em decorrência das condições ambientais presentes durante o cultivo desse cereal. Mais recentemente, a interação entre a bactéria *P. ananatis* e complexos fungos foi proposta como sendo necessária para a reprodução dos sintomas dessa doença (VIEIRA et al., 2009).

Em virtude do conflito de informações quanto à etiologia dessa doença, Gonçalves et al. (2013) realizaram um estudo, utilizando técnicas moleculares e obtiveram resultados que reforçam a hipótese de que a bactéria *P. ananatis* é o agente etiológico dessa enfermidade tal como apresentado por Paccola-Meirelles et al. (2001) e, também, verificado por Alippi e López (2010) e Krawczyk et al. (2010).



Apesar de ainda estar em discussão pela comunidade científica, essa é a hipótese de maior aceitação atualmente.

Os sintomas apresentam-se, na forma de lesões foliares, em número variável, circulares e elípticas que sob condições favoráveis podem levar à senescência precoce das folhas, reduzindo o ciclo e a produtividade do milho e a quantidade e o tamanho das lesões variam bastante entre os diferentes genótipos (PACCOLA MEIRELLES et al., 2001).

A doença não ocorre nos primeiros estádios de desenvolvimento do milho. Em condições favoráveis, os sintomas tornam-se visíveis à medida que as plantas aproximam-se do florescimento (PINTO, 2005). As lesões iniciam-se com o aparecimento nas folhas baixas de manchas cloróticas de aspecto aquoso do tipo anasarca, as quais tornam-se necróticas de coloração palha e com bordas bem definidas de cor marrom-escuras (PEREIRA; CARVALHO; CAMARGO, 2005). Porém progredem rapidamente, para o ápice da planta, podendo infectar o colmo, folhas, pecíolo das folhas e brácteas das espigas (SIBIYA et al., 2011).

A condição ambiental favorável para a mancha-branca consiste em temperaturas variando entre 25 e 30<sup>0</sup> C, associada a longos períodos de alta umidade relativa do ar (SILVA; SCHIPANSKI, 2007). Os danos causados por essa enfermidade podem ser significativos, ocasionando perdas na produção que variam de 11 a 60%, de acordo com estudos realizados nos EUA e Brasil (CARSON, 2005; PACCOLA MEIRELLES et al., 2001).

Trabalhos conduzidos com germoplasma, no Brasil e na África, para a elucidação do controle genético da mancha-branca, concluíram que a resistência a essa doença é quantitativa, apresenta alta herdabilidade e predominância de ação gênica aditiva (LOPES et al., 2007; NIHEI; FERREIRA, 2012; SIBIYA et al., 2011).

## 2.2 Cercosporiose do milho

A cercosporiose foi inicialmente descrita na cultura do milho, em Illinois, EUA, em 1925 (TEHON; DANIELS, 1925). No Brasil, foi relatada pela primeira vez, em 1934, por Viégas e Krug, em Campinas, no Estado de São Paulo (VIÉGAS, 1945). Durante um longo período, foi considerada uma doença secundária, pela sua ocorrência esporádica e com baixa severidade (FANTIN et al., 2001). Contudo isso mudou, no início do ano 2000, quando foram relatadas epidemias severas dessa enfermidade, em campos de produção no Sudoeste de Goiás e que, em safras seguintes, foram alastradas para toda a região Centro-Sul do país, causando a descontinuidade de vários híbridos suscetíveis de alto potencial produtivo (JULIATTI; BRANDÃO, 2000).

A etiologia da doença é associada a duas espécies fúngicas, a *Cercospora zeaе maydis* e a *Cercospora sorghi* (CHUPP, 1953). A ocorrência de ambas as espécies é relatada em várias áreas produtoras de milho no Brasil (FANTIN et al., 2001). No entanto a *C. sorghi* é um patógeno pouco eficiente, na colonização dos tecidos foliares, proporcionando sintomas mais brandos, circundado por halos cloróticos e com pequena produção de esporos (CHUPP, 1953; WARD et al., 1999). Já a espécie *C. zeaе maydis* coloniza de forma mais eficiente o hospedeiro, geralmente sem halo clorótico e produz grande quantidade de esporos (LATTERELL; ROSSI, 1983). Com isso, as recentes epidemias da doença foram atribuídas à espécie *C. zeaе maydis* (JULIATTI; BRANDÃO, 2000).

O fungo *C. zeaе maydis* é necrotrófico, sendo, assim, capaz de sobreviver em restos de cultura presentes, na superfície do solo, o que favorece o potencial de inóculo, para os próximos anos, em áreas de plantio direto (NAZARENO; LIPPS; MADDEN, 1992).

Os primeiros sintomas da doença são observados, geralmente, na fase de florescimento, principalmente, nas folhas baixas (WARD et al., 1999), em que o patógeno inicia a colonização do limbo foliar, podendo provocar extensas áreas necróticas. Essa enfermidade caracteriza-se pelo aspecto linear-retangular das lesões que são, geralmente, delimitadas pelas nervuras. As manchas possuem coloração palha e, sob condições de alta umidade relativa, tornam-se cobertas por esporos, conferindo-lhes uma coloração acinzentada (PEREIRA; CARVALHO; CAMARGO, 2005).

A condição ambiental favorável para a cercosporiose consiste em temperaturas que oscilam entre 25 e 30 °C, associada a longos períodos de umidade relativa do ar e com ausência de água livre sobre a folha (WARD et al., 1999).

Os danos causados pela cercosporiose do milho podem ser significativos, ocasionando perdas na produção que variam de 25 a 65%, de acordo com observações realizadas nos EUA e Brasil (BRITO et al., 2007; WARD et al., 1999).

Estudos relacionados à determinação do tipo de ação gênica envolvida na resistência à cercosporiose em milho têm concluído que ela é do tipo quantitativa, com alta herdabilidade, predominância de ação gênica aditiva e com efeitos dominantes significativos (BRITO et al., 2012;). Pesquisas realizadas com mapeamento de locos controladores de características quantitativas (QTL) identificaram vários locus relacionados com a reação de resistência e esses resultados corroboram com o mecanismo de resistência previamente apresentado (CLEMENTS; DUDLEY; WHITE, 2000; LEHMENSIEK; ESTERHUIZEN; VAN STADEN, 2001).

### **2.3 Ferrugem comum do milho**

A ferrugem comum é uma doença presente em, praticamente, todas as regiões nas quais o milho é cultivado, representando um desafio aos programas de

melhoramento, conduzidos em regiões temperadas e tropicais (CARMONA et al., 2009). Dentre as três ferrugens que infectam o milho, no Brasil, a ferrugem comum foi a primeira a ser relatada, em áreas brasileiras e em razão de sua maior relevância econômica, ela tem recebido maior atenção por parte de diversos grupos de pesquisa, sobretudo, após a década de 90 (BRANDÃO et al., 2003).

Essa enfermidade é causada pelo fungo *Puccinia sorghi*, o qual foi, pela primeira vez, descrito por Schweinitz, na década de 20 nos EUA, em plantas que, erroneamente, foram identificadas como sendo de sorgo. Por isso, a espécie desse patógeno recebeu o nome de *P. sorghi*, fazendo-se referência a essa planta, mas, posteriormente, foi constatado que ele não é capaz de infectar o sorgo e que as plantas em que, inicialmente, esse patógeno foi identificado, tratava-se de teosinto, um ancestral do milho.

Os sintomas dessa doença são caracterizados pelo rompimento da epiderme, formação de pústulas, em forma de fendas, predominantemente alongadas, de aspecto pulverulento, presentes em ambas as faces da folha, de coloração marrom-clara a marrom-escura (ISHFAQ ABIDI et al., 2015)

No Brasil, a ferrugem comum ocorre com maior severidade, na região Sul, em virtude da ocorrência de clima mais ameno, sendo a esporulação do fungo estimulada por temperaturas entre 17 e 25<sup>0</sup> C, acompanhada de elevada umidade relativa do ar (MESQUITA NETO, 2000). Porém, dependendo da suscetibilidade da cultivar adotada, essa enfermidade pode, também, causar perdas significativas, em áreas cujas temperaturas são mais elevadas, tais como a região Centro-Oeste (PEREIRA, 1995).

O fungo *P. sorghi* é um patógeno biotrófico, apresenta ciclo completo, tendo como hospedeiro alternativo, no Brasil, o trevo (*Oxalis* sp.), em que sobrevive na ausência do milho no campo (BRANDÃO et al., 2003).

Essa doença, geralmente, é iniciada, em um período mais tardio do ciclo do milho, mas pode ser verificada, em estádios iniciais do desenvolvimento

vegetativo, o que favorece perdas mais expressivas, as quais podem reduzir em até 40% a produtividade de grãos (DEY et al., 2012).

A resistência a essa doença é caracterizada por uma reação de hipersensibilidade que resulta em manchas cloróticas com pouca ou nenhuma esporulação do patógeno (PATAKY; CAMPANA, 2007), apresenta alta herdabilidade e pode ser quantitativa ou qualitativa, conseqüentemente, o controle genético desse caráter pode variar entre os diferentes germoplasmas (DANSON et al., 2008). A resistência qualitativa caracteriza-se por ter acentuada especificidade patógeno-hospedeiro, controlada por poucos genes, a maior parte deles dominantes, organizados em complexos loco gênicos, nos cromossomos 3, 4 e 10, proporcionando predomínio de efeitos de dominância no controle desse caráter (WISSER; BALINT-KURTI; NELSON, 2006). Ao passo que a resistência quantitativa, geralmente, atua sobre um grande espectro de raças do patógeno, condicionada por vários genes e com predomínio de efeitos aditivos (GINGERA; DAVIS; GROTH, 1995). Poucos trabalhos têm realizado o mapeamento de QTL's, para essa doença (OLUKOLU et al., 2016), tendo sido identificados 20 QTL's, em germoplasma temperado, tal como apresentado por Lubberstedt, Klein e Melchinger (1998).

#### **2.4 Grãos ardidos em milho**

São considerados grãos ardidos todos aqueles infectados por fungos e que possuem pelo menos um quarto de sua superfície com descolorações e/ou aspecto cotonoso (BRASIL, 1996), sendo esses sintomas reflexo da ocorrência de podridões de espiga.

Os fungos causadores dessas enfermidades podem ser divididos em dois grupos (PINTO, 2005): 1) aqueles que apenas produzem grãos ardidos e 2) aqueles que, além da produção de grãos ardidos, são biossintetizadores de

toxinas, denominadas micotoxinas. No primeiro grupo, encontram-se os fungos *Drechslera zeicola*, *Cladosporium herbarum*, *Ustilago maydis*, *Nigrospora aoryzae*, *Colletotrichum graminicola*, entre outros. No segundo grupo, são encontrados os fungos *Diplodia maydis*, *D. macrospora*, *Fusarium verticillioides*, *F. subglutinans*, *F. graminearum*, *F. sporotrichioides* e *Gibberella zaeae*. Foi, recentemente observado, aumento expressivo na incidência e severidade de podridões de espiga, no Brasil, principalmente, aquelas causadas por *D. maydis* e *F. verticillioides*, agentes etiológicos da podridão branca e rosada da espiga, respectivamente.

O fungo *D. maydis* foi, inicialmente, descrito por Berkeley, nos EUA, em 1847 (LATTERELL; ROSSI, 1983) e o *F. verticillioides* por Bisby e Bailey, no Canadá, em 1923 (BISBY; BAILEY, 1923), estando ambos, atualmente presentes, em, praticamente, todas as regiões nas quais o milho é cultivado, sendo considerados patógenos de importância global (TEMBO; ASEA; GIBSON, 2014).

Os sintomas da infecção causada por *D. maydis* correspondem a grãos com cor marrom, de baixo peso e com crescimento micelial branco entre as fileiras de grãos, podendo ser observado, no interior da espiga ou nas palhas das espigas infectadas, a presença de numerosos pontos pretos (picnídios), que são as estruturas de frutificação do patógeno (CASELA; FERREIRA; PINTO, 2006). Ao passo que os grãos infectados por *F. verticillioides* apresentam uma alteração de cor que varia do róseo ao marrom escuro, correspondente ao micélio do fungo, acompanhado de expressiva redução do peso das espigas (COSTA; CASELA; COTA, 2009).

As condições predisponentes, para a ocorrência desses patógenos, são o clima úmido, o mau empalhamento e, também, injúrias causadas por insetos nas espigas (SHURTLEFF, 1992). As chuvas frequentes, no final do desenvolvimento da cultura, principalmente, em lavouras com cultivares que

apresentam espigas não decumbentes, também, favorecem o aparecimento dessas enfermidades (CASA; REIS; ZAMBOLIM, 2006).

Em estudo realizado com a cultura do milho, na região do cerrado brasileiro, verificaram -se perdas que variam de 12 a 45% da produtividade de grãos em decorrência de *D. maydis* (ROSSOW; VAN RENSBURG; VAN DEVENTER, 2002). De modo semelhante, foi observado por Reid et al. (2009), em pesquisa conduzida, no Canadá, perdas expressivas na ordem de 48% do rendimento, em áreas cultivadas com esse cereal, decorrentes da incidência de *F. verticillioides*. Tais resultados mostram o alto potencial de dano desses patógenos, os quais, além de causarem perdas quantitativas, são responsáveis por perdas qualitativas, em virtude da produção de micotoxinas, as quais são altamente nocivas a aves e mamíferos, por causar doenças denominadas micotoxicoses (GXASHEKA et al., 2015).

A dieta de animais composta de grãos de milho com elevado nível de micotoxinas causa danos irreversíveis à sua saúde e, adicionalmente, comprometem a integridade de quem consome carne, leite e demais produtos derivados desses animais intoxicados (PINTO, 2005), pois tem sido verificado alta associação entre o consumo direto ou indireto de micotoxinas com a ocorrência de várias doenças, em seres humanos, tais como o câncer esofágico (GELDERBLOM et al., 1988; RHEEDER et al., 1992) e má formação do tubo neural em recém-nascidos (HENDRICKS, 1999). Isso torna as podridões de espiga uma questão de saúde pública global e o melhoramento de plantas ocupa posição de destaque como uma estratégia decisiva para a superação e/ou minimização desse problema.

A correlação entre sintomas de grãos ardidos e concentração de micotoxinas é alta e positiva, conseqüentemente, esses caracteres são diretamente relacionados (CLEMENTS et al., 2003; ROBERTSON et al., 2006). Essa informação é de grande relevância, para a orientação de trabalhos de

melhoramento, pois isso permite que a fenotipagem em nível de campo seja eficiente. Além disso, é menos onerosa do que as avaliações laboratoriais, para a detecção de micotoxinas, durante a seleção de genótipos superiores (ROBERTSON-HOYT et al., 2006).

A resistência à podridão branca e à rosada é quantitativa, com média a alta herdabilidade (ROBERTSON et al., 2006; TEMBO et al., 2012), predominância de ação gênica aditiva, com efeitos dominantes significativos (HUNG et al., 2012; MUKANGA; DERERA; TONGOONA, 2010). As pesquisas realizadas com mapeamento de QTL para a resistência corroboram com esses resultados. Efeito gênico aditivo foram relacionados com QTL consistentes, mapeados por Robertson et al. (2006) e Romero et al. (2012), para a resistência a *F. verticillioides* e *D. maydis*, respectivamente.

## 2.5 Helmintosporiose do milho

A helmintosporiose foi descrita, pela primeira vez, na cultura do milho, no estado da Georgia, EUA, em 1958 (LUTRELL, 1958) e, atualmente, está disseminada, em diversos países produtores, considerada dentre as doenças foliares dessa cultura a mais amplamente encontrada nas regiões tropicais (BERNARDI OGLIARI et al., 2005). No Brasil, desde o final da década de 80, essa enfermidade tem apresentado expressiva severidade, na região Sul, durante a safra verão e, na região Oeste, na safrinha (ESTEVES et al., 1989).

O agente etiológico dessa doença foi, inicialmente, descrito como *Helmintosporium turcicum* por Luttrell (LUTTRELL, 1958), mas, posteriormente, em virtude de evidências apresentadas, em estudos morfológicos conduzidos por Leonard (1974), esse patógeno passou a ser chamado de *Exserohilum turcicum*. Trata-se de um fungo necrotrófico, sendo assim restos culturais importantes fontes de inóculo, para o desenvolvimento de epidemias, e o aumento na severidade



observado, nos últimos anos, tem sido favorecido pela ampla adoção do sistema de plantio direto (WHITE, 2000), pois o tempo de sobrevivência desse fungo, em restos de cultura, é longo, podendo sobreviver como saprófita ou formar esporos de resistência denominados clamidósporos (PATAKY, 1992).

Os sintomas típicos dessa doença são lesões necróticas, elípticas que medem de 2,5 a 15 cm de comprimento, apresentam coloração variando de verde-cinza a marrom, iniciando-se, geralmente, nas folhas mais velhas que, em condições de infecção severa, podem ocorrer necrose completa dos tecidos foliares (WHITE, 2000).

Temperaturas moderadas entre 20 e 25 °C e umidade relativa acima de 90% são condições ideais, para o desenvolvimento de epidemias, visto que as perdas decorrentes dessa doença podem exceder 40% da produtividade de grãos, em condições ambientais favoráveis e em híbridos suscetíveis (LEVY; COHEN, 1983).

Em estudos relacionados ao tipo de resistência envolvida na reação a helmintosporiose, têm-se obtido resultados atípicos, em relação ao que, normalmente, é observado, nos fungos necrotróficos, pois esses patógenos capazes de sobreviver como saprófitas, na ausência do milho, geralmente, têm somente resistência do tipo quantitativa (BENNETZEN, 2009). Todavia, para a helmintosporiose, a resistência pode ser do tipo qualitativa ou quantitativa e ambas apresentam alta herdabilidade (WELZ; GEIGER, 2000). A primeira é caracterizada por lesões cloróticas, com pouca esporulação do patógeno, específica a raças monogênica e com predomínio de efeitos de dominância (HOOKER, 1981). A segunda confere resistência a várias raças, poligênica e com predomínio de efeito aditivo (VIVEK et al., 2010). A combinação de genes correspondentes à resistência qualitativa e quantitativa tem sido empregada, em diversos programas de melhoramento, com ênfase dada à resistência quantitativa, a qual proporciona maior estabilidade fenotípica (PRATT; GORDON, 2006).

## 2.6 Estudo do controle genético e estratégias de seleção de genótipos

A condução de qualquer programa de melhoramento é facilitada, se houver informações sobre o controle genético do caractere de interesse, pois isso possibilita aos melhoristas a escolha da estratégia de melhoramento mais adequada. Diversos procedimentos podem vir a ser utilizados, para a obtenção das estimativas dos componentes de variância genética, para a realização do estudo do controle genético dos caracteres agronômicos, e seus detalhes estão disponíveis em vários livros textos (CRUZ et al., 2004; MATHER; JINKS, 1984; RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

Entre esses procedimentos, os mais comumente empregados, na cultura do milho, são: 1) método de Mather (1949), em que são utilizadas linhagens, contrastantes fenotipicamente, para o caráter considerado. Nesse caso, são obtidas as gerações F1, F2 e os retrocruzamentos, os quais são, simultaneamente, avaliados com as linhagens genitoras. 2) Delineamentos genéticos de Comstock e Robinson (1952), também, chamados de delineamentos da Carolina do Norte, composto por três delineamentos genéticos. No primeiro, uma população “m” machos é cruzada com “f” fêmeas diferentes. Já, no segundo, “m” machos são cruzados com as mesmas “f” fêmeas. No terceiro, “p” plantas da geração F2 do cruzamento de duas linhagens são retrocruzadas com ambos os genitores (testadores). 3) Dialelos correspondem a todos os casos em que n genitores são combinados dois a dois (RAMALHO et al., 2012).

Os dialelos podem ser empregados não somente, para estudo do controle genético, mas também com a finalidade de escolha de genitores, predição de compostos, cultivares sintéticas, dentre outros propósitos. Contudo um dos problemas relatados sobre a utilização desse procedimento é que à medida que se aumenta o número de genitores envolvidos, aumenta-se o número de cruzamentos a serem realizados, muitas vezes, inviabilizando o seu uso.

Em virtude disso, variações, na estrutura da confecção dos cruzamentos, têm sido propostas, buscando minimizar esse entrave e viabilizar a inclusão de maior número de genitores. Os tipos de dialelos, atualmente apresentados, na literatura, são: 1) Dialelos completos ou balanceados: são os dialelos que incluem os híbridos entre todos os genitores. 2) Dialelos parciais: são, assim, denominados aqueles dialelos que envolvem a obtenção de híbridos de dois grupos de genitores, sem a realização do cruzamento de linhagens do mesmo grupo, tendo como vantagem a possibilidade de incluir maior número de genitores. 3) Dialelos circulantes: são incluídos nessa categoria os dialelos em que os genitores são representados, nas combinações híbridas, em número menor de cruzamentos que nos demais tipos. Por isso, para ser denominado circulante, o número de vezes que um genitor participa dos cruzamentos é sempre inferior a  $n-1$ . 4) Dialelos desbalanceados: são denominados àquelas situações em que algumas das combinações híbridas não foram obtidas (RAMALHO et al., 2012); dentre os quais os dialelos parciais e circulantes são variações, mais recentemente descritos, para a inclusão de maior número de genitores.

