

AURILENE SANTOS OLIVEIRA

POTENCIAL GENÉTICO DE POPULAÇÕES EXÓTICAS DE MILHO PARA O
MELHORAMENTO VISANDO CARACTERES AGRONÔMICOS E RESISTÊNCIA
AOS FITOPATÓGENOS

Tese apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Doutorado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Doutora”.

Orientador

Prof. Dr. Fernando Cezar Juliatti

Co-orientador

Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS - BRASIL
2018

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

O48p
2018

Oliveira, Aurilene Santos, 1986-

Potencial genético de populações exóticas de milho para o melhoramento visando caracteres agronômicos e resistência aos fitopatógenos [recurso eletrônico] / Aurilene Santos Oliveira. - 2018.

Orientador: Fernando Cezar Juliatti.

Coorientador: Edésio Fialho dos Reis

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia.

Modo de acesso: Internet.

Disponível em: <http://dx.doi.org/10.14393/ufu.te.2018.319>

Inclui bibliografia.

1. Agronomia. 2. Milho - Melhoramento genético. 3. Milho - Resistência a doenças e pragas. 4. Milho - Produção. I. Juliatti, Fernando Cezar, 1957-, (Orient.) II. Reis, Edésio Fialho dos, (Orient.). III. Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

CDU: 631

Gloria Aparecida - CRB-6/2047

AURILENE SANTOS OLIVEIRA

POTENCIAL GENÉTICO DE POPULAÇÕES EXÓTICAS DE MILHO PARA O
MELHORAMENTO VISANDO CARACTERES AGRONÔMICOS E RESISTÊNCIA
AOS FITOPATÓGENOS

Tese apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Doutorado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Doutora”.

Aprovada em 21 de Junho de 2018.

Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis
(co-orientador)

UFJ

Dr. Heyder Diniz Silva

Profª. Drª. Ana Paula Oliveira Nogueira

UFU

Prof. Dr. Gabriel Mascarenha Maciel

UFU

Prof. Dr. Fernando Cesar Zuliani
ICIAG-UFU
(Orientador)

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2018

Ao meu marido Vivaldo e meu filho Jose Roberto

À minha avó Janete

Aos meus pais Josenilma e Jose Oliveira.
À memória do meu irmão Jose Roberto Santos Oliveira.

OFEREÇO E DEDICO!

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela força, proteção e a oportunidade concedida mesmo diante de situações difíceis.

À minha mãe pelo amor incondicional, por ter compartilhado momentos de alegria, tristeza, trabalho, por ter me ajudado a superar os obstáculos e cuidar do meu filho para que eu pudesse me dedicar no doutorado.

Ao meu marido por me apoiar e estar sempre do meu lado me fazendo uma pessoa mais forte e também por não ter medido esforços para me ajudar nas atividades de campo.

À minha família que sempre me apoiou e acreditou em mim, em especial ao Jose Roberto, Jociene, João Vitor, Erika, Maria, Gilmar Filho, Jocinete, Nathali, Nicoli e Victor por terem me ajudado na condução dos experimentos.

Aos professores Fernando Cezar Juliatti, Edésio Fialho dos Reis e José Branco de Miranda Filho pelo apoio, confiança e orientações. Tenho muito orgulho em ter trabalhado com pessoas tão competentes, simples, honestas e dedicadas como vocês.

À professora Ana Paula Oliveira Nogueira por me ajudar e apoiar durante todo o doutorado, além de me ensinar que apesar dos momentos difíceis é preciso sempre seguir em frente e ter esperança. Com certeza ganhei uma amiga para a vida toda!

Aos meus amigos Carolina, Aline, Udenys, André, Julia, Eloene pela amizade sincera e por ter me auxiliado diversas vezes nos meus experimentos e pelo companheirismo no dia a dia.

Ao senhor Gilmar, Cristiano, Jefferson e os alunos que fazem parte do programa de melhoramento da UFJ pelo auxílio em campo.

Aos funcionários e alunos do LAMIP e da Fazenda Glória-UFU pelos serviços prestados.

Aos docentes do programa de pós graduação em Agronomia da UFU pelos ensinamentos e por toda contribuição científica.

À Universidade Federal de Uberlândia pela oportunidade em realizar um sonho.