Nas análises dialélicas, após se obter os cruzamentos entre os parentais, são originadas as combinações híbridas, a serem avaliadas, em experimentos com repetição e, com base nesses dados, são estimados os componentes de variância da capacidade de combinação geral (CGC) e específica (CEC).

Vale ressaltar que, nos dialelos, os genótipos podem ser considerados como fixos ou aleatórios, consequentemente, irão fornecer inferências que lhes são particulares ou extrapoladas para uma população, na qual os tratamentos representam uma amostra populacional. Dentre os modelos propostos, para os dialelos, dois podem ser utilizados, para estimar os componentes de variância genética, por considerarem os efeitos de genótipos como aleatórios, sendo eles: o de Jinks e Hayman (1953) e o de Griffing (1956).

O modelo de Jinks e Hayman (1953) tem sido utilizado, para estimar a presença dos efeitos genéticos aditivos e de dominância, os componentes da variância genética e parâmetros genéticos, como as herdabilidades e o grau médio de dominância. No entanto esse método apresenta algumas restrições como o fato do caráter ter que apresentar ausência de epistasia, ausência de alelismo múltiplo, distribuição independente dos genes e somente ser aplicável a linhas puras, sendo, geralmente, empregado em culturas autógamas (OTUBO, 1994). Já o modelo de Griffing (1956), de maneira geral, é utilizado, para se obter a CGC e CEC, sendo bastante utilizado, na cultura do milho e em diversas outras espécies alógamas (EISENHART, 1955).

O modelo Griffing (1956) é composto por quatro métodos: 1) o método I: inclui todas as combinações, ou seja, os híbridos, seus cruzamentos recíprocos e os genitores; 2) o método II: é semelhante ao anterior não incluindo os cruzamentos recíprocos; 3) o método III: inclui os híbridos e seus recíprocos, mas sem os genitores e 4) o método IV: considera apenas as combinações híbridas. A escolha por um destes dependerá do material utilizado e da situação estudada. É importante destacar que, quando os cruzamentos recíprocos são considerados na análise, podem ser estimados os efeitos maternos.

Segundo Sprague e Tatum (1942), o termo CGC refere-se ao comportamento médio de cada linhagem em cruzamento com as demais do conjunto, ou seja, o comportamento do genitor em relação ao cruzamento com um grupo de genitores. Com isso, quanto maior a magnitude dessas estimativas, positivas ou negativas, determinado genitor será considerado superior ou inferior aos demais e, se essas forem próximas de zero, o seu comportamento não difere da média geral dos cruzamentos (CRUZ et al., 2004). Por outro lado, a CEC é definida como um desvio em relação ao comportamento médio dos cruzamentos dos pais, ou seja, como um efeito na expressão do híbrido que é adicional aos efeitos da CGC dos pais, podendo ser positiva ou negativa reforça a relevância de interações não

aditivas resultantes da complementação alélica entre os parentais. Portanto a combinação híbrida mais desejável é aquela que apresente a maior estimativa de CEC e pelo menos um dos parentais com alta CGC (CRUZ et al., 2004).

Os tipos de capacidade de combinação são diferenciados de acordo com a natureza da ação gênica envolvida. De modo que a CGC está associada a genes de efeitos, predominantemente aditivos, além de efeitos de dominância e interações epistáticas do tipo aditivo-aditivo. Ao passo que a CEC é decorrente dos efeitos de dominância e de outras interações epistáticas. Contudo, em geral, considera-se que os efeitos epistáticos são de pequena magnitude e, portanto podem ser negligenciados (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Nos programas de melhoramento de milho, avaliação do desempenho per se das linhagens e, posteriormente, dos híbridos simples, é comumente realizada quando se busca a obtenção de genótipos resistentes a doenças (GAYTÁN-BAUTISTA; MARTÍNES-GÓMEZ; MAYEK- PÉREZ, 2009), mesmo isso tendo eficiência, ainda, questionada, pois a avaliação de ambas as gerações é dispendiosa em termos de tempo e recurso financeiro.

Contudo muitos melhoristas realizam a predição do comportamento de híbridos pela avaliação de linhagens para diversos caracteres de interesse econômico no milho (ERTIRO et al., 2013). Já a seleção, com base, unicamente, no desempenho dos híbridos simples, não é muito explorada para resistência a doenças e dada à possibilidade de estimação da CGC e da CEC, bem como o emprego desses parâmetros genéticos, no processo de seleção, essa estratégia parece ser promissora, o que justifica mais estudos a respeito de sua aplicabilidade.

Ambas as estratégias de seleção supracitadas são dependentes da caracterização do germoplasma, em estudo quanto à natureza e magnitude dos efeitos genéticos aditivos e de dominância, reforçando, mais uma vez, a grande relevância do conhecimento do controle genético dos caracteres estudados. Além

disso, o conhecimento do grau de associação entre as estimativas da reação a patógenos estudados nessas gerações pode incrementar a eficiência com a seleção e orientar futuros trabalhos de melhoramento.

Dessa forma, faz-se necessário mais estudos sobre a eficiência da seleção orientada pelo desempenho per se e pelo desempenho de híbridos, bem como a estimação da associação entre a performance nessas gerações para diversas doenças na cultura do milho.

## **2.7 Seleção indireta nos programas de melhoramento de plantas**

Para que haja sempre progresso genético, nos programas de melhoramento, é indispensável uma seleção eficiente de genótipos superiores, o que, muitas vezes, pode ser trabalhosa, demorada e onerosa, quando realizada, diretamente, sobre o caráter de interesse (FALCONER; MACKAY, 1997; GRAVOIS; McNEW, 1993).

Dificuldade essa que pode ser superada e/ou minimizada pelo conhecimento das inter-relações entre os diversos caracteres, pois isso viabiliza a utilização da seleção indireta, a qual é fundamentada, na consideração de caracteres agrônômicos inter-relacionados, nos quais, indiretamente, a seleção pode propiciar ganho genético e facilitar o trabalho do melhorista. Essa estratégia é indicada, sobretudo quando se tem alta correlação entre a variável que está sob seleção e a variável objetivo, herdabilidade elevada do caráter a ser selecionado (FALCONER; MACKAY, 1997), bem como quando o caráter de interesse é de difícil avaliação, seja por razões práticas e/ou econômicas (ROUSSOW; VAN RENSBURG; VAN DEVENTER, 2002).

No contexto fitossanitário, a seleção indireta tem sido empregada com sucesso, na cultura do milho, durante o processo de seleção quanto à resistência a diversos patógenos. Robertson et al. (2006) verificaram associação positiva

entre concentração de micotoxinas e sintomas visuais de podridões de espiga, causados por *F. verticillioides* e *F. graminearum*, respectivamente, evidenciando a possibilidade de reduzir a contaminação de grãos por causa dessas substâncias por meio da seleção fenotípica de genótipos resistentes a essas podridões.

Tendo isso em vista, a seleção em nível de campo tem sido conduzida com sucesso, nos patossistemas milho-complexo grãos ardidos, em diversos países, permitindo redução dos custos durante esse processo. A seleção indireta vem sendo, também, empregada como estratégia de grande valia, em casos de resistência múltipla a alguns agentes etiológicos de grãos ardidos, tal como é o caso da reação aos patógenos *F. graminearum* e *Ustilago zaeae* (REID et al., 2009), *F. verticillioides* e *Aspergillus flavus* (HENRY et al., 2009), bem como *F. verticillioides* e *F. graminearum* (PRESELO et al., 2006). Em virtude da existência de alta correlação entre a reação a esses patógenos, justificada por mecanismos de resistência comuns, a escolha da espécie fúngica, a ser inoculada nos experimentos, pode ser realizada, considerando a sua prevalência, em uma dada região de interesse ou pelo fato de serem obtidas estimativas mais acuradas, quando uma dessas espécies é utilizada, conseqüentemente, a seleção indireta pode facilitar a condução dos experimentos e maximizar o progresso genético nos programas de melhoramento.

Além disso, foi verificado por Martin et al. (2012), que a adoção da seleção indireta pode incrementar a efetividade e praticidade, durante a triagem de genótipos resistentes a podridões de espiga causada por *F. graminearum*, por meio da avaliação da produtividade. Isso é bem menos trabalhoso do que a estimação do nível de resistência, por meio da avaliação direta do nível de resistência a esse patógeno, conseqüentemente, essa estratégia apresenta grande viabilidade a ser incorporada nos programas de melhoramento, nos quais, geralmente, são avaliadas centenas ou até milhares de genótipos a cada safra quanto ao nível de resistência a essa doença.

Nesse contexto, é de grande valia o estudo da eficiência da seleção indireta, considerando outras doenças do milho, pois, diante de resultados descritos na literatura, para diversos patossistemas, são esperados resultados promissores e que podem orientar futuros trabalhos de melhoramento.



## REFERÊNCIAS

- ALIPPI, A. M.; LÓPEZ, A. C. First report of leaf spot disease of maize caused by *Pantoea ananatis* in Argentina. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 94, p. 487, 2010.
- AMARAL, A. L. et al. Determinação de agentes causais de manchas semelhantes à mancha de *Phaeosporium* em Milho (*Zea mays*). In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 24., 2002, Florianópolis. **Anais...** Florianópolis: ABMS, 2002. 1 CD ROM.
- BENNETZEN, J. L. The future of maize. In: BENNETZEN, J. L.; HAKE, S. (Ed.). **The maize handbook**. New York: Springer, 2009. p. 771-780, v. 2.
- BERNARDI OGLIARI, J. et al. New resistance genes in the *Zea mays*-*Exserohilum turcicum* pathosystem. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 28, p. 435-439, 2005.
- BISBY, G. R.; BAILEY, D. L. Ear and root rots. In: ANNUAL report of the survey of the prevalence of plant diseases in the dominion of Canada. Ottawa: [s. n.], 1923. 33 p.
- BRANDÃO, A. M. et al. Fungicidas e épocas de aplicação no controle da ferrugem comum (*Puccinia sorghi*) em diferentes híbridos de milho. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 19, p. 43-52, jan./abr. 2003.
- BRASIL. **Portaria nº 11, de 12 de abril de 1996**. Estabelece critérios complementares para classificação do milho. Disponível em: <[http://www.codapar.pr.gov.br/arquivos/File/pdf/milho11\\_96.pdf](http://www.codapar.pr.gov.br/arquivos/File/pdf/milho11_96.pdf)>. Acesso em: 22 jan. 2017.
- BRITO, A. H. et al. Efeito da cercosporiose no rendimento de híbridos comerciais de milho. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 6, p. 472-479, dez. 2007.
- BRITO, A. H. et al. Genetic control of resistance to gray leaf spot of maize in tropical germplasm. **Crop Breeding and applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 12, , p. 145-150, 2012.
- BRITO, A. H. et al. Reação de híbridos de milho e comparação de métodos para avaliação da Cercosporiose e Mancha Branca. **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 36, n. 1, p. 35-41, 2011.

CARMONA, M. et al. Control químico de la roya común del maíz (*Puccinia sorghi*): Criterio basado en el Umbral de Daño Económico (UDE). **Tropical Plant Pathology**, Brasília, v. 34, p. 120, 2009.

CARSON, M. L. Yield loss potential of *Phaeosphaeria* leaf spot of maize caused by *Phaeosphaeria maydis* in the United States. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 89, p. 986–988, Sept. 2005.

CASA, R. T.; REIS, E. M.; ZAMBOLIM, L. Doenças do milho causadas por fungos do gênero *stenocarpella*. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 31, n. 5, p. 427- 439, set. 2006.

CASELA, C. R.; FERREIRA, A. S.; PINTO, N. F. J. A. **Doenças na cultura do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 14 p. (Circular Técnica).

CHUPP, C. **A monograph of the fungus genus Cercospora**. New York. The Ronald, 1953. 667 p.

CLEMENTS, M. J.; DUDLEY, J. W.; WHITE, D. G. Quantitative trait loci associated with resistance to gray leaf spot of corn. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 90, p. 1018–1025, 2000.

CLEMENTS, M. J. et al. Evaluation of inoculation techniques for *Fusarium* ear rot and fumonisin contamination of corn. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 87, p. 147-153, 2003.

COSTA, R. V.; CASELA, C. R.; COTA, L. V. **Cultivo do milho: doenças**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2009. Disponível em: <[http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho\\_5\\_ed/doencas.htm](http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho_5_ed/doencas.htm)>. Acesso em: 29 maio 2015.

CRUZ, C. D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2004. 480 p.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Conjuntura mensal: 2015**. Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15\\_03\\_17\\_08\\_44\\_51\\_sorgofevereiro2015.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_03_17_08_44_51_sorgofevereiro2015.pdf)>. Acesso em: 22 jul. 2015.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Séries históricas: 2016**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/conteudos.php?a=1252&>>. Acesso em julho de 2016.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J. W. **Heterosis**. Ames: Iowa State College, 1952. p. 491-516.

COTA, L. V. et al. **Histórico e perspectivas das doenças na cultura do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2013. 7 p. (Circular Técnica, 193).

DANSON, J. et al. Quantitative trait loci (QTLs) for resistance to gray leaf spot and common rust diseases of maize. **African Journal of Biotechnology**, Nairobi, v. 7, n. 18, p. 3247–3254, 2008. Disponível em: <<http://www.ajol.info/index.php/ajb/article/view/59266>>. Acesso em: 22 jan. 2017.

DEY, U. et al. Spatiotemporal yield loss assessment in corn due to common rust caused by *Puccinia sorghi* Schw. **African Journal of Agricultural Research**, Nairobi, v. 7, n. 37, p. 5265–5269, 2012. Disponível em: <[http://www.academicjournals.org/ajar/abstracts/abstracts/Abstracts2012/25Sept/Dey et al.htm](http://www.academicjournals.org/ajar/abstracts/abstracts/Abstracts2012/25Sept/Dey%20et%20al.htm)>. Acesso em: 23 dez. 2016.

DUARTE, R. P.; JULIATTI, F. C.; FREITAS, P. T. Eficácia de diferentes fungicidas na cultura do milho. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 25, p. 101–111, 2009.

DUVICK, D. N. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 86, n. 1, p. 84-138, Nov. 2005.

ELSHIRE, R. J. et al. A robust simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. **PlosOne**, San Francisco, v. 6, n. 5, p. 1-10, Mar. 2011.

ERTIRO, B. T. et al. Relationship between the performance of parental inbred lines and hybrids for food-feed traits in maize (*Zea mays* L.) in Ethiopia. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 153, p. 86–93, 2013. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.fcr.2013.02.008>>. Acesso em: 23 nov. 2016.

ESTEVES, M. C. F. **Reações a *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs em milho (*Zea mays* L.) e variabilidade do patógeno**. 1989. 55 p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiróz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1989.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Londres: Longman Group, 1997. 464 p.

FANTIN, G. M. et al. **Mancha de cercospora do milho**. Campinas: IAC, 2001. 19 p. (Boletim Técnico, 192).

FANTIN, G. M.; SAWAZAKI, E.; BARROS, B. C. Avaliações de genótipos de milho pipoca quanto à resistência a doenças e qualidade da pipoca. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 17, n. 2, p. 90-99, ago. 1991.

FREY, M. et al. Analysis of a chemical plant defense mechanism in grasses. **Science**, Washington, v. 277, p. 696–699, 1997. Disponível em: <<http://www.sciencemag.org/cgi/doi/10.1126/science.277.5326.696>>. Acesso em: 19 nov. 2012.

GAYTÁN-BAUTISTA, R.; MARTÍNES-GÓMEZ, M. I.; MAYEK- PÉREZ, N. Rendimiento de grana e forraje en híbridos de maíz e su generación avanzada F2. **Agricultura Técnica en México**, México, v. 35, p. 295-304, 2009.

GELDERBLOM, W. C. A. K. et al. Fumonisin- novel mycotoxins with cancer-promoting activity produced by *Fusarium moniliforme*. **Applied and Environmental Microbiology**, Washington, v. 54, p. 1806–1811, 1988.

GINGERA, G. R.; DAVIS, D. W.; GROTH, J. V. Identification and inheritance of delayed first pustule appearance to common leaf rust in sweet corn. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 120, n. 4, p. 667–672, 1995.

GONÇALVES, R. M. et al. Etiology of phaeosphaeria leaf spot disease of maize. **Journal of Plant Pathology**, Berlin, v. 95, p. 559-569, 2013.

GRAVOIS, K. A.; McNEW, R. W. Genetic relationships among and selection for rice yield and yield components. **Crop Science**, Madison, v. 33, p. 249-252, 1993.

GRIFFING, B. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. **Heredity**, London, v. 10, n. 1, p. 31-50, 1956.

GURGEL, F. F. **A cultura do milho**. 2012. Disponível em: <<http://www.scribd.com/doc/31650688/a-cultura-do-milho>>. Acesso em: 15 ago. 2015.

GXASHEKA, M. et al. Scientific understanding and effects on ear rot diseases in maize production: a review. **International Journal of Soil and Crop Sciences**, London, v. 3, n. 4, p. 77–84, 2015.

HENDRICKS, K. Fumonisin and neural tube defects in South Texas. **Epidemiology**, Baltimore, n. 10, p. 198–200, 1999.

- HENRY, W. B. et al. Evaluation of maize inbred lines for resistance to *Aspergillus* and *Fusarium* ear rot and mycotoxin accumulation. **Agronomy Journal**, Madison, v. 101, p. 1219-1226, 2009.
- HOOKER, A. L. Resistance to *Helminthosporium turcicum* from *Tripsacum floridanum* incorporated into corn. **The Maize Genetics Cooperation Newsletter**, Ames, v. 55, p. 87-88, 1981.
- ISHFAQ ABIDI, Z. A. et al. Genetic studies on common rust (*Puccinia sorghii*) of maize under Kashmir conditions. **African Journal of Microbiology Research**, Kunming, v. 9, n. 23, p. 1543–1547, 2015. Disponível em: <<http://academicjournals.org/journal/AJMR/article-abstract/B8DC88353668>>. Acesso em: 22 dez. 2016 .
- JINKS, J. L.; HAYMAN, B. I. Analysis of diallel crosses. **Maize Genetics Cooperation Newsletter**, Oxford, v. 27, n. 1, p. 44-48, 1953.
- JULIATTI, F. C.; BRANDÃO, A. M. **Cercosporiose em milho (*Cercospora zea-maydis* Tehon & Daniels) afeta plantios de milho no cerrado brasileiro**. Uberlândia: UFU/Syngenta Seeds, 2000. (Boletim Técnico).
- JULIATTI, F. C.; SOUZA, R. M. Efeito de época de plantio na severidade de doenças foliares e produtividade de híbridos de milho. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 21, n. 1, p. 103–112, jan./abr. 2005.
- KRAWCZYK, K. et al. First report of *Pantoea ananatis* associated with leaf spot disease of maize in Poland. **Journal of Plant Pathology**, Berlin, v. 92, p. 807- 811, 2010.
- LATTERELL, F. M.; ROSSI, A. E. *Stenocarpella macrospora* (= *Diplodia macrospora*) and *S. maydis* (= *D. maydis*) compared as pathogens of maize. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 67, p. 725-729, 1983.
- LEHMENSIEK, A.; ESTERHUIZEN, A. M.; VAN STADEN, C. Genetic mapping of gray leaf sepot (GLS) resistance genes in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 103, n. 5, p. 797-803, Oct. 2001.
- LEONARD, K. J. Foliar pathogens of corn in North Carolina. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 58, p. 532–534, 1974.

LEVY, Y.; COHEN, Y. Differential effects of light on spore germination of *Helminthosporium turcicum* on corn leaves and corn leaf impressions.

**Phytopathology**, Saint Paul, v. 73, p. 249-252, 1983

LOPES, M. T. G.; VIEIRA, M. L. C.; LOPES, R. Progeny evaluation for resistance to *Phaeosphaeria* leaf spot in tropical maize. **Canadian Journal of Plant Pathology**, Québec, v. 33, n. 1, p. 49-53, Feb. 2011.

LOPES, M. T. G. et al. Controle genético da resistência à mancha-de-*Phaeosphaeria* em milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 2, p. 605–611, 2007.

LUBBERSTEDT, T.; KLEIN, D.; MELCHINGER, A. E. Comparative quantitative trait loci mapping of partial resistance to *Puccinia sorghi* across four populations of European flint maize. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 88, p. 1324-1329, 1998.

LUTTRELL, E. S. The perfect stage of *Helminthosporium turcicum*. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 48, p. 281-287, 1958.

MARTIN, M. et al. Comparative quantitative trait loci mapping for *Gibberella* ear rot resistance and reduced deoxynivalenol contamination across connected maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 52, p. 32-43, 2012.

MATHER, K. **Biometrical genetics**. New York: Dover, 1949. 158 p.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Introdução à genética biométrica**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1984. 242 p.

MESQUITA NETO, D. R. **Valor genético de populações de milho para resistência a doenças**. 2000. 211 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2000.

MONTEZANO, Z. F.; CORAZZA, E. J.; MURAOKA, T. Variabilidade de nutrientes em plantas de milho cultivado em talhão manejado homogeneamente. **Bragantia**, Campinas, v. 67, p. 969–976, 2008.

MUKANGA, M.; DERERA, J.; TONGOONA, P. Gene action and reciprocal effects for ear rot resistance in crosses derived from five tropical maize populations. **Euphytica**, Wageningen, v. 174, p. 293-301, 2010.

NAZARENO, N. R. X.; LIPPS, P. E.; MADDEN, L. V. Survival of *Cercospora zeaе maydis* in corn residue in Ohio. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 76 p. 560-563, 1992.

NIHEI, T. H.; FERREIRA, J. M. Análise dialélica de linhagens de milho com ênfase na resistência a doenças foliares. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 3, p. 369–377, 2012.

OLUKOLU, B. et al. A genome-wide association study for partial resistance to maize common rust. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 106, n. 7, p. 745-751, July 2016. Disponível em: <<http://apsjournals.apsnet.org/doi/10.1094/PHYTO-11-15-0305-R>>. Acesso em: 21 jan. 2017.

OTUBO, S. T. **Controle genético da tolerância do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) a baixas temperaturas na fase de germinação**. 1994. 50 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1994.

PACCOLA-MEIRELLES, L. D. et al. Detection of bacterium associated with a leaf spot disease of maize in Brazil. **Journal of Phytopatology**, Main Street, v. 149, n. 5, p. 275-279, 2001.

PATAKY, J. K.; CAMPANA, M. Reduction in common rust severity conferred by the Rp1D gene in sweet corn hybrids infected by mixtures of Rp1D-virulent and avirulent *Puccinia sorghi*. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 91, p. 1484-1488, 2007.

PATAKY, J. K. Relationships between yield of sweet corn and northern leaf blight caused by *Exserohilum turcicum*. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 82, p. 370–375, 1992.

PINTO, N. F. J. A. **Grãos ardidos em milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2005. 6 p. (Circular Técnica).

PEREIRA, G. S. et al. Indirect selection for resistance to ear rot and leaf diseases in maize lines using biplots. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 11052–11062, 2015.

PEREIRA, O. A. P.; CARVALHO, R. V.; CAMARGO, L. E. A. Doenças do milho. In: KIMATI, H. et al. (Ed.). **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. 3. ed. São Paulo: Ceres, 2005. v. 2, p. 477-488.

PEREIRA, O. A. P. Situação atual de doenças da cultura do milho no Brasil e estratégias de controle. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 12., Piracicaba, 1995. **Anais...** Piracicaba: ESALQ, 1995. p. 25-30.

POZAR, G. et al. Mapping and validation of quantitative trait loci for resistance to *Cercospora* infection in tropical maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 118, p. 553-564, 2009.

PRATT, R. C.; GORDON, S. G. Breeding for resistance to maize foliar pathogens. **Plant Breeding Reviews**, Westport, v. 26, p. 119–173, 2006.

PRESELLO, D. A. et al. Stability of maize resistance to the ear rots caused by *Fusarium graminearum* and *F. verticillioides* in Argentinian and Canadian environments. **Euphytica**, Wageningen, v. 147, n. 3, p. 403–407, 2006.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento de feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RANE, M. S.; PAYAK, M. M.; RENFRO, B. L. Phaeosphaeria leaf spot of maize. **Indian Phytopathology Society**, New Delhi, v. 3, p. 8-10, 1965.

REID, L.M. et al. Increased resistance to *Ustilago zae* and *Fusarium verticillioides* in maize inbred lines bred for *Fusarium graminearum* resistance. **Euphytica**, Wageningen, v. 165, p. 567-578, 2009.

RHEEDER, J. P. et al. *Fusarium moniliforme* and fumonisins in corn in relation to human esophageal cancer in Transkei. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 82, p. 353–357, 1992.

RICHARDSON, M. J. **An annotated list of seed-borne diseases**. 4th ed. Zurich: International Seed Testing Association, 1990.

ROBERTSON-HOYT, L. A. et al. QTL mapping for fusarium ear rot and fumonisin contamination resistance in two maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 4, p. 1734–1743, 2006.



- ROBERTSON, L. A. et al. Heritabilities and correlations of fusarium ear rot resistance and fumonisin contamination resistance in two maize populations. **Crop Science**, Madison, n. 46, p. 353, 2006.
- ROMERO, M. P. et al. Mapping of genes associated with Diplodia ear rot resistance in maize. In: ANUAL MEETING AMERICAN PHYTOPATHOLOGICAL SOCIETY, 1., 2012, Providence. **Anais...** Providence: APS, 2012. 1 CD ROOM.
- ROSSOUW, J. D.; VAN RENSBURG, J. B. J.; VAN DEVENTER, C. S. Breeding for resistance to ear rot of maize, caused by *Stenocarpella maydis* (Berk) Sutton. Evaluation of selection criteria. **South African Journal of Plant and Soil**, Pretoria, v.19, p.182-187, 2002.
- SANTOS, P. G. et al. Avaliação do desempenho agrônômico de híbridos de milho em Uberlândia, MG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 5, p. 597–602, 2002.
- SHURTLEFF, M. C. **A compendium of corn disease**. Sta. Paul: American Phytopathological Society, 1992.
- SIBIYA, J. et al. Combining ability analysis for *Phaeosphaeria* leaf spot resistance and grain yield in tropical advanced maize inbred lines. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 120, p. 86-93, 2011.
- SILVA, O. C.; SCHIPANSKI, C. A. **Manual de identificação e manejo das doenças do milho**. 2. ed. Castro: Fundação ABC, 2007. p. 116.
- SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs, specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.
- SOUZA, J. C.; DUARTE, J. M. Reação de cultivares de milho a. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 2, p. 325–331, 2002.
- TEHON, L. R.; DANIELS, E. Notes on parasitic fungi of Illinois. **Mycologia**, New York, v. 17, n. 2, p. 240-249, 1925.
- TEMBO, L.; ASEA, G.; GIBSON, P. T. Quantitative trait loci for resistance to *Stenocarpella maydis* and *Fusarium graminearum* cob rots in Tropical Maize. **Journal of Crop Improvement**, Berlin, n. 28, p. 214–28, 2014.

TEMBO, L. et al. Resistance breeding strategy for *Stenocarpella maydis* and *Fusarium graminearum* cob rots in tropical maize. **Plant Breeding**, Westport, v. 132, p. 83-89, 2012.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VIÉGAS, A. P. **Alguns fungos do Brasil**. Rio de Janeiro: Sociedade Brasileira de Agronomia, 1945. (Boletim, 8).

VIEIRA, R. et al. Reação de híbridos de milho. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 9, p. 140–146, 2009. Disponível em: <<http://www.sbmp.org.br/cbab/siscbab/uploads/c8129491-853a-3e1c.pdf>>. Acesso em: 8 maio 2012.

VIVEK, B. S. et al. Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of 12 African maize (*Zea mays* L.) inbred lines. **Euphytica**, Wageningen, v. 172, n. 3, p. 329–340, 2010.

WARD, J. M. J. et al. Gray leaf spot: a disease of global importance in maize production. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 83, n. 10, p. 884-895, 1999.

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

WHITE, D. G. **Compendium of corn diseases**. 3rd ed. St. Paul: American Phytopathological Society, 2000.

WISSER, R. J.; BALINT-KURTI, P. J.; NELSON, R. J. The genetic architecture of disease resistance in maize: a synthesis of published studies. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 96, n. 2, p. 120–129, 2006. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18943914>>. Acesso em: 21 nov. 2016.

**SEGUNDA PARTE**

**ARTIGO 1 - Eficiência da seleção per se e em híbridos simples para resistência a doenças no milho.**

---

\* Esse artigo será submetido à revista *Journal of Phythopatology*.

## RESUMO

As estratégias de melhoramento de plantas são constantemente aprimoradas para aumentar a eficiência durante o processo de seleção. Com isso, os objetivos deste trabalho foram estudar o controle genético e a eficiência da seleção com base no comportamento per se das linhagens e com base no comportamento dos híbridos, quanto a reação à mancha-branca, ferrugem comum e podridões de espiga, em programas de melhoramento de milho, bem como a relação entre a performance per se das linhagens e de híbridos simples para a resistência a essas doenças. Para isso, foi avaliado o comportamento de 106 linhagens e 661 híbridos em diferentes locais, no Brasil, quanto à reação a essas enfermidades. Posteriormente, estimaram-se as importâncias relativas dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos sobre a expressão desses caracteres, a associação entre os parâmetros considerados ao se realizar a seleção nessas gerações e o ganho com a seleção. Os resultados obtidos indicaram que há predomínio de efeitos aditivos para a resistência a mancha-branca e podridões de espiga, já para a ferrugem comum tem-se predomínio de efeitos de dominância. Entretanto, a avaliação dos híbridos por meio da análise dialélica foi eficiente na seleção para resistência a essas doenças. As enfermidades e as gerações avaliadas são inter-relacionadas, o incremento no nível de resistência tem resposta correlacionada mais expressiva quando a seleção é orientada pela reação à mancha-branca e há maior similaridade genética entre os parâmetros considerados na seleção orientada pelo comportamento dos híbridos.

**Palavras-chave:** Controle Genético. Triagem de genótipos. Fitossanidade. *Zea mays* L.

## ABSTRACT

Plant breeding strategies are constantly improved to increase efficiency during the selection process. Thereby, the objectives in this work were to study the genetic control and the selection efficiency based on the lineages per se's behavior and based on the hybrids behavior, as the reaction to white spot, common rust and ear rot, in corn breeding programs, as well as the relation between performance per se's of the lineages and simple hybrids for the resistance to these diseases. For this, the behavior of 106 lineages and 661 hybrids in different locations in Brazil was evaluated for the reaction to these diseases. Subsequently, the relative importance of the additive and non-additive genetic effects on the expression of these characters was estimated, the association among the parameters considered when the selection was made in those generations and the gain with the selection. The results indicated that there is a predominance of additive effects for resistance to white spot and ear rot, whereas for common rust predicts effects of dominance. However, the hybrids evaluation by means diallel analysis was efficient in selecting for resistance to these diseases. The diseases and generations evaluated are interrelated, the increase in the resistance level has a more expressive correlated response when the selection is oriented by the reaction to the white spot and there is greater genetic similarity among the parameters considered in the selection oriented by the hybrids behavior.

**Keywords:** Genetic control. Genotypes screening. Phytosanitary. *Zea mays L.*

## 1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) está presente em praticamente todos os estados brasileiros e foi cultivado em uma área correspondente a 15,4 milhões de hectares no Brasil, na safra 2015/16 (Conab, 2016). Em decorrência de sua ampla distribuição edafo-climática, esse cereal tem sido exposto à incidência de vários patógenos, o que tem contribuído para que as doenças representem um dos principais entraves à exploração do potencial genético para a produtividade de grãos nos programas de melhoramento dessa cultura, sobretudo devido às perdas decorrentes das doenças foliares e podridões de espiga (Pereira et al., 2015).

Dentre essas enfermidades, a mancha-branca (MB), cujo agente etiológico é a bactéria *Pantoea ananatis* (Gonçalves et al., 2013), é considerada uma das principais doenças foliares, tanto pela sua distribuição geográfica, como pelo potencial de dano que pode chegar a até 60% da produtividade de grãos (CARSON, 2005). Outra importante doença foliar, sobretudo na região Centro-Sul é a ferrugem comum (FC), causada pelo fungo *Puccinia sorghi*, a qual chega a causar perdas de 40% na produtividade de grãos (Dey et al., 2012).

De modo geral, essas doenças associadas a condições climáticas favoráveis e à susceptibilidade dos genótipos, favorecem também a ocorrência de podridões de espiga (PE) (Brito et al., 2013) e recentemente, tem sido observado aumento na incidência e severidade dessas podridões no Brasil, principalmente as causadas pelos fungos *Diplodia maydis* e *Fusarium verticillioides*, as quais podem vir a causar perdas de aproximadamente 50% na produtividade de grãos devido à expressiva redução no peso das espigas (Rossow et al., 2002; Reid et al., 2009). Além disso, depreciam a qualidade dos grãos, decorrente da produção de micotoxinas, substâncias altamente nocivas a aves e mamíferos (Gxasheka et al., 2015).

Diante do impacto decorrente desses patógenos na cadeia de produção de milho no Brasil, ampla discussão tem sido motivada nos programas de melhoramento quanto a estratégias que possam proporcionar maior eficiência durante o processo de triagem de genótipos resistentes. Com isso, algo comumente questionado refere-se à necessidade da avaliação de linhagens e a eficiência da seleção com base no comportamento dos híbridos, bem como o grau de associação entre as estimativas obtidas nessas gerações.

Vale ressaltar que, isso é dependente da caracterização do germoplasma quanto à natureza e magnitude dos efeitos genéticos aditivos e de dominância que controlam a reação a essas doenças e que as correlações lineares podem ser utilizadas para inferir sobre o grau de associação entre caracteres, mas não permitem a estimação das inter-relações entre os híbridos e seus genitores quanto a várias enfermidades simultaneamente.

Nesse contexto, o emprego da análise dialélica na abordagem de modelos lineares mistos tem sido preconizado para o estudo do controle genético, por viabilizar a obtenção de estimativas mais acuradas quando comparada a abordagem de modelos fixos (Mohring et al. 2011; Ogut et al. 2014). Associado a isso, a adoção da técnica de correlações canônicas é indicada para a estimação das inter-relações entre dois grupos de variáveis compostas por vários caracteres, metodologia essa ainda escassa na literatura em estudos de resistência a doenças e apresenta potencial para contribuir efetivamente em futuros trabalhos de melhoramento.

Diante disso, os objetivos deste trabalho foram estudar o controle genético e a eficiência da seleção com base no comportamento per se das linhagens e com base no comportamento dos híbridos quanto a reação à mancha-branca, ferrugem comum e podridões de espiga em programas de melhoramento de milho, bem como a relação entre o comportamento nessas gerações quanto a resistência essas doenças.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Condução e avaliação dos experimentos

Foram utilizadas 106 linhagens provenientes do banco de germoplasma da Universidade Federal de Lavras, as quais foram recentemente introduzidas no programa de melhoramento de milho dessa instituição e que não haviam ainda sido caracterizadas quanto ao nível de resistência a doenças. A partir desses genótipos sintetizou-se 661 híbridos em um sistema de dialelo desbalanceado na safra 2011/12.

Na safra seguinte, foi avaliado o comportamento per se dessas linhagens, em dois municípios localizados na região Central do Brasil, Lavras-MG e Uberlândia-MG. Instalados dois experimentos distintos em cada local, o primeiro inoculado com *F. verticillioides* e o segundo com *D. maydis*, conforme os procedimentos de preparo de inóculo e inoculação descritos por Correll et al. (1987); Petatán-Sagahón et al. (2011) e Clements et al. (2003). Posteriormente foi avaliada a reação a PE, MB e FC nesses experimentos, os quais foram conduzidos sob infecção natural dos agentes etiológicos das doenças foliares estudadas.

As linhagens foram aleatorizadas em cada experimento utilizando o delineamento de blocos incompletos com duas testemunhas comuns intercaladas, três repetições e com as parcelas experimentais correspondendo a uma linha de três metros com espaçamento de 0,7m entre linhas.

Na safra agrícola 2012/13, do total de híbridos previamente gerados, 621 foram avaliados em quatro locais distribuídos na região Sul do Brasil (Guarapuava-PR, Faxinal dos Guedes-SC, Itapeva-SP e Ipiranga-PR) e 490 híbridos (incluindo 450 híbridos avaliados da região Sul) avaliados em cinco locais na região Central (Araguari-MG, Presidente Olegário-MG, Uberaba-MG, Madre de Deus-MG e Nazareno-MG). Esses experimentos foram conduzidos



utilizando o delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições por local e parcelas constituídas por quatro linhas de cinco metros, com espaçamento de 0,7 m entre linhas, sob infecção natural dos agentes etiológicos da MB, FC e PE.

A semeadura em todos os experimentos foi realizada no sistema de plantio direto, em áreas nas quais se tem plantado milho após milho durante várias safras e as datas de plantio estabelecidas de acordo com as épocas de semeadura predominantes em cada região durante a safra verão. A adubação de plantio e de cobertura foi realizada de acordo com as recomendações técnicas para cada área experimental e os tratos culturais realizados visando o controle de lagarta do cartucho e de plantas daninhas, para que a cultura do milho pudesse desenvolver sem a interferência das mesmas.

Nos experimentos conduzidos com as linhagens, foram utilizadas três metodologias para estimar a resistência a PE, considerando os sintomas dos fungos *D. maydis* e *F. verticillioides*. Isso consistiu na nota média para incidência de grãos ardidos nas espigas da parcela (SCO), proporção de espigas com sintomas de podridão (PROP) e porcentagem de grãos ardidos (ARD).

Para a avaliação da SCO foi utilizada a escala diagramática de notas que variam de um a sete (Reid et al. 2002). Ao avaliar a PROP considerou-se a proporção de espigas com sintomas de podridão em relação ao número total de espigas da parcela. Enquanto para ARD, adotou-se o procedimento proposto pela portaria nº11, de 12/04/96, Brasil (1996) que estabelece uma amostra de 230 g de grãos por parcela para a separação visual e determinação da porcentagem de grãos com sintomas de descoloração em mais de um quarto da sua superfície total. Além disso, foi estimada a severidade das doenças foliares MB e FC com o auxílio da escala diagramática proposta pela Agrocerec (1996), por meio de uma única avaliação aos 85 dias após a emergência das plantas de milho (Lopes et al., 2011).

Nos experimentos conduzidos para a avaliação dos híbridos foram estimadas a reação a MB, FC e ARD, conforme os procedimentos apresentados na avaliação do desempenho per se das linhagens.

O número de genótipos e os caracteres avaliados em cada local por região na avaliação do desempenho per se das linhagens e dos híbridos estão descritos na tabela 1.

**Tabela 1** Número de genótipos e caracteres avaliados em cada local, quanto à reação a mancha-branca (MB), ferrugem comum (FC), porcentagem de grãos ardidos (ARD), proporção de espigas com sintomas de podridão (PROP) e nota média para incidência de grãos ardidos nas espigas da parcela (SCO).

Local	Códigos	Latitude	Longitude	Região	Número de genótipos	MB	FC	ARD	PROP	SCO
Desempenho per se das linhagens										
Lavras, MG		21°14'S	45°00'W	Central	106	X	X	X	X	X
Uberlândia, MG		18°55'S	48°16'W	Central	106	X		X	X	X
Desempenho dos híbridos										
Araguari, MG	E1	18°38'S	48°11'W	Central	367			X		
Presidente Olegário, MG	E2	18°25'S	46°25'W	Central	407	X		X		
Uberaba, MG	E3	19°45'S	47°55'W	Central	367	X		X		
Madre de Deus, MG	E4	21°29'S	44°19'W	Central	397	X				
Nazareno, MG	E5	21°12'S	44°35'W	Central	489	X				
Guarapuava, PR	E6	25°23'S	51°27'W	Sul	387		X	X		
Faxinal dos Guedes, SC	E7	26°51'S	52°15'W	Sul	322		X	X		
Itapeva, SP	E8	23°58'S	48°52'W	Sul	448		X	X		
Ipiranga, PR	E9	25°01'S	50°35'W	Sul	387		X	X		

## 2.2 Estimação do desempenho per se e da capacidade combinatória das linhagens

Com base nos caracteres apresentados e no delineamento experimental empregado na avaliação do comportamento per se das linhagens, as análises estatística foram realizadas utilizando o seguinte modelo linear misto, equação (1):

$$\mathbf{y} = \mu\mathbf{1} + \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_2\mathbf{b} + \mathbf{Z}_3\boldsymbol{\alpha} + \mathbf{Z}_4\mathbf{l}\mathbf{x}\mathbf{a} + \mathbf{Z}_5\mathbf{l}\mathbf{x}\mathbf{f}\mathbf{x}\mathbf{a} + \boldsymbol{\varepsilon} \quad (1)$$

Em que:  $\mathbf{y}$  é a observação da parcela para cada caractere;  $\mu\mathbf{1}$  é a constante;  $\boldsymbol{\beta}$  é o vetor de efeitos fixos de inóculo, locais, repetição dentro de fungos dentro locais e interação fungos x ambientes;  $\mathbf{a}$  é o vetor de efeitos aleatórios de linhagens;  $\mathbf{b}$  é o vetor de efeitos aleatórios de bloco dentro de repetição dentro de fungos e dentro de locais;  $\boldsymbol{\alpha}$  é o vetor de efeitos aleatórios da interação linhagens x fungos;  $\mathbf{l}\mathbf{x}\mathbf{a}$  é o vetor de efeitos aleatórios da interação linhagens x ambientes;  $\mathbf{l}\mathbf{x}\mathbf{f}\mathbf{x}\mathbf{a}$  é o vetor de efeitos aleatórios da interação linhagens x fungos x ambientes;  $\boldsymbol{\varepsilon}$  é o vetor do erro experimental.  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}_1$ ,  $\mathbf{Z}_2$ ,  $\mathbf{Z}_3$ ,  $\mathbf{Z}_4$  e  $\mathbf{Z}_5$  representam as matrizes de incidência para os respectivos efeitos.

Diante desse modelo, foi estimada a variância genética, herdabilidade à nível de média e acurácia para os caracteres considerados nesses experimentos, bem como estimado erro padrão associado às estimativas de variância genética e herdabilidade por meio do método delta (Kendall e Stuart 1963), utilizando o pacote nadv (Wolak 2012), disponível no software R (R Core Team 2015).