À Capes pela concessão da bolsa de estudos.

À todos os colegas do PPGA-UFU que de alguma forma contribuíram para minha formação, em especial ao Guilheme, Diego, Daniel, Thales, Leandro, Lara, Herick, Gabriel, Tâmara, Roberta, Ernane, João.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	i
LISTA DE TABELAS	ii
RESUMO	vi
ABSTRACT	vii
CAPÍTULO 1	1
1 Introdução Geral	22
2 Referencial teórico	3
2.1 Aspectos gerais sobre a cultura do milho	3
2.2 Variabilidade genética em milho	4
2.3 Uso de germoplasma exótico	6
2.4 Melhoramento genético de milho visando resistência às doenças	8
2.5 Doenças na cultura do milho	9
2.5.1 Cercosporiose	10
2.5.2 Enfezamento vermelho e pálido	11
2.5.3 Ferrugem polissora	13
2.5.4 Helmintosporiose	14
2.5.5 Mancha branca	16
2.6 Quantificação da doença	17
2.7 Endogamia	18
2.8 Correlações, análise de trilha e ganho genético	20
3 Referências	22
CAPÍTULO 2: Variabilidade genética e potencial produtivo de três populações exóticas de milho	31
Resumo	31
Abstract	32
1. Introdução	33

2. Material e métodos.....	35
2.1 Material genético	35
2.2 Avaliação experimental	36
2.3 Análise de variância	37
2.4 Estimativas dos parâmetros genéticos	38
2.5. Dados meteorológicos	39
3. Resultados e discussão	41
3.1 Potencial das populações exóticas de milho para caracteres agronômicos	41
3.2 Análise de variância	45
3.2.1 Análise individual	45
3.2.2 Análise Conjunta	47
3.3 Parâmetros genéticos	48
3.3.1 Potencial genético de populações exóticas de milho	48
3.3.2 Herdabilidade e índice de variação	53
4. Conclusões.....	55
5. Referências	56
CAPÍTULO 3: Variabilidade genética de três populações exóticas de milho quanto a resistência a fitopatógenos.....	59
Resumo	59
Abstract	60
1. Introdução	61
2. Material e métodos	63
2.1 Material genético	63
2.2 Avaliação experimental	64
2.3 Análise de variância	65
2.4 Estimativa dos parâmetros genéticos	66
2.5. Dados metereológicos	67
3. Resultados e discussão	69

3.1 Potencial das populações exóticas de milho para resistência a fitopatógenos	69
3.2 Análise de variância	72
3.2.1 Análise individual	72
3.2.2 Análise Conjunta	73
3.3 Parâmetros genéticos de caracteres de resistência a fitopatógenos	74
3.3.1 Potencial genético de populações exóticas de milho	74
3.3.2 Herdabilidade e índice de variação	77
4. Conclusões	80
5. Referências	81
CAPÍTULO 4: Correlações genéticas e fenotípicas, análise de trilha e ganho genético em duas populações exóticas de milho	85
Resumo	85
Abstract	86
1. Introdução	87
2. Material e métodos	89
2.1 Material genético	89
2.2 Avaliação experimental	90
2.3 Análise de correlação, análise de trilha e ganho genético	91
3. Resultados e discussão	93
4. Conclusões	106
5. Referências	107
CAPÍTULO 5: Depressão endogâmica e variabilidade genética em caracteres agronômicos e de resistência a doenças foliares em duas populações exóticas de milho	110
Resumo	110
Abstract	111
1. Introdução	112

2. Material e métodos	114
2.1 Material genético	114
2.2 Avaliação experimental	115
2.3 Análise de variância	116
2.4 Estimativa dos parâmetros genéticos	117
2.5 Dados meteorológicos	117
3. Resultados e discussão	119
3.1 Médias e coeficientes de variação experimental (CVe%)	119
3.2 Análise de variância	123
3.3 Parâmetros genéticos	125
3.3.1 Potencial genético de populações exóticas de milho	125
3.3.2 Herdabilidade e índice de variação	126
4. Conclusões	128
5. Referências	129
CONSIDERAÇÕES FINAIS	132
ANEXOS	133

LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1.** Temperatura média (T° C), umidade relativa (UR%) e precipitação (Prec. mm) na área experimental da UFG/Reginal Jataí e na Fazenda Glória (UFU) em Uberlândia, na safra 2015. Fontes: Estação Meteorológica da UFG/Jataí e da Estação Meteorológica da UFU/Fazenda Glória.....40 e 66
- FIGURA 2.** Temperatura média (T°C), umidade relativa (UR%) e precipitação (Prec. mm) na área experimental da UFG/Reginal Jataí na safra 2015. Fontes: Estação Meteorológica da UFG/Jataí.....118

LISTA DE TABELAS

TABELA 1. Esquema da análise de variância e esperança matemática do quadrado médio para experimentos instalados em delineamento de blocos casualizados.....37, 63 e 117
TABELA 2. Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios.....38, 64
TABELA 3. Médias da população (m_0), amplitude superior (m_s), amplitude inferior (m_l), média da testemunha suscetível (m_{TS}), média da testemunha resistente (m_{TR}), porcentagem em relação a testemunha suscetível ($m\%_{TS}$), porcentagem em relação a testemunha resistentes ($m\%_{TR}$) e coeficiente de variação (CV%) para seis caracteres em famílias de irmãos germanos de três populações exóticas avaliadas em dois locais. Jataí e Uberlândia, 2015.....42
TABELA 4. Quadrados médios da análise da variância de caracteres da planta em progêneres de irmãos germanos de três populações exóticas de milho. Jataí (GO), 201544
TABELA 5. Quadrados médios da análise da variância de caracteres da planta em progêneres de irmãos germanos de três populações de milho. Uberlândia, 201544
TABELA 6. Quadrados médios da análise conjunta de caracteres da planta em progêneres de irmãos germanos de três populações de milho. Jataí e Uberlândia, 2015.....46
TABELA 7. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica (σ_G^2), das variâncias genética aditiva (σ_{A1}^2 , σ_{A2}^2 , σ_{A3}^2), das herdabilidades com base em média de progêneres (h_{r1}^2 , h_{r2}^2 , h_{r3}^2) e do índice de variação (θ) para seis caracteres em progêneres de irmãos germanos de três populações exóticas. Jataí, 2015.....48
TABELA 8. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica entre FIG (σ_G^2), das variâncias genética aditiva (σ_{A1}^2 , σ_{A2}^2 , σ_{A3}^2), das herdabilidades com base em média de progêneres (h_{r1}^2 , h_{r2}^2 , h_{r3}^2) e do índice de variação (θ) para seis caracteres em progêneres de irmãos germanos de três populações exóticas. Uberlândia, 201549
TABELA 9. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica entre FIG (σ_G^2), da variância da interação ($\sigma_{G\times A}^2$), das variâncias genética aditiva (σ_{A1}^2 , σ_{A2}^2 , σ_{A3}^2), das herdabilidades com base em média de progêneres (h_{r1}^2 , h_{r2}^2 , h_{r3}^2) e do índice de variação (θ) para seis caracteres em progêneres de