Para estimar as importâncias relativas dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos sobre a expressão das características avaliadas, foi adotado o método quatro de análise dialélica proposta por Griffing (1956), utilizando apenas as combinações híbridas. Essa metodologia permitiu a decomposição do

efeito de genótipos (híbridos dialélicos) em efeitos de capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC).

Para isso, foram obtidas as estimativas dos BLUPs da CGC e da CEC por meio do modelo linear misto apresentado na equação 2:

$$\mathbf{y} = \boldsymbol{\mu}\mathbf{1} + \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{g} + \mathbf{Z}_2\mathbf{s} + \mathbf{Z}_3\mathbf{gxa} + \mathbf{Z}_4\mathbf{sxa} + \boldsymbol{\varepsilon} \quad (2)$$

Em que:  $\mathbf{y}$  é o vetor das observações fenotípicas;  $\boldsymbol{\mu}\mathbf{1}$  é a constante;  $\boldsymbol{\beta}$  é o vetor de efeitos fixos de ambiente, experimento dentro de ambientes, repetições dentro de experimento e dentro de ambientes;  $\mathbf{g}$  é o vetor de efeitos aleatórios da CGC;  $\mathbf{s}$  é o vetor de efeitos aleatórios da CEC;  $\mathbf{gxa}$  é o vetor de efeitos aleatórios da interação entre CGC e ambientes;  $\mathbf{sxa}$  é o vetor de efeitos aleatórios da interação entre CEC e ambientes;  $\boldsymbol{\varepsilon}$  é o vetor dos efeitos aleatórios de resíduos.  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}_1$ ,  $\mathbf{Z}_2$ ,  $\mathbf{Z}_3$  e  $\mathbf{Z}_4$  representam as matrizes de incidência para os respectivos efeitos.

Tendo em vista o modelo supracitado, e os caracteres considerados, foram estimadas a variância da CGC, da CEC, a herdabilidade à nível de média, a acurácia, bem como estimado o erro padrão associado às estimativas dos componentes de variância, por meio do método delta (Kendall and Stuart 1963), utilizando o pacote *nadiv* (Wolak 2012), disponível no software R (R Core Team 2015).

Para melhor visualizar a interação da CGC e da CEC ao longo dos ambientes avaliados, foi plotado o gráfico GGE biplot (Genotype and Genotypes by Environments Interaction), proposto por Yan et al. (2000), contemplando os 10 melhores e 10 piores genótipos quanto a cada um dos caracteres estudados.

As análises foram realizadas utilizando a abordagem de modelos mistos em que os BLUPs das linhagens, da CGC e da CEC foram obtidos com o auxílio do software SAS v. 8,0 (SAS Institute, 2000), bem como utilizado esse software

para a realização da análise GGE biplot, com IML (Interactive matrix language) e SAS GRAPH para a geração dos gráficos GGE biplot.

### **2.3 Relação entre o desempenho dos híbridos e per se das linhagens**

Na estratégia de seleção orientada pelo desempenho dos híbridos, o valor aditivo das linhagens é predito pela CGC e para avaliar a eficiência dessa metodologia, os BLUPs da CGC foram comparados com os BLUPs do desempenho per se das linhagens. Ao passo que, na estratégia de seleção com base no desempenho per se das linhagens, o valor genotípico dos híbridos é predito pelo desempenho per se das linhagens, conseqüentemente para estimar a eficiência da mesma, os BLUPs do desempenho per se das linhagens foram comparados com o produto da soma dos BLUPs da CGC e da CEC média para cada genitor.

A associação entre as estimativas dos parâmetros considerados nessas estratégias de seleção foi realizada por meio da estimação da correlação classificatória de Sperman, elaboração de gráficos de concordância considerando os 20 melhores genótipos quanto à reação as doenças avaliadas e estimação do índice de coincidência, o qual foi obtido pela razão de concordância entre as estimativas desses parâmetros, diante da análise dos gráficos. Além disso, foi estimado o ganho com a seleção, considerando os 20 melhores genótipos.

### **2.4 Correlações canônicas**

A técnica multivariada das correlações canônicas foi empregada para descrever a máxima correlação entre os grupos de variáveis canônicas consideradas na seleção com base no comportamento dos híbridos e com base comportamento per se das linhagens, as quais foram compostas por combinações

lineares das três doenças avaliadas, permitindo estimar as inter-relações entre esses caracteres em cada uma dessas gerações, de acordo com os procedimentos descritos por Cruz et al. (2012).

Com o emprego de distâncias euclidianas foi realizado um estudo de divergência genética considerando os caracteres e os parâmetros avaliados nessas estratégias de seleção, para estudar o grau de similaridade genética entre os complexos de variáveis analisados. Para facilitar a visualização da associação entre os parâmetros considerados em cada estratégia, a matriz de distâncias foi projetada em um gráfico de três dimensões, sendo as correlações canônicas e o estudo de divergência genética por variáveis canônicas realizado com o auxílio do software Genes (Cruz, 2013).

### **3 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

#### **3.1 Estimação do desempenho per se e da capacidade combinatória das linhagens**

A precisão experimental obtida na avaliação do comportamento per se das linhagens indicada pelos valores de acurácia para MB, FC, SCO e ARD foi de baixa a moderada, ao passo que para PROP foi de alta magnitude (Tabela 2) (Resende e Duarte, 2007). Apesar da acurácia não ter sido alta para todos os caracteres analisados, ela foi suficiente para detectar variação entre as linhagens para todos os caracteres, tal como constatado nesse caso pela significância da variância genética entre esses genótipos. A interação genótipos x ambientes foi significativa para esses caracteres, fato esse favorecido pelas diferenças climáticas entre Lavras-MG e Uberlândia-MG, onde o clima é classificado como tropical de altitude e tropical com estação seca, respectivamente. De modo semelhante, Pereira et al. (2015) relataram a ocorrência de expressiva interação genótipos x ambientes quanto a reação a doenças foliares e podridões de espiga em experimentos conduzidos para a avaliação de linhagens de milho nesses locais.

A CGC e a CEC que são relativas à frequência de alelos favoráveis nos genitores e à complementação gênica que se expressa como heterose devido aos efeitos dos desvios de dominância e epistasia nas combinações híbridas, respectivamente, foram significativas para a FC e ARD, mostrando que os efeitos aditivos e não aditivos foram importantes no controle genético dessas doenças, tal como relatado por Kulbir et al. (2006) e Hung et al. (2012). No caso da MB, somente a CGC foi significativa (Tabela 3), indicando contribuição pouco expressiva da CEC, conforme também foi observado no estudo conduzido por Lopes et al., (2007).



Considerando os caracteres estudados na avaliação do comportamento per se das linhagens e dos híbridos, maiores valores foram verificados para as estimativas de acurácia nos resultados provenientes da avaliação dos híbridos, indicando melhor precisão experimental na condução desses experimentos em relação aqueles com as linhagens (Tabela 2 e 3) (Resende e Duarte, 2007).

As estimativas de herdabilidade apresentadas nas tabelas 2 e 3 evidenciam a possibilidade de sucesso com a seleção nas duas gerações estudadas, para as três doenças (MORETO et al., 1997). Todavia, diante de relatos na literatura, seriam esperados valores de herdabilidade mais expressivos, na ordem de 40 – 80% para essas enfermidades (Lopes et al., 2007; Wanlayaporn et al., 2013; Robertson et al., 2006). Fato esse observado somente para PROP, o qual corresponde a um método de avaliação que apresenta menor subjetividade por considerar somente a incidência do patógeno e não a sua severidade, tal como os demais caracteres estudados, o que proporcionou maior precisão experimental (Pereira et al., 2015; Rossouw et al., 2002).

Tendo em vista que, a interação genótipos x ambientes foi significativa para as características consideradas na avaliação do comportamento per se das linhagens e dos híbridos, houve um incremento no desvio padrão fenotípico e em virtude disso, redução nas estimativas de acurácia e herdabilidade (Matheson e Raymond, 1986). Isso justifica as menores estimativas obtidas para esses parâmetros no presente trabalho, sobretudo na avaliação per se, pois a alta homozigose reduz a expressão de caracteres que contribuem para um melhor ajustamento às mudanças ambientais, resultando em plantas mais sensíveis às variações ambientais do que os híbridos que são altamente heterozigóticos (Geiger et al., 2013). Li et al. (2014) descreveram resultados concordantes a esses, em pesquisa conduzida para avaliar o desempenho de linhagens de milho e seus respectivos híbridos em cinco locais na China.

Na análise da interação CGC x ambientes (Figura 1), constatou-se expressiva diferença no comportamento da CGC entre os ambientes avaliados, conseqüentemente a expressão dos alelos favoráveis doados pelos genitores variou entre esses ambientes. Isso ratifica os resultados descritos por Vivek et al., (2010), os quais ao realizarem a análise dialélica considerando sete doenças do milho, dentre as avaliadas nesse trabalho, detectaram significativa interação CGC x ambientes.

De modo similar, verificou-se que houve expressiva diferença no comportamento da CEC entre os ambientes estudados, mostrando que a expressão da complementação gênica entre os genitores variou ao longo dos ambientes avaliados (Figura 2), tal como Lopes et al. (2007), Jha et al. (1993) e Hung et al. (2012) detectaram a partir de dados provenientes da avaliação da MB, FC e PE, respectivamente.

Além disso, tendo em vista que na análise exploratória GGE biplot, o primeiro e o segundo componente principal referem-se à adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, os resultados apresentados nas Figuras 1 e 2, evidenciam genótipos com performance específica a alguns ambientes e a possibilidade de estratificação ambiental a partir desses parâmetros genéticos. Isso reforça a necessidade da análise dialélica e o estudo da interação genótipos x ambientes para permitir a seleção e o posicionamento mais preciso dos genótipos superiores quanto a MB, FC e PE em cada região (Pinto et al., 2007).

Ao analisar as estimativas da variância da CGC e CEC, bem como o grau de dominância obtido pela razão entre esses parâmetros (CEC/CGC), percebe-se que houve predomínio de efeitos aditivo, dominante e aditivo no controle genético da reação a MB, FC e PE, respectivamente (Tabela 3).

Pesquisas conduzidas por Carson (2001) e Sibiyi (2011), os quais avaliaram genótipos de milho nos EUA e África do Sul, constataram resultados

que corroboram os resultados obtidos quanto ao grau de dominância predominantemente aditivo verificado nesse trabalho para a reação a MB.

Com relação a FC, essa doença pode apresentar predomínio de efeitos aditivos ou de dominância, e nesse estudo o grau de dominância obtido é concordante com o apresentado por Jha et al. (1993), os quais verificaram predomínio de efeitos de dominância ao analisar os resultados de experimentos conduzidos sob inoculação do fungo causador dessa doença.

Vale ressaltar que, nesse caso não seria esperada contribuição tão expressiva da CGC, tal como apresentado na tabela 3, mas isso pode ser justificado em virtude dos experimentos terem sido conduzidos ao longo de uma ampla região geográfica, sob infecção natural do agente etiológico dessa enfermidade, o que favorece a ocorrência de várias raças do patógeno, propiciando que haja o chamado efeito *Parlevliet*, em que se tem uma falsa aparência de contribuição expressiva da CGC, ou seja, da resistência quantitativa, verificada quando a população do hospedeiro e do patógeno é heterogênea (Sidhu, 1984).

Na reação a grãos ardidos causada por *F. verticillioides* e *D. maydis*, o predomínio de efeitos aditivos ratifica os resultados previamente descritos por Vivek et al., 2010; Hung et al., 2012; Rossouw et al., 2002.

**Tabela 2** Estimativa de variância genética ( $\sigma_g^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e acurácia ( $r^2_{gg}$ ), provenientes da avaliação do desempenho per se das linhagens de milho, quanto aos caracteres mancha-branca (MB), ferrugem comum (FC), proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP), nota dada as espigas para severidade de grãos ardidos (SCO) e porcentagem de grãos ardidos (ARD).

Parâmetro	MB	FC	PROP	SCO	ARD
$\sigma_g^2$ (EP) <sup>¥</sup>	0,34 ** (±0,27)	0,18 * (±0,02)	0,03 * (±0,01)	0,04 * (±0,14)	18,56 ** (±7,89)
$h^2$ (%) (EP) <sup>¥</sup>	15,01 (±0,09)	20,32 (±0,13)	65,01 (±0,17)	4,75 (±0,08)	26,91 (±0,12)
$r^2_{gg}$ (%)	38,74	45,07	80,63	21,79	51,87

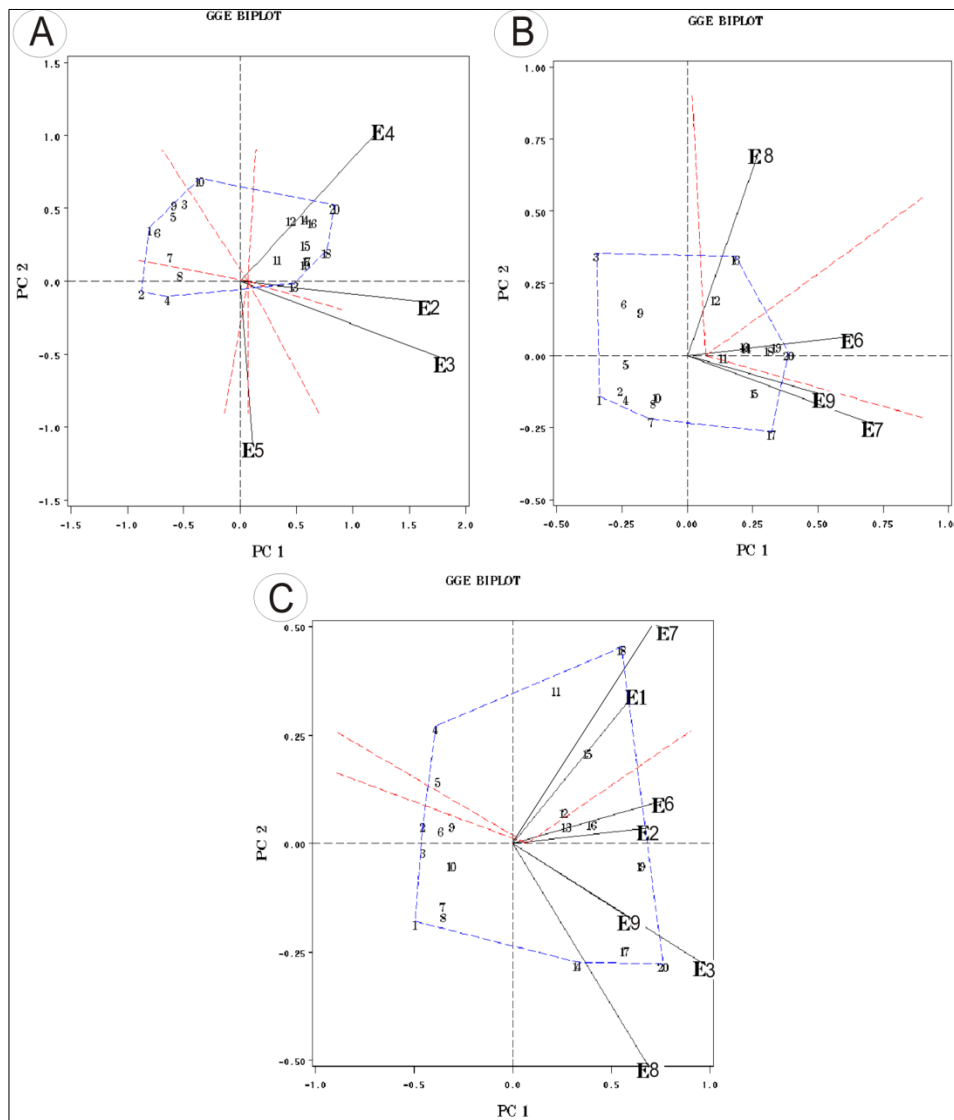
<sup>¥</sup>= Erro padrão; \* e \*\*= significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste LRT.

**Tabela 3** Estimativas da variância da capacidade geral de combinação ( $\sigma_{CGC}^2$ ), variância da capacidade específica de combinação ( $\sigma_{CEC}^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e acurácia ( $r^2_{gg}$ ), obtidas a partir da avaliação dos híbridos de milho quanto à mancha-branca (MB), ferrugem comum (FC) e porcentagem de grãos ardidos (ARD).

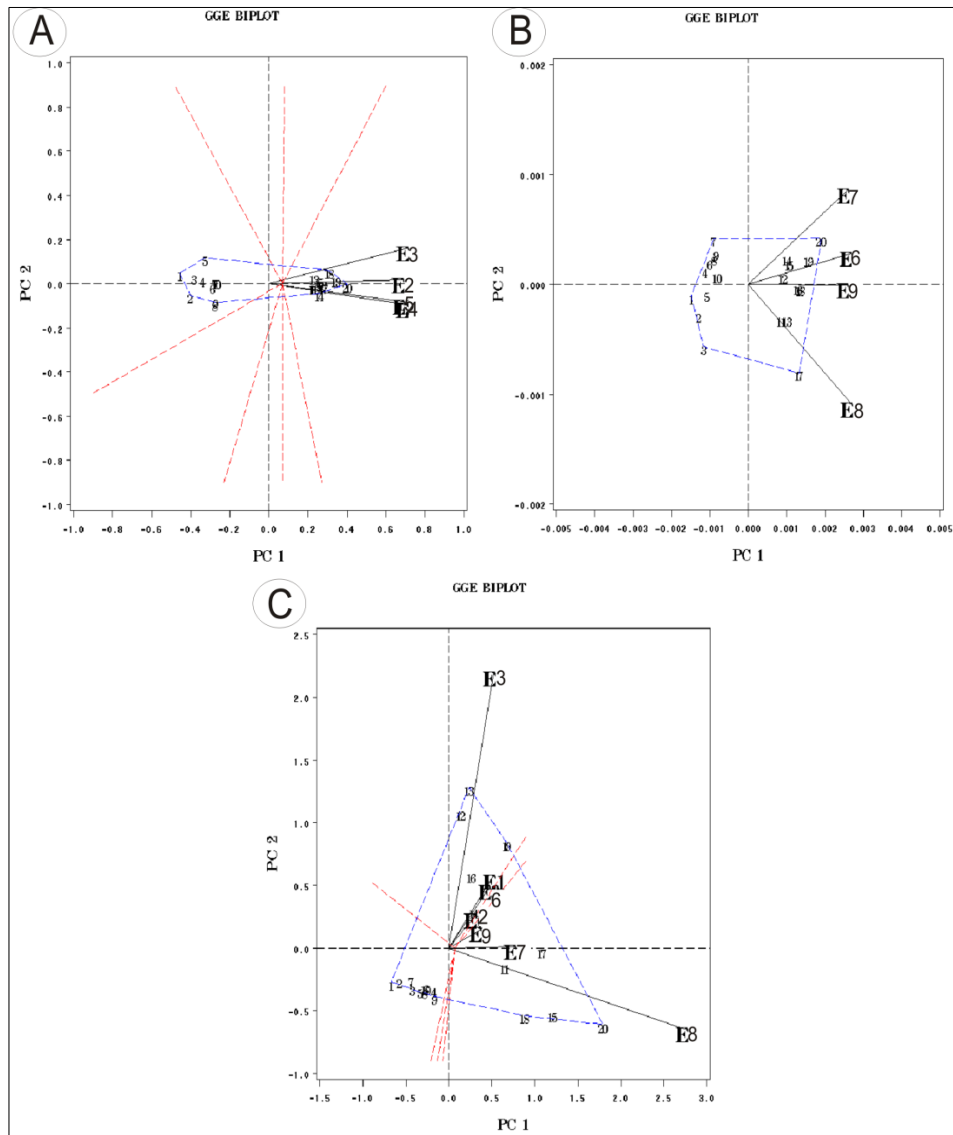
Parâmetro	MB	FC	ARD
$\sigma_{CGC}^2$ (EP) <sup>¥</sup>	0,19 ** (±0,04)	0,05 * (±0,02)	0,38 ** (±0,06)
$\sigma_{CEC}^2$ (EP) <sup>¥</sup>	3,44 x 10 <sup>-6</sup> NS (±1,44 x 10 <sup>-6</sup> )	0,06 ** (±0,05)	0,05 * (±0,01)
$h^2$ (%) (EP) <sup>€</sup>	31,94 (±13,82)	27,52 (±12,25)	37,40 (±0,09)
$r^2_{gg}$ (%)	56,52	52,46	61,15

<sup>¥</sup>= Erro padrão; <sup>NS</sup>, \* e \*\*= não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste LRT.

**Figura 1** GGE biplots com os dois primeiros componentes principais, CGC + CGC x ambientes, correspondendo à representação das 10 linhagens de milho mais e menos resistentes resistência à mancha-branca (A), ferrugem comum (B) e porcentagem de grãos ardidos (C). Sendo que E# corresponde a ambientes, estando cada linhagem identificada pelo seu respectivo número cardinal devido à sua posição de ranqueamento, 1 – 10 mais resistentes e 11 – 20 mais suscetíveis.



**Figura 2** GGE biplots com os dois primeiros componentes principais, CEC + CEC x ambientes, correspondendo à representação dos 10 híbridos de milho mais e menos resistentes à mancha-branca (A), ferrugem comum (B) e porcentagem de grãos ardidos (C). Sendo que E# corresponde a ambientes, estando cada híbrido identificado pelo seu respectivo número cardinal devido a sua posição de ranqueamento, 1 – 10 mais resistentes e 11 – 20 mais suscetíveis.



### 3.2 Relação entre o desempenho dos híbridos e per se das linhagens

Ao analisar a eficiência da seleção orientada pelo comportamento dos híbridos (Tabela 4) e per se das linhagens (Tabela 5), percebe-se que para a MB a correlação entre os parâmetros estimados em ambas as estratégias de seleção foi positiva, moderada e significativa. Associado a isso, foi verificado alto índice de coincidência, entre os parâmetros considerados nessas metodologias, tal como apresentado nos gráficos das Figuras 3 e 4. Corroborando com isso, foi constatado ganho com a seleção em ambos os casos (Tabela 6 e 7), sobretudo quando a seleção foi realizada com base no desempenho dos híbridos.

Para a PE, a correlação entre os parâmetros considerados na seleção direcionada pelo comportamento dos híbridos (Tabela 4) e per se das linhagens (tabela 5) apresentaram estimativas de correlação positivas, baixas e significativas para PROP e SCO, bem como negativa, baixa e não significativa para ARD. Apesar de terem sido obtidas correlações de baixa magnitude, houve alto índice de coincidência entre os parâmetros analisados quanto a PROP e SCO em ambas as estratégias de seleção e coincidência moderada entre os parâmetros considerados para o caráter ARD (Figura 3 e 4). Nesse caso, as estimativas evidenciaram que ocorre ganho com a seleção em ambos os casos (Tabela 6 e 7), sendo mais expressivo quando a seleção é orientada pela avaliação dos híbridos e por meio dos caracteres PROP e SCO.

Diante dos resultados supracitados, a reação a MB e a PE nos híbridos e nas linhagens é inter-relacionada, tal como descrito por Hung et al., (2012) e Menkir et al., (2005), os quais conduziram suas pesquisas avaliando os patossistemas milho – grãos ardidos e doenças foliares, respectivamente, sendo a associação entre essas gerações justificada pelo predomínio de efeitos aditivos no controle da resistência a essas doenças.

Tendo em vista que, o ganho com a seleção apresentou maior magnitude quando a triagem de genótipos foi conduzida com base no desempenho dos híbridos

(Tabela 6 e 7) e devido à possibilidade dessa estratégia permitir a estimação da capacidade combinatória das linhagens, ela é ideal para a avaliação da reação a MB e PE nos programas de melhoramento. Com isso, é possível a seleção de linhagens com maior frequência de alelos favoráveis (Balestre et al., 2008) e aproveitar efeitos de dominância que não são explorados na avaliação das linhagens, consequentemente predizer os melhores cruzamentos.

Além disso, concentrando esforços na análise dialélica é possível realizar um estudo mais amplo da adaptabilidade e estabilidade durante os trabalhos de seleção de genótipos e simultaneamente identificar genitores que ao serem cruzados expressam além da resistência a essas enfermidades, outras características de interesse agrônomo (Menkir et al., 2005).

No estudo do grau de associação entre os parâmetros considerados na seleção direcionada pelo comportamento dos híbridos (Tabela 4) e per se das linhagens (tabela 5) para a FC, foram obtidas estimativas de correlação negativas, de baixa magnitude em ambas as estratégias e significativa somente quando a seleção foi orientada pelo comportamento dos híbridos.

Nesse sentido, foi verificada coincidência pouco expressiva entre os parâmetros considerados nessas estratégias de seleção (Figura 3 e 4). Corroborando esses resultados, não foi observado ganho com a seleção no sentido de reduzir a severidade a essa doença com o emprego dessas metodologias. Isso mostrou que essas estratégias de seleção não foram eficientes para a identificação de genótipos superiores quanto a essa enfermidade.

Esses resultados indicam que também para essa doença é indicado o emprego da avaliação dos híbridos e que durante a análise dialélica o enfoque deve ser dado a CEC, pois os resultados supracitados, bem como a constatação de predomínio de efeitos de dominância mostram que a expressão dessa característica é dependente da divergência genética e frequência de alelos de resistência entre os genitores (Falconer, 1990). Wisser et al., (2006), enfatizam isso, ao descreverem vários alelos dominantes



(Rp) envolvidos no controle da resistência qualitativa a essa doença. Além disso, novas especificidades de resistência genética são geradas durante os cruzamentos, por meio de recombinação gênica (Richter et al., 1995), fazendo com que a avaliação da performance da descendência dos cruzamentos seja fundamental para o sucesso durante o processo de seleção.

**Tabela 4** Estimativas de correlação classificatória de Sperman entre os parâmetros considerados na seleção orientada com base no comportamento dos híbridos, quanto à resistência a mancha-branca (MB), ferrugem comum (FC), proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP), nota dada as espigas para severidade de grãos ardidos (SCO) e porcentagem de grãos ardidos (ARD).

Caráter selecionado BLUPs da CGC <sup>‡</sup>	BLUPs do desempenho per se das linhagens				
	MB	FC	PROP	SCO	ARD
MB	0,63**				
FC		-0,19*			
ARD			0,17*	0,18*	-0,02 <sup>NS</sup>

<sup>NS</sup>, \* e \*\*= não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t; <sup>‡</sup>CGC= capacidade geral de combinação.

**Tabela 5** Estimativas de correlação classificatória de Sperman para os parâmetros considerados na seleção orientada pelo comportamento per se das linhagens, quanto à resistência a mancha-branca (MB), ferrugem comum (FC), proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP), nota dada as espigas para severidade de grãos ardidos (SCO) e porcentagem de grãos ardidos (ARD).

Caráter selecionado BLUPs do desempenho per se das linhagens	BLUPs da CGC+CEC <sup>‡</sup>		
	MB	FC	ARD
MB	0,62**		
FC		-0,02 <sup>NS</sup>	
PROP			0,18*
SCO			0,19*
ARD			-0,03 <sup>NS</sup>

<sup>NS</sup>, \* e \*\*= não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. <sup>‡</sup>CGC= capacidade geral de combinação, CEC= capacidade específica de combinação.

**Tabela 6** Estimativas do ganho com a seleção orientada com base no comportamento dos híbridos, quanto à resistência a mancha-branca (MB), ferrugem comum (FC), proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP), nota dada as espigas para severidade de grãos ardidos (SCO) e porcentagem de grãos ardidos (ARD).

Caráter selecionado	Ganho com a seleção (%)				
	BLUPs do desempenho per se das linhagens				
BLUPs da CGC <sup>‡</sup>	MB	FC	PROP	SCO	ARD
MB	-6,19				
FC		5,44			
ARD			-19,70	-4,75	-1,35

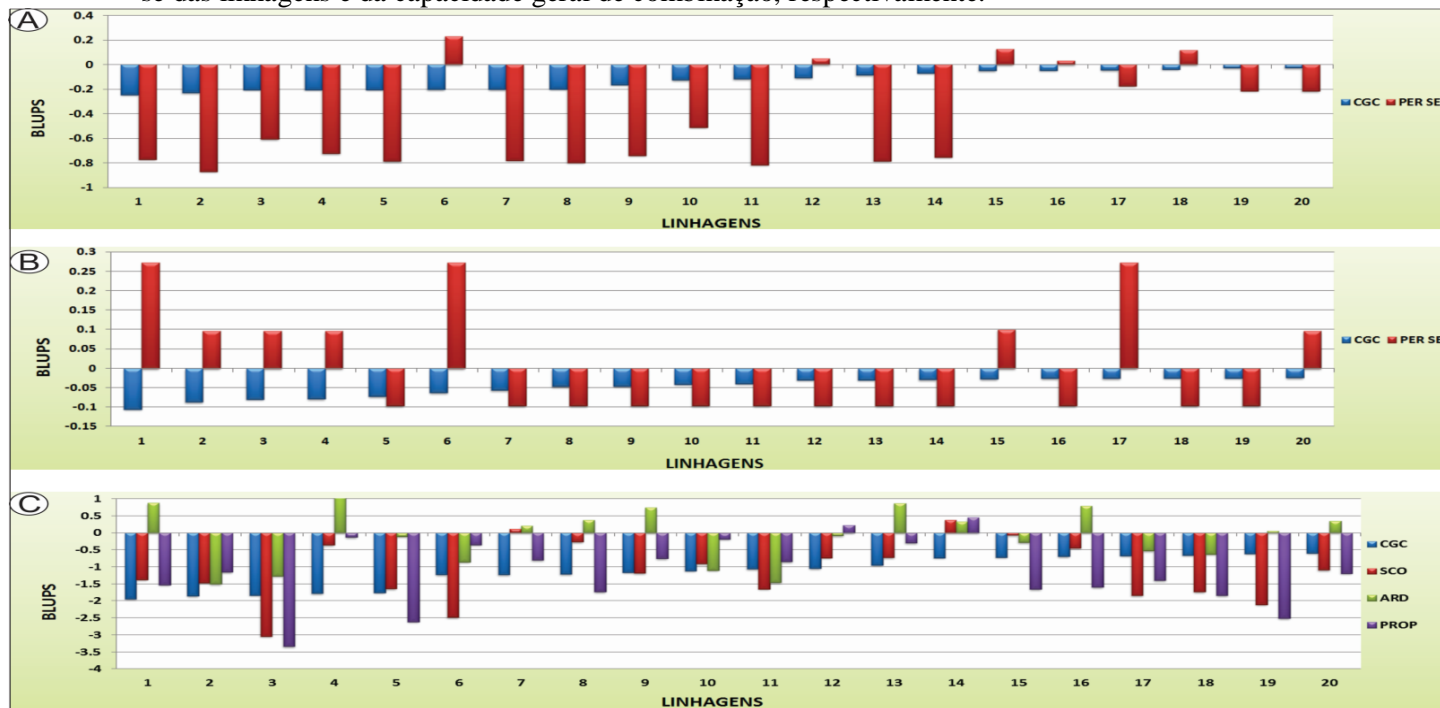
<sup>‡</sup>CGC= capacidade geral de combinação.

**Tabela 7** Estimativas do ganho com a seleção orientada com base no comportamento per se das linhagens, quanto à resistência às doenças mancha-branca (MB), ferrugem comum (FC), proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP), nota dada as espigas para severidade de grãos ardidos (SCO) e porcentagem de grãos ardidos (ARD).

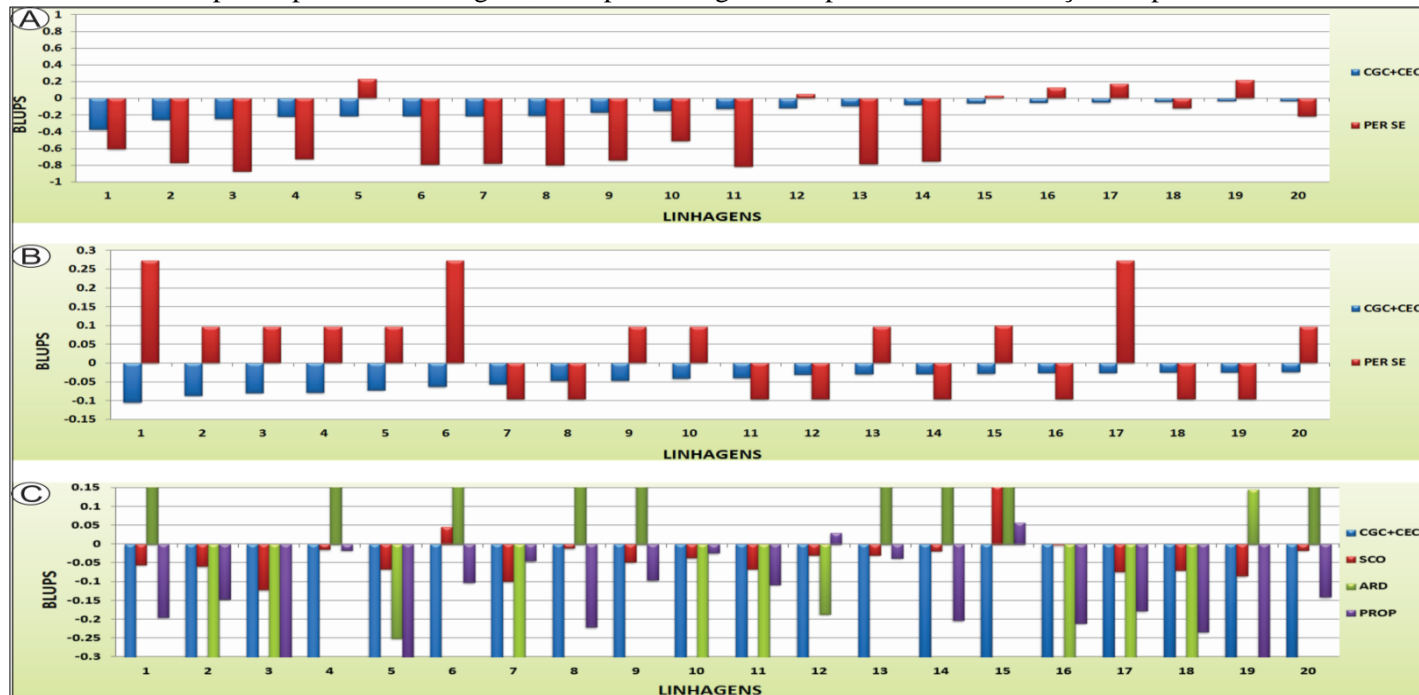
Caracteres selecionados	Ganho com a seleção (%)		
	BLUPs da CGC+CEC <sup>‡</sup>		
BLUPs do desempenho per se das linhagens	MB	FC	ARD
MB	-1,64		
FC		0,21	
PROP			-5,36
SCO			-0,84
ARD			-0,81

<sup>‡</sup>CGC= capacidade geral de combinação, CEC= capacidade específica de combinação.

**Figura 3** Gráficos de concordância entre os parâmetros considerados na seleção orientada com base com comportamento dos híbridos quanto à resistência a mancha-branca (A), ferrugem comum (B) e os seguintes caracteres relacionados a grãos ardidos (C): proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP), nota dada as espigas para severidade de grãos ardidos (SCO) e porcentagem de grãos ardidos (ARD). Considerando as 20 linhagens de milho mais resistentes, cada uma delas identificada pelo seu respectivo número cardinal, em função de sua posição de ranqueamento. Sendo per se e CGC correspondentes aos BLUPs do desempenho per se das linhagens e da capacidade geral de combinação, respectivamente.



**Figura 4** Gráficos de concordância entre os parâmetros considerados na seleção orientada com base no comportamento per se das linhagens, quanto à resistência a mancha-branca (A), ferrugem comum (B) e os seguintes caracteres relacionados a grãos ardidos (C): proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP), nota dada as espigas para severidade de grãos ardidos (SCO) e porcentagem de grãos ardidos (ARD). Considerando os 20 genótipos de milho mais resistentes, cada uma delas identificada pelo seu respectivo número cardinal, em função de sua posição de ranqueamento. Sendo per se, CGC e CEC correspondentes aos BLUPs do desempenho per se das linhagens, da capacidade geral e específica de combinação, respectivamente.



### 3.3 Correlações canônicas

Considerando simultaneamente as três doenças avaliadas e os parâmetros considerados na seleção orientada pelo desempenho dos híbridos e pelo desempenho per se das linhagens, a multicolinearidade foi expressiva para os caracteres SCO e ARD, impedindo a utilização desses caracteres na análise multivariada de correlação canônica, tal como descrito por Cruz & Carneiro (2003).

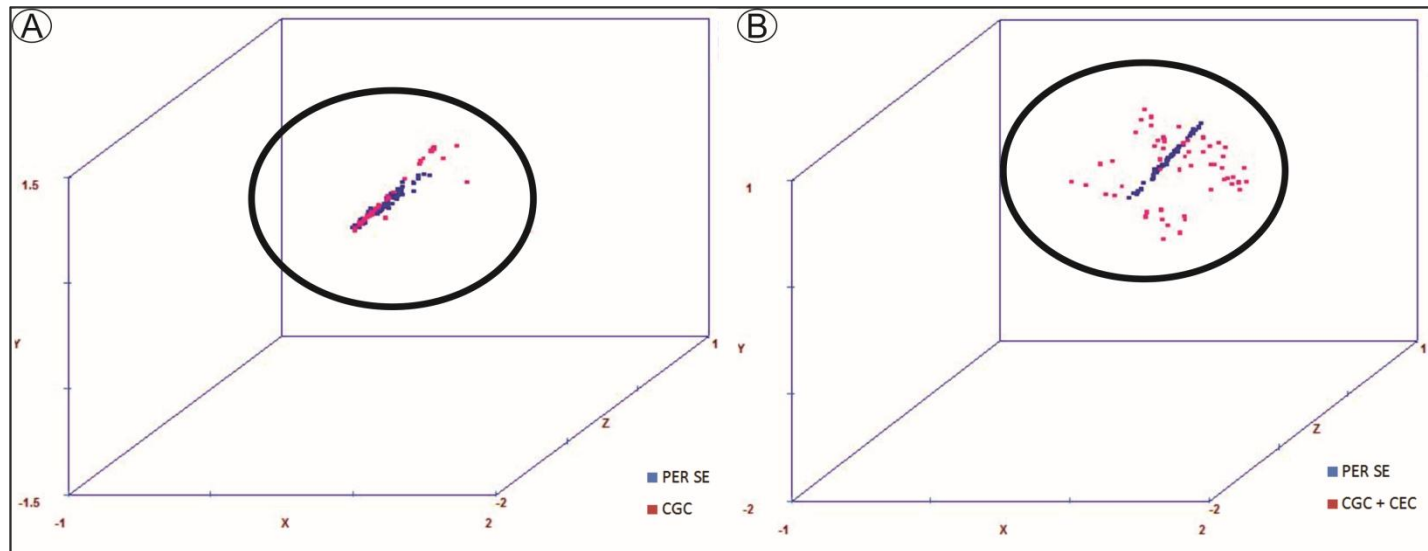
O primeiro par canônico, o único significativo dentre os estudados em ambas as estratégias de seleção apresentou correlação moderada e significativa, ao nível de 1% de probabilidade pelo teste de qui-quadrado. Isso confirma a expectativa de que os parâmetros considerados nessas metodologias, bem como os mecanismos de resistência a essas doenças são inter-relacionados, tal como verificado por Arnhold (2008), ao avaliar dentre outras doenças a PE e a MB. Com isso, foi constatado que a seleção simultânea para essas enfermidades têm resultados satisfatórios no incremento do nível de resistência a essas doenças, o que indica a possibilidade de piramidação de alelos para o desenvolvimento de genótipos com múltiplas resistências.

Haja vista que, as cargas canônicas medem a correlação linear simples entre uma variável original observada nos grupos e a variável estatística canônica do seu respectivo grupo, quanto maior a carga, mais importante é a variável para derivar a variável estatística canônica (Hair Junior et al. 2009). Com isso, a correlação do primeiro par canônico, o qual associa os parâmetros considerados na seleção orientada pelo comportamento dos híbridos e pelo per se das linhagens, indicou que a carga canônica correspondente ao nível de resistência a MB foi determinante para incrementar o nível de resistência a essa doença e as demais consideradas nessas estratégias de seleção. De modo que, a MB apresentou elevada carga canônica, resultando em alta variância compartilhada, acima de 90% em ambas as estratégias.

Para obter mais informações referentes à eficiência da seleção com base no comportamento dos híbridos e das linhagens, o estudo de divergência genética por meio da estimação da dispersão gráfica da matriz de distâncias euclidiana para às variáveis analisadas (Figura 4) permitiu a constatação de que os parâmetros empregados na seleção orientada pelo comportamento dos híbridos apresenta maior similaridade genética (Cruz et al., 2012) e conseqüentemente, essa é a estratégia mais adequada para ser incorporada no processo de seleção, o que é de grande relevância para orientar futuros trabalhos de melhoramento. Apesar de haver predomínio de efeitos aditivos para MB e PE, esses resultados mostram que a contribuição da CEC tem impacto expressivo no grau de similaridade genética desses genótipos, sobretudo para a PE na qual a CEC foi significativa e para a FC que tem predomínio de efeitos de dominância. Com isso, em virtude desse parâmetro não ser predito na seleção orientada pelo comportamento per se das linhagens a seleção nessa geração torna-se menos eficiente.

No presente trabalho, a utilização de modelos mistos associados a técnicas univariadas e multivariadas permitiu descrever a relação entre os parâmetros considerados na seleção orientada pelo desempenho dos híbridos e pelo per se das linhagens para a MB, FC e PE. Vale ressaltar que, ao realizar esse estudo com o emprego de correlações canônicas (abordagem multivariada), foi possível a simplificação no conjunto de variáveis analisadas, informando a respeito da resposta correlacionada no processo de seleção envolvendo simultaneamente essas três doenças, nas gerações avaliadas. Contudo, a repetição desse estudo com outros germoplasmas e/ou ambientes é recomendada para elucidar e ampliar a compreensão do grau de associação entre as doenças e os parâmetros considerados nessas estratégias de seleção, sobretudo porque na literatura pesquisada não foram encontrados trabalhos utilizando às correlações canônicas nesse contexto.