irmãos germanos de três populações exóticas para análise conjunta. Jataí e Uberlândia, 2015.....	50
TABELA 10. Médias da população (m_0), amplitude superior (m_s), amplitude inferior (m_l), média da testemunha suscetível (m_{TS}), média da testemunha resistente (m_{TR}), porcentagem em relação a testemunha suscetível ($m\%_{TS}$), porcentagem em relação a testemunha resistentes ($m\%_{TR}$) e coeficiente de variação (CV%) para cinco doenças em progênies de irmãos germanos de três populações exóticas de milho avaliadas em dois locais. Jataí e Uberlândia, 2015.....	68
TABELA 11. Quadrados médios da análise da variância de caracteres de resistência a fitopatógenos em progênies de irmãos germanos de três populações exóticas de milho. Jataí, 2015	70
TABELA 12. Quadrados médios da análise da variância de caracteres de resistência a fitopatógenos em progênies de irmãos germanos de três populações exóticas de milho. Uberlândia, 2015.....	71
TABELA 13. Quadrados médios da análise conjunta de caracteres de resistência a fitopatógenos em progênies de irmãos germanos de duas populações exóticas de milho. Jataí e Uberlândia, 2015.....	72
TABELA 14. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica (σ_G^2), da variância da interação (σ_{GxA}^2), das variâncias genética aditiva (σ_{A1}^2 e σ_{A2}^2), das herdabilidades com base em média de famílias (h_{r1}^2 e h_{r2}^2) e do índice de variação (θ) para cinco doenças em famílias de irmãos germanos de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015.....	73
TABELA 15. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica (σ_G^2), da variância da interação (σ_{GxA}^2), das variâncias genética aditiva (σ_{A1}^2 e σ_{A2}^2), das herdabilidades com base em média de progênies (h_{r1}^2 e h_{r2}^2) e do índice de variação (θ) para cinco doenças em progênies de irmãos germanos de duas populações exóticas de milho. Uberlândia, 2015.....	72
TABELA 16. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica (σ_G^2), da variância da interação (σ_{GxA}^2), das variâncias genética aditiva (σ_{A1}^2 e σ_{A2}^2), das herdabilidades com base em média de progênies (h_{r1}^2 e h_{r2}^2) e do índice de variação (θ) para cinco doenças em progênies de irmãos germanos de duas populações exóticas de milho na análise conjunta. Jataí e Uberlândia, 2015.....	75
TABELA 17. Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre treze caracteres avaliados em setenta e cinco progênies de irmãos germanos da população exótica de milho NAP-5. Jataí, 2015.....	93
TABELA 18. Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre treze caracteres avaliados em setenta e cinco	

progênies de irmãos germanos da população exótica de milho NAP-5. Uberlândia, 2015.....	94
TABELA 19. Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre treze caracteres avaliados em setenta e cinco progênies de irmãos germanos da população exótica de milho NAP-7. Jataí, 2015.....	95
TABELA 20. Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre treze caracteres avaliados em setenta e cinco progênies de irmãos germanos da população exótica de milho NAP-7. Uberlândia, 2015.....	96
TABELA 21. Efeitos diretos e indiretos dos caracteres explicativos altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), florescimento masculino (FM), número de plantas quebradas (PQ), número de plantas acamadas (AC), resistência a <i>Exserohilum turcicum</i> (HT), resistência a <i>Pantoea ananatis</i> (MB), resistência ao complexo de enfezamento (CE), resistência a <i>Puccinia polyspora</i> (FP) e <i>Cercospora zeae</i> (CZ) sobre a produtividade de grãos, coeficiente de determinação da análise de trilha e efeito da variável residual da população NAP5. Jataí, 2015.....	97
TABELA 22. Efeitos diretos e indiretos dos caracteres explicativos altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), florescimento masculino (FM), número de plantas quebradas (PQ), número de plantas acamadas (AC), resistência a <i>Exserohilum turcicum</i> (HT), resistência a <i>Pantoea ananatis</i> (MB), resistência ao complexo de enfezamento (CE), resistência a <i>Puccinia polyspora</i> (FP) e <i>Cercospora zeae</i> (CZ) sobre a produtividade de grãos, coeficiente de determinação da análise de trilha e efeito da variável residual da população NAP5. Uberlândia, 2015.....	98
TABELA 23. Estimativas de ganho genético em porcentagem, pelo método de seleção direta para PG, HT, MB, CE, FP e CZ e indireta para treze caracteres avaliados, média da população (X ₀) e média das quinze progênies selecionadas (X _s) na população exótica de milho NAP-5. Jataí e Uberlândia, 2015.....	101
TABELA 24. Estimativas de ganho genético em porcentagem, pelo método de seleção direta para PG, HT, MB, CE, FP e CZ e indireta para onze caracteres avaliados, média da população (X ₀) e média das quinze progênies selecionadas (X _s) na população exótica de milho NAP-7. Jataí e Uberlândia, 2015.....	102
TABELA 25. Progênies de irmãos germanos selecionadas pelo método de seleção direta das variáveis PG, HT, MB, CE, FP e CZ em duas populações exóticas de milho.....	103
TABELA 26. Médias da população (m ₀), valor superior (m _s), valor inferior (m _l) e coeficiente de variação (CV%) para seis caracteres em progênies S ₁ de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015.....	117