**Figura 4** Dispersão gráfica no espaço tridimensional das distâncias euclidianas, confeccionadas com as estimativas dos parâmetros considerados na reação à mancha-branca, ferrugem-comum e podridões de espiga. Sendo (A) parâmetros considerados na seleção com base no comportamento dos híbridos e (B) parâmetros considerados na seleção com base no comportamento per se das linhagens. Sendo per se, CGC e CEC correspondentes aos BLUPs do desempenho per se das linhagens, da capacidade geral e específica de combinação, respectivamente.



#### **4 CONCLUSÕES**

Diante do germoplasma estudado, há predomínio de efeitos aditivos para a resistência a mancha-branca e podridões de espiga, já para a ferrugem comum tem-se predomínio de efeitos de dominância.

Entretanto, apenas a avaliação dos híbridos por meio da análise dialélica é mais eficiente para a seleção quanto ao nível de resistência a essas doenças em um programa de melhoramento.

As enfermidades e as gerações avaliadas são inter-relacionadas, o incremento no nível de resistência tem resposta correlacionada mais expressiva quando a seleção é orientada pela reação à mancha-branca e há maior similaridade genética entre os parâmetros considerados na seleção orientada pelo comportamento dos híbridos.



## REFERÊNCIAS

Agrocerec (1996). **Guia Agrocerec de sanidade**, Sementes Agrocerec, São Paulo, 72 p.

Arnhold E (2008) Seleção para resistência a doenças foliares em famílias S 1 de milho-pipoca. **Ceres 2** : 89-93.

Balconi C, Berardo N, Locatelli S, Lanzasova C, Torri A, Redaelli R (2014) Evaluation of ear rot (*Fusarium verticillioides*) resistance and fumonisin accumulation in Italian maize inbred lines. **Phytopathologia Mediterranea 1** : 14-26.

Balestre M, Machado JC, Lima JL, Souza JC, (2008) Genetics distances estimates among single cross hybrids and correlation with specific combining ability and yield in corn double cross hybrids. **Genetics and Molecular Research 1** : 65-73.

Brasil (1996). **Portaria n° 11, de 12 de abril de 1996 Estabelece critérios complementares para classificação do milho**. Diário Oficial da União, 72 : 6231.

Brito AH, Von Pinho R G.; Pereira, JLAR.; Balestre M (2013). Controle químico da cercosporiose, mancha-branca e dos grãos ardidos em milho. **Revista Ceres 5** : 629–635.

Carson ML (2005). Yield loss potential of *Phaeosphaeria* leaf spot of maize caused by *Phaeosphaeria maydis* in the United States. **Plant Disease 89** : 986–988.

Conab (2005). **Companhia Nacional de Abastecimento. Conjuntura Mensal – 2015**. Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15\\_03\\_17\\_08\\_44\\_51\\_sorgofevereiro2015.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_03_17_08_44_51_sorgofevereiro2015.pdf)>. Acesso em julho de 2015.

Correl JC, Klittich CJR, Leslie JF (1987). Nitrate nonutilizing mutants of *Fusarium oxysporum* and their use in vegetative compatibility tests. **Phytopathology 77** : 1640-1646.

Clements MJ, Kleinschmidt CE, Maragos CM, Pataky JK (2003). Evaluation of inoculation techniques for fusarium ear rot and fumonisin contamination of corn. **Plant Disease 87** : 147-153.

Cruz CD, Carneiro PCS (2003). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, p. 585.

Cruz, CD, Regazzi, AJ, Carneiro, PCS (2012). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, p.514.

Cruz CD (2013). GENES a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum** 3 : 271-276.

Cruz, C.D.; Viana, JMS (1994). A methodology of genetic divergence analysis based on sample unit projection on two-dimensional space. **Revista Brasileira de Genética** 1 : 69 - 73.

Danson J, Lagat M, Kimani M, Kuria A (2008). Quantitative trait loci (QTLs) for resistance to gray leaf spot and common rust diseases of maize. **African Journal of Biotechnology** 18 : 3247–3254.

Dey U, Harlapur SI, Dhutraj, DN, Suryawanshi, AP, Bhattacharjee R (2015). Integrated disease management strategy of common rust of maize incited by *Puccinia sorghi* Schw. **African Journal of Microbiology Research** 20 : 1345–1351.

Falconer DS, Mackay TF (1990). **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Essex: Longman, 464 p.

Geiger HH, Gordillo GA, Koch S (2013). Genetic Correlations among Haploids, Doubled Haploids, and Testcrosses in Maize. **Crop Science** 53 : 2313-2320.

Griffing B (1956). **A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance**. Heredity, London 10 : 31-50.

Gilmour AR, Thompson R, Cullis BR (1995). Average information REML: An efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. **Biometrics** 51 : 1440–1450.

Gonçalves RM, Figueiredo JEF, Pedro ES, Meirelles WF (2013). Etiology of phaeosphaeria leaf spot disease of maize. **J. of Plant Pathology** 95 : 559-569.

Hair Junior JF, Black WC, Babin BJ, Anderson RE, Tatham RL (2009). **Análise multivariada de dados**. Porto Alegre: Bookman, 688 p.

Jha PB (1993). Diallel analysis for resistance to common rust and turicum leaf blight in maize. **Proceedings Of The National Academy Of Sciences India** **63** : 237-241.

Kulbir S, Gill GK, Satija DR, Bhat MA (2006). Combining ability for resistance to common rust (*Puccinia sorghi*) in maize (*Zea mays* L.). **Crop improvement**, **33** : 144-150.

Pereira GS, Camargos RB.; Balestre, M.; Von Pinho RG, Melo WMC (2015). Indirect selection for resistance to ear rot and leaf diseases in maize lines using biplots. **Genetics and Molecular Research**, **14** : 11052–11062.

Petátan-Sagahón I, Anducho-reyes MA, Silva-Rojas HV, Arana-Cuenca A (2011). Isolation of bacteria with antifungal activity against the phytopathogenic fungi *Stenocarpella maydis* and *Stenocarpella macrospora*. **Int. J. Mol. Science** **12** : 5522-5537.

Gxasheka M, Wang J, Tyasi TL, Gao J (2015). **Scientific understanding and effects on ear rot diseases in maize production : a review** **3** : 77–84.

Hung HY, Holland JB (2012). Diallel analysis of resistance to *Fusarium* ear rot and fumonisin contamination in maize. **Crop Science** **52** : 2173–2181.

Li Y, Li Y, Ma X, Smith JSC (2014). Contributions of parental inbreds and heterosis to morphology and yield of single-cross maize hybrids in China. **Crop Science** **54** : 76-88.

Lopes MTG, Vieira MLC, Lopes R (2011). Progeny evaluation for resistance to *Phaeosphaeria* leaf spot in tropical maize. **Canadian Journal of Plant Pathology** **33** : 49-53.

Lopes MTG, Lopes R, Brunelli KR, Silva HP, Matiello RR, Camargo LEA (2007). Controle genético da resistência à mancha-de-*Phaeosphaeria* em milho. **Ciência rural** **2** : 605–611.

Matheson AC, Raymond CA (1986). A review of provenance x environment interaction. Its practical importance and use with particular reference to the tropics. **Commonw. Forestry Review** **65** : 283-302.

Menkir A, Ayodele M (2005). Genetic analysis of resistance to Grey Leaf spot of midaltitude maize inbred lines. **Crop Science** **45** : 163–170.

Moreto AL, Ramalho MAP, Nunes JAR, Abreu AFB (1997). Estimação dos componentes da variância fenotípica em feijoeiro utilizando método genealógico. **Ciência e agrotecnologia** **9** : 1035–1042.

Pereira GS, Camargos RB, Balestre M, Von Pinho RG, Melo WMC (2015). Indirect selection for resistance to ear rot and leaf diseases in maize lines using biplots. **Genetics and Molecular Research** **14** : 11052–11062.

Pinto RJB, Scapim CA, Barreto RR, Rodovalho M A (2007). Análise dialélica de linhagens de milho-pipoca. **Ceres** **54** : 471–477.

Protásio TP, Tonoli GHD, Júnior MG, Bufalino L, Couto AM, Trugilho PF (2012). Correlações canônicas entre as características químicas e energéticas de resíduos lignocelulósicos. **Cerne** **18** : 433-439.

Rao C R (1973). **Linear statistical inference and its applications** (2nd ed.). New York: Wiley.

Reid LM, Zhu CX, Parker CA, Yan CW (2009). Increased resistance to *Ustilago zeae* and *Fusarium verticillioides* in maize inbred lines bred for *Fusarium graminearum* resistance. **Euphytica** **165** : 567-578.

Richter TE, Pryor TJ, Bennetzen JL, Hulbert SH (1995). New rust resistance specificities associated with recombination in the Rp1 complex in maize. **Genetics** **141** : 373-381.

Rigão MH, Storck L, Bisognin DA, Lopes SJ (2009). Canonical correlation for tuber trait to assist early selection of potato clones. **Ciência Rural** **39** : 2347-2353.

Resende MDV and DUARTE JB (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical** **37**, 182-194.

Robertson-Hoyt LA, Jines MP, Balint-Kurti PJ, Kleinschmidt CE, White DG, Payne GA, Maragos CM, Molnár TL, Holland JB (2006). QTL mapping for fusarium ear rot and fumonisin contamination resistance in two maize populations. **Crop Science** **46**, 1734–1743.

Rossouw JD, Van Rensburg JBJ, Van Deventer CS (2002). Breeding for resistance to ear rot of maize, caused by *Stenocarpella maydis* (Berk) Sutton. Evaluation of selection criteria. **S. Afr. J. Plant Soil** **19** : 182-187.

SAS Institute (2000). **SAS/STAT User's Guide**. Version 8. SAS Institute Inc., Cary.

Sibiya J, Tongoona P, Derera J, Rij NV, Makanda I (2011). Combining ability analysis for *Phaeosphaeria* leaf spot resistance and grain yield in tropical advanced maize inbred lines. **Field Crops Research** **120** : 86-93.

Sidhu, G. S (1984). **Parasitic epistasis**. **Phytopathology** **74** : 382-384.

Souza VQ, Baretta D, Nardino M, Carvalho IR, Follmann DN, Konflanz VA, Schmidt D (2015). Variance components and association between corn hybrids morpho-agronomic characters. **Jaboticabal** **43** : 246–253.

Tembo L, Asea G, Gibson PT (2014). Quantitative trait loci for resistance to *Stenocarpella maydis* and *Fusarium graminearum* cob rots in Tropical Maize. **J Crop Improvement** **28** : 214–28.

Tembo L, Asea G, Gibson PT, Okori P (2012). Resistance breeding strategy for *Stenocarpella maydis* and *Fusarium graminearum* cob rots in tropical maize. **Plant Breeding** **132** : 83-89.

Van Egmond HP, Ronald CS, Marco AJ (2007). Regulations relating to mycotoxins in food. Perspectives in a global and European context. **Anal. Bioanal. Chem** **389** : 147-157.

Vivek BS, Odongo O, Njuguna J, Imanywoha J, Bigirwa G, Diallo A, Pixley K (2010). Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of 12 African maize (*Zea mays* L.) inbred lines. **Euphytica** **172** : 329–340.

Wanlayaporn K, Authrapun J, Vanavichit A, Tragoonrung S (2013). QTL Mapping for Partial Resistance to Southern Corn Rust Using RILs of Tropical Sweet Corn. **American Journal of Plant Sciences** **1** : 878–889.

Wisser RJ, Balint-Kurti PJ, Nelson RJ (2009). The genetic architecture of disease resistance in maize: a synthesis of published studies. **Phytopathology** **96** : 120–9.

Yan W, Hunt LA, Sheng Q, Szlavnic Z (2009). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science** **40** : 597-605, 2009.

**ARTIGO 2 - Seleção indireta para resistência a grãos ardidos e doenças foliares em linhagens de milho utilizando biplots.**

---

\* Esse artigo foi publicado na revista *Genetics and Molecular Research*.

## RESUMO

As doenças foliares e as podridões de espiga têm causado expressiva redução na produtividade do milho no Brasil e em diversos outros países produtores. Diante disso, o objetivo com esse trabalho foi estudar a eficiência da seleção indireta para resistência a mancha-branca, cercosporiose, helmintosporiose e podridões de espiga causadas por *F. verticillioides* e *D. maydis*, por meio da avaliação da produtividade utilizando biplots na abordagem de modelos mistos. Para isso, foi avaliado o comportamento de 238 linhagens introduzidas no Brasil e mais quatro testemunhas utilizando o delineamento de blocos incompletos com três repetições, em dois locais, Lavras e Uberlândia, Minas Gerais. Em cada local foram conduzidos dois experimentos, sendo um inoculado com o fungo *F. verticillioides*, outro com *D. maydis* e ambos sob infecção natural dos patógenos *Cercospora zae-maydis*, *Pantoea ananatis* e *Exserohilum turcicum*. Os resultados obtidos indicaram que a utilização de modelos mistos associados a técnicas multivariadas permitem descrever de forma clara a relação entre produtividade, doenças foliares e podridões de espiga. Observou-se expressiva influência da interação genótipos x ambientes e genótipos x patógenos na avaliação destas doenças. Neste sentido, podemos concluir que a produtividade de espigas despalhadas tem maior grau de associação com as podridões de espiga do que com as doenças foliares avaliadas, justificando a seleção indireta para a resistência a grãos ardidos nos patossistemas milho – *F. verticillioides* e *D. maydis* por meio da avaliação da produtividade.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético. Produtividade. Sanidade.

### ABSTRACT

Foliar diseases and ear rot have caused significant reduction in corn productivity in Brazil and in several other producing countries. Faced with this, the objective in this work was to study the efficiency of indirect selection for resistance to white spot, cercosporiosis, helminthosporiosis and ear rot caused by *F. verticillioides* and *D. maydis* by means productivity evaluation using biplots in the mixed models approach. For this, the behavior of 238 lineages introduced in Brazil and four other controls were evaluated using the incomplete block design with three replicates, in two sites, *Lavras* and *Uberlândia, Minas Gerais*. Two experiments were carried out at each site, one inoculated with the fungus *F. verticillioides*, another with *D. maydis* and both under natural infection of the pathogens *Cercospora zea-maydis*, *Pantoea ananatis* and *Exserohilum turcicum*. The results indicated that the use of mixed models associated to multivariate techniques allows a clear description of the relation among productivity, leaf diseases and ear rot. It was observed a significant influence of the interaction genotypes x environments and genotypes x pathogens in the evaluation of these diseases. In this sense, we can conclude that the productivity of husked ears has a higher degree of association with ear rot than with the foliar diseases evaluated, justifying the indirect selection for the ear rot resistance in patosystems corn - *F. verticillioides* and *D. maydis* by means productivity evaluation.

**Keywords:** Genetic breeding. Productivity. Sanity.



## 1 INTRODUÇÃO

Nos últimos anos, tem sido observada em diversas regiões brasileiras maior incidência e severidade de doenças foliares e grãos ardidos na cultura do milho. Isso tem causado preocupação a pesquisadores do setor público e privado, pois essas doenças constituem um dos principais fatores limitantes para se continuar obtendo ganhos nos programas de melhoramento.

Dentre as doenças foliares do milho de ocorrência no Brasil, destacam-se a cercosporiose, mancha-branca e helmintosporiose, cujos agentes etiológicos são a *Cercospora zea-maydis*, *Pantoea ananatis* e *Exserohilum turcicum*, respectivamente, as quais em condição de infecção precoce, em híbridos suscetíveis podem causar reduções bastante significativas no desempenho produtivo da lavoura (BRITO et al., 2011; GONÇALVES et al., 2013; YESHITILA et al., 1996).

As podridões de espiga associadas aos fungos *Fusarium verticillioides* e *Diplodia maydis* no milho, em função da amplitude geográfica de ocorrência desses patógenos e do alto impacto causado na produtividade de grãos, são consideradas as doenças de maior impacto econômico nesse cereal em todo o mundo (VAN EGMOND et al. 2007; REID et al., 2009). Além disso, os patógenos *F. verticillioides* e *D. maydis* produzem micotoxinas, do grupo das fumonisinas e diplodiatoxina, respectivamente, as quais a ingestão é maléfica para diversas espécies de monogástricos e ruminantes (ALESSANDRA, 2010; ODRIOZOLA et al., 2005).

O cultivo de híbridos com baixos níveis de resistência a doenças, inadequado manejo da irrigação, plantio do milho safrinha, adoção do sistema de plantio direto e ausência de rotação de culturas têm contribuído para multiplicação e preservação de inóculos de patógenos, conseqüentemente incrementado as perdas econômicas decorrentes desses patógenos sob a

produtividade e qualidade dos grãos, fazendo-se necessário a implementação de métodos de controle (COTA et al., 2013).

Entre eles, o método mais eficiente é o uso de genótipos resistentes a doenças (HEFNY et al. 2012; MESTERÁZY et al. 2012), sendo a seleção indireta para resistência a patógenos uma estratégia de grande importância comumente empregada nos programas de melhoramento de plantas.

A seleção indireta é fundamentada na utilização de caracteres agrônômicos que tenham resposta correlacionada, sendo especialmente indicada quando se busca obter ganho genético em caracteres de difícil avaliação (ROUSSOW et al. 2002). Sucesso na adoção dessa estratégia é descrito por Tembo et al. (2012), para a seleção de linhagens de milho resistentes a *Stenocarpela maydis* e *Fusarium graminearum*, quando a seleção é praticada sobre o primeiro patógeno, uma vez que esse fungo coloniza mais rapidamente os tecidos da planta.

Nesse contexto, ao longo da condução de um programa de melhoramento, outro fator de relevância é a interação genótipos x ambientes, a qual dificulta a seleção de genótipos superiores com nível desejado de resistência a doenças, pois o desenvolvimento dessas é muito influenciado pelas condições ambientais, podendo levar a estimativas incorretas de resistência e consequentemente ao insucesso na seleção (MUKANGA et al., 2010).

Técnicas descritivas e/ou quantitativas podem ser empregadas para minimizar o impacto da interação genótipos x ambientes. Dentre essas metodologias, o AMMI (additive main effects and multiplicative interaction) e o GGE biplot (genotype and genotypes by environments interaction) permitem uma abordagem visual descritiva dos padrões de interação genótipos x ambientes, o que é útil por permitir explorar melhor as informações contidas nos dados (CROSSA, 1990). Ao comparar essas duas metodologias o GGE biplot, proposto por Yan et al. (2000), destaca-se em relação ao AMMI pelo fato de

explicar uma porção intermediária da soma de quadrado de genótipo e interação genótipos x ambientes (YAN et al., 2007).

A análise da interação genótipos x ambientes em caracteres relacionados a doenças, já tem sido estudada por vários autores em diversos patossistemas (SHARMA et al., 2004; TWIZEYIMANA et al., 2008; REID et al., 2009; MAROYA et al. 2012) e Yan et al. (2000), descreveram que o padrão da interação entre diversas características pode ser conduzida via análise biplot. No entanto, o emprego da análise GGE biplot no estudo de doenças ainda é escasso, sobretudo na abordagem de modelos mistos.

Vale ressaltar que, ao considerar os efeitos de genótipos e de interação como aleatórios na análise GGE biplot, conforme é preconizado na abordagem de modelos mistos, os BLUPs de genótipos e da interação apresentam previsões mais acuradas, pois nesse caso essas estimativas são ajustadas pela herdabilidade, tal como é enfatizado por Balestre et al. (2009).

Diante disso, o objetivo com esse trabalho foi estudar a eficiência da seleção indireta para resistência a mancha-branca, cercosporiose, helmintosporiose e podridões de espiga causadas por *F. verticillioides* e *D. maydis*, por meio da avaliação da produtividade utilizando biplots na abordagem de modelos mistos.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos no ano agrícola 2012/2013, em dois municípios no estado de Minas Gerais, Lavras (910 m, 21°14'S e 45°00'W) e Uberlândia (863 m, 18°55'S e 48°16'), em que o clima é classificado como tropical de altitude (Cwb) e tropical com estação seca (Aw), respectivamente, segundo a classificação climática de Köppen. Tendo sido instalados dois experimentos distintos em cada local, o primeiro inoculado com *F. verticillioides* e o segundo com *D. maydis*.

A semeadura foi realizada no início da safra verão, no sistema de plantio direto, em áreas nas quais se tem plantado milho após milho durante várias safras. A adubação de plantio e de cobertura foi realizada de acordo com as recomendações técnicas para cada área experimental e os tratos culturais realizados visando o controle da lagarta do cartucho (*Spodoptera frugiperda*) e de plantas daninhas, para que a cultura do milho pudesse desenvolver sem interferência das mesmas.

Foi avaliado o comportamento de 238 linhagens introduzidas no Brasil e mais quatro testemunhas, sendo conduzidos dois experimentos distintos em cada local. No primeiro realizou-se a inoculação com o fungo *F. verticillioides* e no segundo com *D. maydis*, sendo esses experimentos conduzidos sob infecção natural dos patógenos causadores das doenças foliares cercosporiose (CERC), mancha-branca (MB) e helmintosporiose (HELM).

As linhagens foram aleatorizadas em cada experimento utilizando blocos incompletos com testemunhas comuns intercaladas. O tamanho do bloco foi de 10 tratamentos (8+2), e três repetições. As parcelas experimentais corresponderam a uma fileira de três metros de comprimentos, com espaçamento de 0,7m, sendo observado desbalanceamento não planejado em decorrência da perda de algumas parcelas.

O inóculo de *F. verticillioides* foi proveniente da micoteca da Embrapa Milho e Sorgo, e sua replicação foi realizada no Laboratório de Micologia do Departamento de Fitopatologia da UFLA, sendo esses isolados crescidos em meio completo, durante sete dias antes da inoculação (CORRELL et al., 1987). Já o inóculo de *D. maydis*, foi obtido na micoteca do Laboratório de Fitopatologia de Sementes da UFLA, sua replicação foi realizada neste mesmo local e os isolados crescidos em meio completo e armazenados em tubos de vidro, durante 30 dias (PETATÁN-SAGAHÓN et al., 2011).

A suspensão de conídios de ambos os fungos, foi calibrada por meio da contagem em câmara de Neubauer, para  $10^6$  conídios  $\text{mL}^{-1}$  (ROBERTSON-HOYT et al., 2006). As inoculações foram realizadas 15 dias após 100% das plantas da parcela terem emitido os estilo-estigmas, com o auxílio de uma pipeta para a aplicação de um mililitro da suspensão no interior de cada espiga, tal como descrito por Clements et al. (2003).

Para estudar a podridão de espigas, foram avaliados três caracteres, nos quais considerou-se apenas os sintomas relacionados aos fungos inoculados e consistiu na nota média para incidência de grãos ardidos dadas às espigas da parcela (SCO), proporção de espigas com sintomas de podridão (PROP) e porcentagem de grãos ardidos (ARD).

Na avaliação da SCO foi adotada a escala diagramática de notas que variam de um a sete, apresentada por REID et al. (2002), na qual as notas referem-se aos seguintes valores de severidade: 1= 0%, 2= 1-3%, 3= 4-10%, 4= 11-25%, 5= 26-50%, 6= 51-75% e 7= maior que 75%.

Ao avaliar a PROP considerou-se a proporção de espigas com sintomas de podridão em relação ao número total de espigas da parcela. Já para a avaliação da ARD, baseou-se no procedimento proposto pela portaria nº11, de 12/04/96, Brasil (1996) que estabelece uma amostra de 230 g de grãos por

parcela para a separação visual e determinação da porcentagem de grãos com sintomas de descoloração em mais de um quarto da sua superfície total.

A severidade das doenças CERC, PHA e HELM foi mensurada por meio da escala diagramática proposta pela Agrocerec (1996). As notas desta escala variam de 1 a 9, sendo que 1 = 0% de severidade da doença, 2 = 0,5%, 3 = 10%, 4 = 30%, 5 = 50%, 6 = 70%, 7 = 80%, 8 = 90% e 9 = 100% de área da folha lesionada. Sendo realizada uma única avaliação aos 85 dias após a emergência das plantas (LOPES et al., 2007).

Em todos os experimentos foram avaliados a produtividade de espigas despalhadas (PROD), obtida em kg parcela<sup>-1</sup> e posteriormente, convertida para kg ha<sup>-1</sup>. Sendo os dados referentes a esse caráter corrigidos para a umidade padrão de 13% (BRASIL, 2009).

Com base nesses caracteres e no delineamento experimental descrito anteriormente, as análises estatísticas foram realizadas utilizando o seguinte modelo linear misto:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \boldsymbol{\Omega}\mathbf{b} + \boldsymbol{\Delta}\boldsymbol{\alpha} + \mathbf{W}\boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\Psi}\boldsymbol{\omega} + \boldsymbol{\varepsilon}$$

Em que:  $\mathbf{y}$  é a observação da parcela para cada caráter;  $\mathbf{X}$  é a matriz de efeitos fixos que contempla inóculo, locais, repetição dentro de fungos dentro locais e interação fungos x ambientes;  $\mathbf{Z}$  é a matriz de efeitos aleatórios de linhagens;  $\boldsymbol{\Omega}$  é a matriz de efeito aleatório de bloco dentro de repetição, fungos e locais;  $\boldsymbol{\Delta}$  é a matriz de efeito aleatório da interação linhagens x fungos;  $\mathbf{W}$  é a matriz de efeito aleatório da interação linhagens x ambientes;  $\boldsymbol{\Psi}$  é a matriz de efeito aleatório da interação linhagens x fungos x ambientes;  $\boldsymbol{\varepsilon}$  é o vetor do erro experimental.

As análises foram realizadas utilizando a abordagem de modelos mistos via máxima verossimilhança restrita (REML). Após as análises, os BLUPs referentes às linhagens ( $\mathbf{a}$ ) e a interação ( $\boldsymbol{\delta}$ ) foram agrupados em uma tabela de

dupla entrada, obtendo-se uma matriz  $G+GE$ . Essa matriz foi decomposta em vetores e valores singulares via componentes principais, obtendo-se então o biplot GGE. Para o estudo da interação entre os caracteres foi aplicada a técnica de componentes principais na matriz dos BLUPs para PROD, PROP, SCO, ARD, CERC, PHA e HELM. As correlações genéticas entre esses caracteres foram obtidas via análise biplot considerando o cosseno do ângulo entre essas variáveis no biplot (YANG et al., 2009). Além disso, considerou-se a correlação direta dos BLUPs entre cada característica e foi estimada a correlação de Pearson entre as mesmas, bem como aplicado o teste de Mantel considerando 5.000 simulações.

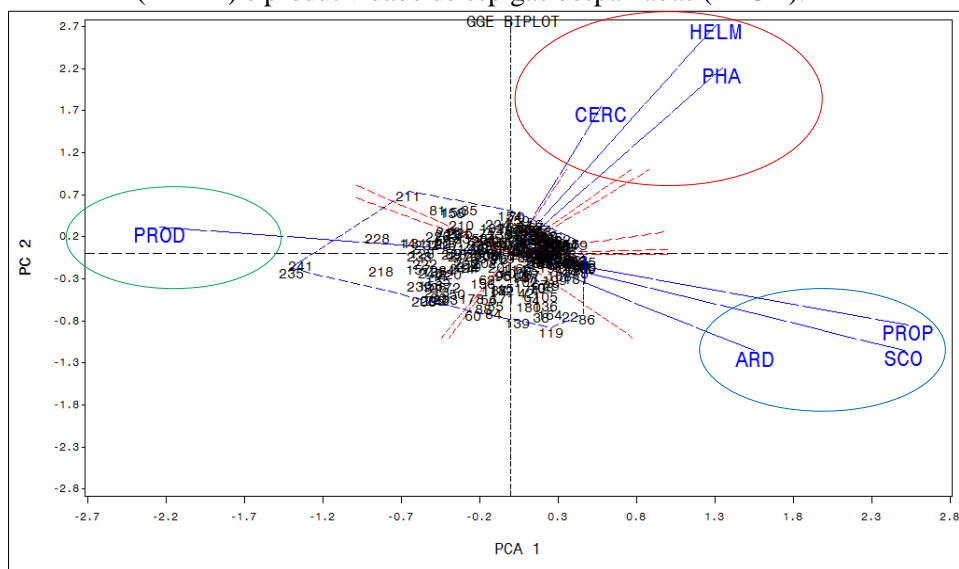
A análise GGE biplot foi realizada utilizando o programa SAS v. 8,0, com IML (interactive matrix language) e SAS GRAPH (SAS Institute, 2000).

Foram estimadas as variâncias fenotípicas, genéticas e herdabilidades para PROD, PROP, SCO, ARD, CERC, PHA e HELM (HICKS, 1973), bem como o intervalo de confiança e a acurácia para esses caracteres (KNAPP et al., 1985; RESENDE & DUARTE, 2007).

### 3 RESULTADOS

A Figura 1 indica quanto à relação entre os métodos de avaliação de podridões de espiga, doenças foliares e produtividade. Foi observada a formação de três grupos distintos, os quais são correspondentes à produtividade de espigas despalhadas, doenças foliares e características relacionadas à incidência de grãos ardidos. Este biplot capturou 81,4% da variação total, mostrando que os dois primeiros componentes principais explicaram uma parcela significativa da variação destes caracteres.

**Figura 1** Gráfico biplot gerado a partir da avaliação de 242 linhagens em dois ambientes (Lavras e Uberlândia, MG) e inoculadas com dois fungos (*D. maydis* e *F. verticillioides*). Sendo nota dada as espigas para incidência de grãos ardidos (SCO), porcentagem de grãos ardidos (ARD), proporção de espigas com incidência de grãos ardidos (PROP), cercosporiose (CERC), mancha-branca (PHA), helmintosporiose (HELM) e produtividade de espigas despalhadas (PROD).





Alta concordância na seleção de linhagens utilizando PROP, SCO e ARD foi verificada (Figura 1), bem como correlação negativa, de alta magnitude e significativa entre PROD e esses caracteres. Sendo isso, elucidado pela correlação observada entre os BLUPs e também, pelo cosseno do ângulo formado entre essas características, apresentadas na Tabela 1 e Figura 1, respectivamente.

Ao analisar o gráfico biplot para as doenças foliares, verificou-se que essas apresentaram alta concordância com relação a seleção de linhagens (Figura 1). Além disso, observou-se que as correlações entre PROD e as mesmas, apesar de negativas foram de baixa magnitude e não significativas (Figura 1 e Tabela 1).

Na tabela 2, percebe-se que a avaliação da PROD foi eficiente como indicadora do genótipo devido à alta estimativa de herdabilidade (77,60%), acompanhada de boa precisão experimental indicado pelas estimativas de acurácia (88,11%) (RESENDE & DUARTE, 2007). Contudo, para as doenças foliares foram verificadas baixas estimativas de herdabilidade, conseqüentemente baixa precisão experimental, tal como indicado pelos valores de acurácia, os quais contemplaram o intervalo compreendido entre 34,61 e 38,03% (Tabela 2) (RESENDE & DUARTE 2007). Além disso, foi constatada alta interação genótipos x ambientes, o que ficou evidenciado pelo cosseno do ângulo formado entre as retas correspondentes aos locais avaliados (Figura 2). Embora as estimativas de herdabilidade sejam baixas, houve alta correlação entre essas características, mostrando que resultados semelhantes seriam obtidos na seleção de linhagens superiores com relação a essas doenças (Figura 1 e Tabela 1).

Dentre os caracteres relacionados com a incidência de grãos ardidos, o caráter PROP apresentou maior magnitude para a herdabilidade (64,52%), indicando que a avaliação fenotípica dessa característica apresentou maior confiabilidade como indicadora do valor genético das linhagens (Tabela 2). A precisão experimental para este caráter foi alta, de acordo com a estimativa da acurácia de 80,32% (Tabela 2) (RESENDE; DUARTE, 2007). Ao passo que

SCO e ARD apresentaram baixas magnitudes para herdabilidade, 4,49 e 26,50%, respectivamente, em decorrência da menor precisão experimental na avaliação desses caracteres, tal como apresentado pelas estimativas de acurácia obtidas para os mesmos (Tabela 2). No entanto, esses caracteres apresentaram correlações altas e significativas com PROP, na ordem de 0,99 e 0,92, respectivamente (Figura 1 e Tabela 1). Além disso, com relação às características relacionadas à incidência de grãos ardidos, observou-se menor interação genótipos x ambientes para o caráter PROP quando comparado com a SCO e ARD (Figura 2)

Ao considerar individualmente cada fungo causador das podridões de espiga, verificou-se maior interação genótipos x ambientes para todos os caracteres relacionados aos grãos ardidos quando foi realizada a inoculação com *D. maydis* em relação à inoculação com *F. verticillioides* (Figura 3).

Em outra abordagem, considerando os gráficos biplots para PROP, ao analisar a interação genótipos x patógenos, em Lavras e em Uberlândia, percebe-se que a coincidência no comportamento dessas linhagens não foi expressiva (Figura 4).

Os gráficos biplots apresentados nas figuras 2, 3 e 4 explicaram em torno de 70,0% da variação verificada na reação das linhagens aos diferentes caracteres estudados, o que evidencia que os dois primeiros componentes principais retiveram a maior parte da variação.

**Tabela 1** Estimativas de correlação dos BLUPs e da correlação de Pearson (entre parêntese) entre as características produtividade de espigas despalhadas (PROD), cercosporiose (CERC), helmintosporiose (HELM), mancha-branca (PHA), proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP), nota dada as espigas para incidência de grãos ardidos (SCO) e porcentagem de grãos ardidos (ARD).

	PROD	CERC	HELM	PHA	PROP	SCO	ARD
PROD	1,00	-0,25 (-0,36 <sup>NS</sup> )	-0,35 (-0,34 <sup>NS</sup> )	-0,49 (-0,56 <sup>NS</sup> )	-0,97 (-0,99 <sup>**</sup> )	-0,93 (-0,98 <sup>**</sup> )	-0,84(-0,86 <sup>**</sup> )
CERC		1,00	0,99 (0,97 <sup>**</sup> )	0,96 (0,93 <sup>**</sup> )	0,08 (0,15 <sup>NS</sup> )	-0,05 (0,03 <sup>NS</sup> )	-0,28 (-0,06 <sup>NS</sup> )
HELM			1,00	0,98 (0,91 <sup>**</sup> )	0,13 (0,08 <sup>**</sup> )	-0,03(0,05 <sup>NS</sup> )	-0,26 (-0,12 <sup>NS</sup> )
PHA				1,00	0,31(0,38 <sup>NS</sup> )	0,15 (0,02 <sup>NS</sup> )	-0,08 (-0,12 <sup>NS</sup> )
PROP					1,00	0,99 (0,99 <sup>**</sup> )	0,92 (0,85 <sup>**</sup> )
SCO						1,00	0,97 (0,94 <sup>**</sup> )
ARD							1,00

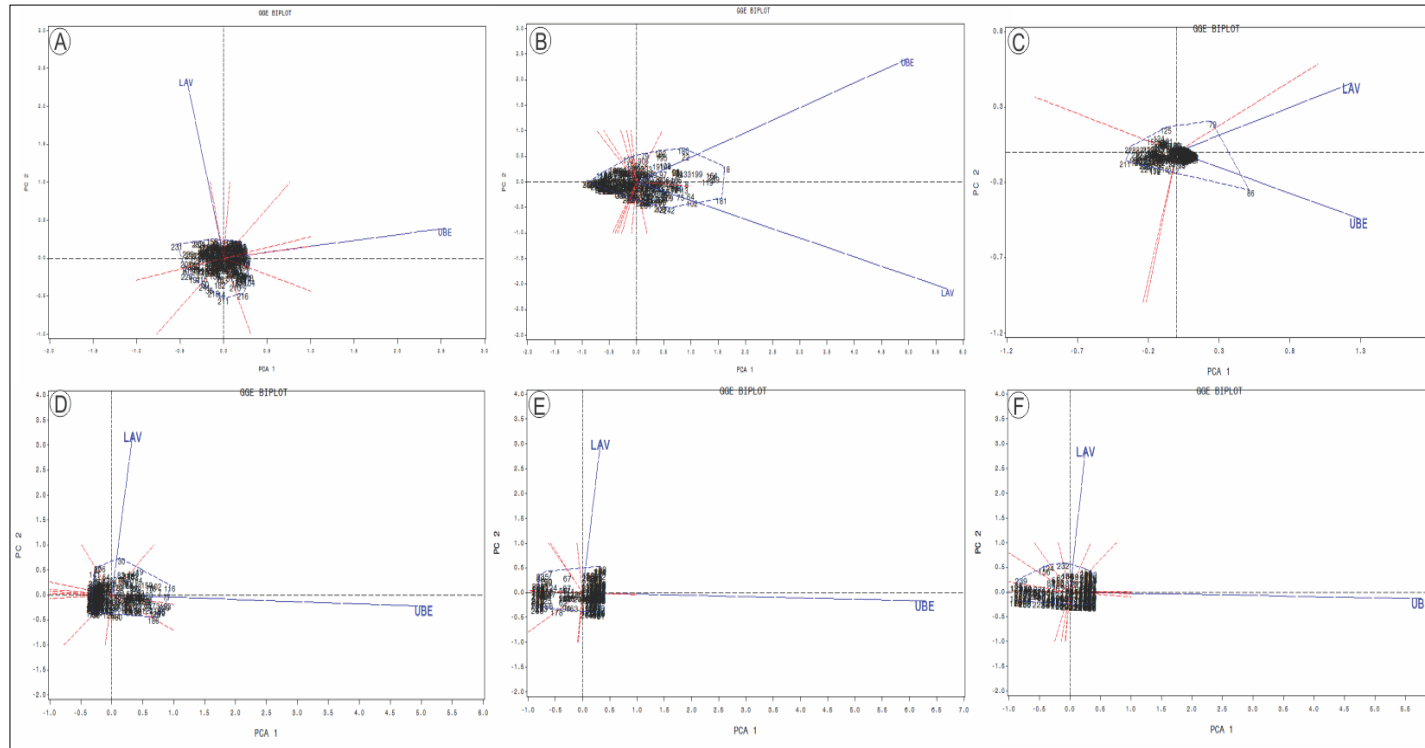
<sup>NS</sup> e <sup>\*\*</sup>= não significativo e significativo a 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste Mantel.

**Tabela 2** Estimativas de variância genética, herdabilidade e acurácia proveniente da avaliação de 242 linhagens de milho quanto aos caracteres produtividade de espigas despalhadas (PROD), cercosporiose (CERC), helmintosporiose (HELM), mancha-branca (PHA), proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP), nota dada as espigas para incidência de grãos ardidos (SCO) e porcentagem de grãos ardidos (ARD).

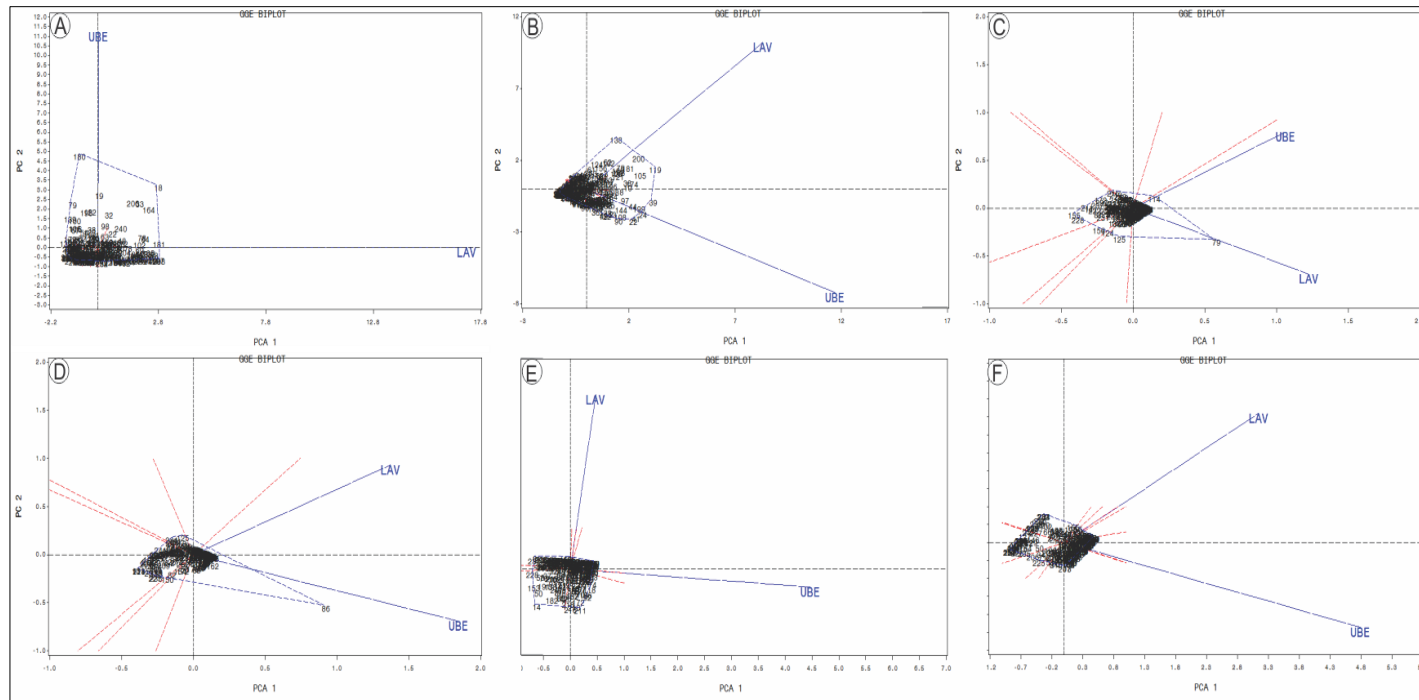
Parâmetro	PROD	CERC	HELM	PHA	PROP	SCO	ARD
$\sigma_g^2$	67843	0,16	0,20	0,33	0,03	0,05	18,21
(LI-LS) <sup>‡</sup>	(54253–87297)	(0,04–5,88)	(0,05–8,01)	(0,10–4,70)	(0,02–0,04)	(0,01–0,07)	(9,07–53,48)
$h^2(\%)$	77,60	12,15	11,98	14,47	64,52	4,49	26,50
(LI-LS) <sup>‡</sup>	(67,30–84,18)	(-15,04–32,65)	(-1,02–20,26)	(-10,51–33,79)	(52,79–73,14)	(-23,77–26,19)	(-3,54–46,61)
$\hat{r}_{gg}^2$ (%)	88,11	34,85	34,61	38,03	80,33	21,18	51,48

<sup>‡</sup> Limite inferior (LI), limite superior (LS) do intervalo de confiança, obtido ao nível de 5% de confiança.

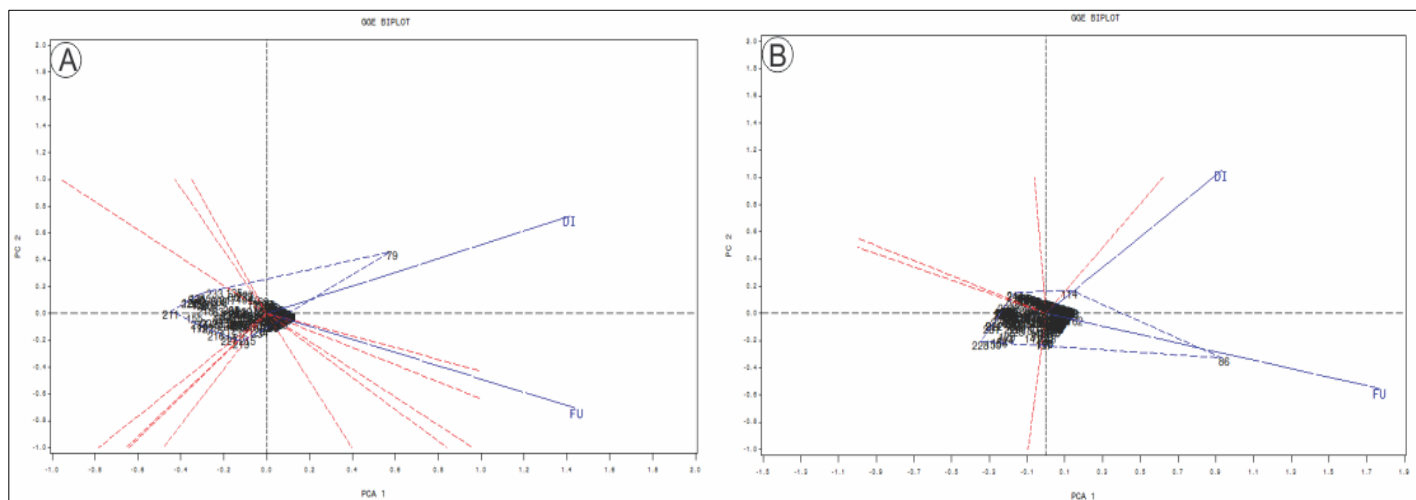
**Figura 2** Gráficos biplots gerados a partir da avaliação de 242 linhagens em dois ambientes, Lavras, MG (LAV) e Uberlândia, MG (UBE), inoculadas com dois fungos (*D. maydis* e *F. verticillioides*). A) Nota dada as espigas para incidência de grãos ardidos (SCO); B) Porcentagem de grãos ardidos (ARD); C) Proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP); D) Cercosporiose (CERC); E) Mancha-branca (PHA) e F) Helmintosporiose (HELM).



**Figura 3** Gráfico biplot gerado a partir da avaliação de 242 linhagens em dois ambientes, Lavras, MG (LAV) e Uberlândia, MG (UBE) para dois fungos individualmente (*D. maydis* e *F. verticillioides*). A) Porcentagem grãos ardidos (ARD) infectados por *D. maydis*; B) Porcentagem de grãos ardidos (ARD) infectados por *F. verticillioides*; C) Proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP) infectados por *D. maydis*; D) Proporção de espigas contendo grãos ardidos (PROP) infectados por *F. verticillioides*; E) Nota dada as espigas (SCO) infectadas por *D. maydis*; F) Nota dada as espigas (SCO) infectadas por *F. verticillioides*.



**Figura 4** Gráfico biplot gerado a partir da avaliação de 242 linhagens quanto ao número de espigas contendo grãos ardidos (PROP), inoculadas com os fungos *D. maydis* (DI) e *F. verticillioides* (FU) nos seguintes ambientes: A) Lavras, MG e B) Uberlândia, MG.



#### 4 DISCUSSÃO

Os resultados obtidos indicaram que a utilização de modelos mistos associados a técnicas multivariadas permitiram descrever de forma clara a relação entre a produtividade, as doenças foliares e as podridões de espiga (Figura 1 e Tabela 1).

A correlação negativa, de alta magnitude e significativa entre a PROD e as características relacionadas aos grãos ardidos (Figura 1 e Tabela 1) é justificada em função da incidência de grãos ardidos reduzir drasticamente o peso dos grãos de milho, tal como é relatado por Vigier et al. (2001), os quais verificaram perdas de até 48% na produtividade de grãos devido a infecção causada por *Fusarium graminearum*. Com isso, fica evidente a eficiência em se praticar seleção indireta para a resistência ao *F. verticillioides* e *D. maydis* pela avaliação da PROD.

As correlações observadas entre severidade das doenças foliares e produtividade não foram tão expressivas e significativas, tal como descrito por Carson et al. (2005), Katwal et al. (2013) e Yeshitila et al. (2003) para a CERC, PHA e HELM, respectivamente. Porém, foi constatado que em geral, as linhagens mais resistentes a estas doenças também apresentaram produtividade satisfatória (Figura 1), demonstrando que parte da fração do desempenho produtivo é explicada pela variação na severidade a estes patógenos.

Esses resultados podem ser atribuídos à presença de um nível de severidade insuficiente para causar perdas expressivas em produtividade. Sendo este contexto desfavorável quando se busca discriminar os genótipos quanto aos diferentes níveis de resistência a doenças e frequentemente observado quando os experimentos são conduzidos sob condição de incidência natural dos patógenos (SANTOS et al., 2002).



A interação genótipos x ambientes significativa verificada para essas enfermidades (Figura 2), pode ser explicada pelas diferenças climáticas entre os ambientes, tendo em vista que em Lavras o clima é classificado como tropical de altitude e em Uberlândia como tropical com estação seca.

A divergência entre os locais pode ter contribuído para uma maior variabilidade entre as populações dos patógenos nas áreas experimentais, o que gerou um comportamento não coincidente dos genótipos nestes ambientes (BRITO et., 2011). Deste modo, a interação genótipos x ambientes aumenta o desvio padrão fenotípico e conseqüentemente, reduz a acurácia e a herdabilidade (MATHESON & RAYMOND, 1986), tal como verificado na Tabela 2.

Considerando à avaliação das características relacionadas com a incidência de grãos ardidos, o caráter PROP exige um menor esforço visual na discriminação das espigas infectadas e apresentou menor interação genótipos x ambientes, justificando a maior acurácia observada para essa característica (Tabela 2). Conseqüentemente, constatou-se uma maior magnitude de herdabilidade para PROP, o que corrobora com os resultados obtidos por Robertson et al. (2006), na avaliação da proporção de espigas com sintomas de podridão causada por *F. verticillioides*, em que as estimativas de herdabilidade foram de 0,47 e 0,80 na avaliação de duas populações.

A atribuição de notas por meio de escala diagramática e separação de grãos ardidos praticadas para a obtenção de SCO e ARD, respectivamente, são metodologias de grande subjetividade sendo fortemente influenciadas pelo avaliador por dependerem da distinção visual do grau de infecção dos grãos. Isso contribuiu para a baixa magnitude da acurácia verificada e conseqüentemente para as baixas estimativas de herdabilidade (Tabela 2) (RAMALHO et al., 2012). Apesar disso, ao analisar as correlações entre SCO e ARD com PROP, foi verificado alto grau de associação entre estes caracteres (Figura 1 e Tabela1), indicando que foram bem concordantes quanto à seleção de linhagens

resistentes. Contudo, diante da precisão experimental obtida na avaliação da PROP, esse método apresenta-se como a forma mais apropriada para a discriminação de genótipos resistentes a podridões de espiga dentre esses três métodos, tal foi constatado por Rossouw et al. (2002).

Tendo em vista, a necessidade da avaliação da PROD durante o processo de seleção de genótipos, resposta correlacionada desse caráter com a resistência à podridão de espigas, possibilidade de avaliação dessa característica com boa precisão experimental e praticidade, tal como foi verificado no presente trabalho, fica claro que a avaliação da PROD é o método mais viável a ser incorporado aos programas de melhoramento, pois geralmente são avaliadas centenas ou até milhares de genótipos quanto ao nível de resistência a podridões de espiga a cada safra. Essa estratégia é enfatizada por Martin et al. (2012), pois ao estudarem o *Fusarium graminearum*, pertencente ao complexo dos grãos ardidos, também constataram resposta correlacionada entre potencial produtivo e incremento da resistência genética, evidenciando eficiência da seleção indireta.

Analisando individualmente cada fungo causador de podridões de espiga nos locais avaliados (Figura 3), o patógeno *D. maydis* apresentou maior intensidade da interação genótipos x ambientes, comparado ao *F. verticillioides*. Sendo este fato atribuído às condições preferenciais de estabelecimento de cada fungo.

O patógeno *F. verticillioides* apresenta maior homeostase, fato que explica sua grande amplitude geográfica nas áreas de cultivo de milho no mundo, ao passo que a incidência de *D. maydis* é restrita a ambientes de maior altitude e umidade, tal como é caracterizada a região de Lavras (MESTERHÁZY et al 2012).

A interação genótipos x patógenos verificada para o caráter PROP (Figura 4), indica que os mecanismos de resistência aos fungos *D. maydis* e *F. verticillioides* não são os mesmos, o que implica nesse caso, em ineficiência da seleção indireta, fazendo-se necessário a condução de experimentos para a

avaliação individualizada destes fungos visando a identificação de linhagens resistentes a cada um dos mesmos, tal como foi conduzido neste trabalho e apresentado por Tembo et al. (2012). Com isso, é fundamental o conhecimento do grau de associação entre os mecanismos de resistência dos patógenos para o planejamento experimental e a tomada de decisão quanto à possibilidade de adoção da seleção indireta.

A metodologia GGE bipot tem sido utilizada na seleção de genótipos de milho com resistência a diversos patógenos de importância econômica (SIBIYA et al. 2012; REID et al., 2009; EGESI et al., 2007; BADU-APRAKU et al., 2011), sendo de grande relevância não apenas em estudos da estabilidade e adaptabilidade de genótipos em diferentes ambientes (YAN et al., 2000), mas também sob o efeito de diferentes patógenos ou isolados ( SHARMA et al., 2004; TWIZEYIMANA et al., 2008; REID et al., 2009). Haja vista que, os complexos de fungos causadores de doenças foliares e podridões de espiga englobam muitas espécies e isolados, é imprescindível à análise da interação genótipos x patógenos quando se deseja a identificação de genótipos com múltiplas resistências.

No presente trabalho, a adoção da metodologia GGE biplot explicou a maior parte da variação dos dados e conseqüentemente permitiu analisar o comportamento das diferentes linhagens em relação aos caracteres, ambientes e patógenos estudados (YAN et al., 2007; YAN et al., 2009). Neste contexto, o emprego de modelos mistos viabilizou a análise com precisão dos dados obtidos nos experimentos conduzidos neste trabalho, diante do desbalanceamento não planejado ocorrido (RESENDE & DUARTE, 2007).

## 5 CONCLUSÃO

A produtividade de espigas despalhadas tem maior grau de associação com as podridões de espiga do que com as doenças foliares avaliadas, justificando a seleção indireta para a resistência a grãos ardidos nos patossistemas milho – *F. verticillioides* e *D. maydis* por meio da avaliação da produtividade.

## REFERÊNCIAS

- Agrocerec. **Guia Agrocerec de sanidade**, Sementes Agrocerec, São Paulo, 1996.
- Badu-Apraku B and Akinwale RO (2011). Cultivar evaluation and trait analysis of tropical early maturing maize under *Striga*-infested and *Striga*-free environments. *Field Crops Res.* 121: 186-194.
- Balestre M, Von Pinho RGV, Souza JC and Oliveira RL (2009). Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. *Genet. Mol. Biol.* 9: 123-1135.
- Brasil (1996). Portaria n. 11 de 12 de abril de 1996. Estabelece critérios complementares para classificação do milho. *Diário oficial da União*, Brasília.
- Brasil. Regras para análise de sementes. Brasília: MAPA, 2009.
- Brito AH, Von Pinho R, Santos AO and Santos S (2011). Reação de híbridos de milho e comparação de métodos para avaliação da Cercosporiose e Mancha Branca. *Trop. Plant Pathol.* 36: 35-41.
- Carson ML (2005). Yield loss potential of Phaeosphaeria leaf spot of maize caused by *Phaeosphaeria maydis* in the United States. *Plant Dis.* 89: 986-88.
- Clements MJ, Kleinschmidt CE, Maragos CM, Pataky JK, et al. (2003). Evaluation of inoculation techniques for Fusarium ear rot and fumonisin contamination of corn. *Plant Dis.* 87: 147-153.
- Correl JC, Klittich CJR, Leslie JF (1987). Nitrate nonutilizing mutants of *Fusarium oxysporum* and their use in vegetative compatibility tests. *Phytopathology.* 77:1640-1646.
- Cota LV, Costa RV, Sabato EO, Silva DD (2013). Histórico e Perspectivas das Doenças na Cultura do Milho. *Embrapa Milho e Sorgo.* 7 p. (Circular Técnica, 193).
- Crossa J, Vasal SK and Beck DL (1990). Combining ability study in diallel crosses of CIMMYT's tropical late yellow maize germplasm. *Maydica* 35: 273-278.
- Do Amaral AL, Dal Soglio FK, De Carli ML and Neto JFB (2005). Pathogenic fungi causing symptoms similar to Phaeosphaeria leaf spot of maize in Brazil. *Plant Dis.* 89: 44-49.

Egesi CN, Onyeka TJ and Asiedu R (2007). Severity of anthracnose and virus diseases of water yam (*Dioscorea alata* L.) in Nigeria I: effect of yam genotype and date of planting. *Crop Prot.* 26: 1259-1265.

Gonçalves RM, Figueiredo JEF, Pedro ES, Meirelles WF, et al (2013). Etiology of phaeosphaeria leaf spot disease of maize. *J. of Plant Pathology.* 95: 559-569.

Katwal TB, Wangchuk D, Dorji L, Wangdi N, et al. (2013). Evaluation of gray leaf spot tolerant genotypes from CIMMYT in the highland maize production eco-systems of Bhutan. *J. Life Sci.* 7: 443-452.

Knapp SJ, Stroup WW and Ross WM (1985). Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. *Crop Sci.* 25: 192-194.

Hefny M, Attaa S, Bayoumi T, Ammar S, et al. (2012). Breeding maize for resistance to ear rot caused by *Fusarium moniliforme*. *J. Life Sci.* 15: 78-84.

Hicks, C. R. Fundamental Concepts the Design of Experiments. New York: Rinehart and Winston. 1973. 349 p.

Petatán-Sagahón I, Anducho-Reyes M A, Silva-Rojas H V, Arana-Cuenca A, et al. (2011). Isolation of bacteria with antifungal activity against the phytopathogenic fungi *Stenocarpella maydis* and *Stenocarpella macrospora*. *Int. J. Mol. Sci.*, 12: 5522-5537.

Lanubile A, Luca P. Differential gene expression in kernels and silks of maize lines with contrasting levels of ear rot resistance after *Fusarium verticillioides* infection. *Journal of Plant Physiology*, 167: 1398-1406, 2010.

Lopes MTG, Lopes R, Brunelli KR, Silva HP, et al. (2007). Controle genético da resistência à mancha de *Phaeosphaeria* em milho. *Ciência Rural*, 37: 605-611.

Martin M, Miedaner T, Schwegler DD, Kessel B, et al. (2012). Comparative quantitative trait loci mapping for *Gibberella* ear rot resistance and reduced deoxynivalenol contamination across connected maize populations. *Crop Sci.* 52: 32-43.

Maroya GN, Kulakow P, Dixon AGO and Maziya-Dixon BB (2012). Genotype × environment interaction of mosaic disease, root yields and total carotene concentration of yellow-fleshed cassava in Nigeria. *Inter. J. Agro.* doi:10.1155/2012/434675.

Matheson AC and Raymond CA (1986). A review of provenance x environment interaction. Its practical importance and use with particular reference to the tropics. *Commonw. Forest. Rev.* 65: 283-302.

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

Mukanga M, Derera J and Tongoona P (2010). Gene action and reciprocal effects for ear rot resistance in crosses derived from five tropical maize populations. *Euphytica* 174: 293-301.

Odrizola E, Odeon A, Cabton G, Clemente G, et al. (2005). *Diplodia maydis*: a cause of death of cattle in Argentina. *New Zeal. Vet. J.* 53: 160-161.

Ramalho, MAP; Dos Santos JB; Abreu AFB ; Nunes JAR (2012) Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: UFLA, 522 p.

Reid LM, Hamilton RI and Bolton AT (1992). Diallel analysis of resistance in maize to *Fusarium graminearum* infection via the silk. *Can. J. Plant Sci.* 2: 915-923.

Reid LM, Woldemariam T, Zhu X, Stewart DW, et al. (2002). Effect of inoculation time and point of entry on disease severity in *Fusarium graminearum*, *Fusarium verticillioides*, or *Fusarium subglutinans* inoculated maize ears. *Can. J. Plant Pathol.* 24: 162-167.

Reid LM, Zhu CX, Parker CA and Yan CW (2009). Increased resistance to *Ustilago zae* and *Fusarium verticillioides* in maize inbred lines bred for *Fusarium graminearum* resistance. *Euphytica* 165: 567-578.

Resende MDV and Duarte JB (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. Pesquisa Agropecuária Tropical, Brasília, DF 37: 182-194.

Robertson-Hoyt LA, Jines MP, Balint-Kurti PJ, Kleinschmidt CE (2006). QTL mapping for *Fusarium* ear rot and fumonisin contamination resistance in two populations of maize. *Crop Sci.* 46:1734–1743.

Robertson LA, Kleinschmidt CE, White DG, Payne GA, et al. (2006). Heritabilities and correlations of *Fusarium* ear rot resistance and fumonisin contamination resistance in two maize populations. *Crop Sci.* 46: 353-361.

Rossouw JD, Van Rensburg JBJ and Van Deventer CS (2002). Breeding for resistance to ear rot of maize, caused by *Stenocarpella maydis* (Berk) Sutton. Evaluation of selection criteria. *S. Afr. J. Plant Soil* 19: 182-187.

Santos PG, Juliatti FC, Buiatti AL and Hamawaki OT (2002). Avaliação do desempenho agrônômico de híbridos de milho em Uberlândia, MG. *Pesq. Agropec. Bras.* 37: 597-602.

SAS Institute (2000). SAS/STAT user's guide, version 8. SAS Institute Inc., Cary.

Sharma RC and Duveiller E (2004). Effect of Helminthosporium leaf blight on performance of timely and late-seeded wheat under optimal and stressed levels of soil fertility and moisture. *Field Crops Res.* 89: 205-218.

Sibiya J, Tongoona P, Derera J and Rij NV (2012). Genetic analysis and genotype by environment ( $G \times E$ ) for grey leaf spot disease resistance in elite African maize (*Zea mays* L.) germplasm. *Euphytica* 185: 349-362.

Silva E, Mora EA, Medina A, Vasquez J, et al. (2007). Fusarium ear rot and how to screen for resistance in open pollinated maize in the Andean regions. *Euphytica* 153: 329-337.

Tembo L, Asea G, Gibson PT and Okori P (2012). Resistance breeding strategy for *Stenocarpella maydis* and *Fusarium graminearum* cob rots in tropical maize. *Plant Breed.* 132: 83-89.

Twizeyimana M, Ojiambo PS, Ikotun T, Ladipo JL, et al. (2008). Evaluation of soybean germplasm for resistance to soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Nigeria. *Plant Dis.* 92: 947-952.

Van Egmond HP, Ronald CS and Marco AJ (2007). Regulations relating to mycotoxins in food. Perspectives in a global and European context. *Anal. Bioanal. Chem.* 389: 147-157.

Vigier B, Reid LM, Dwyer LM, Stewart DW, et al. (2001). Maize resistance to Gibberella ear rot: Symptoms, deoxynivalenol and yield. *Can. J. Plant Pathol.* 23: 99-105.

Yan W, Hunt LA, Sheng Q and Szlavnic Z (2000). Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40: 597-605.



Yan W, Kang MS, Ma B, Woods S, et al. (2007). GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Sci.* 47: 643-653.

Yang RC, Crossa J, Cornelius PL and Burgueño J (2009). Biplot analysis of genotype  $\times$  environment interaction: Proceed with caution. *Crop Sci.* 49: 1564-1576.

Yeshitila D (2003). Cloning and characterization of xylanase genes from phytopathogenic fungi with a special reference to *Helminthosporium turcicum*, the cause of Northern leaf blight of maize. Doctoral Thesis, University of Helsinki, Helsinki, Finland.