TABELA 27. Médias da população (m_0), valor superior (m_s), valor inferior (m_l) e coeficiente de variação (CV%) para AACPD de cinco doenças em famílias S_1 de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015.....	118
TABELA 28. Médias da população base (m_0), médias das famílias endogâmicas (m_1), estimativas da depressão por endogamia (DP%), contribuição dos homozigotos ($\mu + a^*$) e dos heterozigotos (d^*) para seis caracteres avaliados em duas populações exóticas de milho. Jataí,	120
TABELA 29. Médias da população base (m_0), médias das famílias endogâmicas (m_1), estimativas da depressão por endogamia (DP%), contribuição dos homozigotos ($\mu + a^*$) e dos heterozigotos (d^*) para de resistência a fitopatógenos em duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015.....	121
TABELA 30. Quadrados médios da análise da variância de caracteres da planta em progênies endogâmicas (FS_1) de duas populações exóticas de milho. Jataí (GO), 2015.....	122
TABELA 31. Quadrados médios da análise da variância de caracteres de resistência a fitopatógenos em progênies S_1 de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015.....	122
TABELA 32. Estimativas da variância genotípica (σ_g^2), da herdabilidade com base em média de progênies (h_m^2), do coeficiente de variação genética (CVg%) e do índice de variação (θ) para seis variáveis em progênies S_1 de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015.....	124
TABELA 33. Estimativas da variância genotípica (σ_g^2), da herdabilidade com base em média de progênies (h_m^2), do coeficiente de variação genética (CVg%) e do índice de variação (θ) para resistência a fitopatógenos em progênies S_1 de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015.....	124

RESUMO

OLIVEIRA, AURILENE SANTOS. POTENCIAL GENÉTICO DE POPULAÇÕES EXÓTICAS DE MILHO PARA O MELHORAMENTO VISANDO CARACTERES AGRONÔMICOS E RESISTÊNCIA AOS FITOPATÓGENOS. . 2018. Tese (Doutorado em Agronomia Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia.^{1,2}

Com o crescimento populacional a demanda por alimento tem sido cada vez maior. O milho é um dos principais cereais utilizados na alimentação humana, utilizado de forma direta e indireta. O plantio do milho em duas épocas no Brasil tem aumentado a área de plantio e elevado a produção, porém essa expansão por si só não é suficiente para a crescente demanda pelo cereal, sendo necessário o desenvolvimento de novas variedades e híbridos mais produtivos e com características importantes como resistência a pragas e doenças. A escolha do germoplasma é um ponto importante para o melhoramento genético de milho, visto que esta escolha irá afetar diretamente nos ganhos genéticos, possibilitando uma maior eficiência dentro do programa de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial produtivo e a resistência a cinco doenças foliares em três populações exóticas de milho. Os experimentos foram realizados na área experimental da Universidade Federal de Uberlândia, fazenda Glória e na área experimental da Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, na safra de 2015. Utilizaram-se famílias de irmãos germanos de três populações exóticas de milho (NAP5, NAP7 e NAP8) e famílias S₁ de duas populações (NAP5 e NAP7). Foram utilizadas duas testemunhas, sendo uma suscetível e a outra resistente às principais doenças da cultura. Os experimentos foram avaliados em delineamentos em blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados caracteres agronômicos e severidade das cinco doenças foliares do milho. Concluiu-se que as três populações em estudo apresentam um excelente potencial para serem utilizadas em programas de melhoramento visando resistência a fitopatógenos.

Palavras-chaves: Famílias de irmãos germanos, famílias endogâmicas, parâmetros genéticos, resistência a doenças, *Zea mays*.

¹ Orientador: Fernando Cezar Juliatti. Instituto de Ciências Agrárias – UFU

² Co-orientador: Edésio Fialho dos Reis. Universidade Federal de Jataí – UFJ

ABSTRACT

OLIVEIRA, AURILENE SANTOS. GENETIC POTENTIAL OF MAIZE POPULATIONS FOR BREEDING FOR AFRONOMIC TRAITS AND RESISTANCE TO PHYTOPATHOGENS 2018. Thesis (Doctorate in Agriculture / Plant Sciences) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia.

Population growth increases demand for food. Corn is one of the main cereals used for human consumption, directly and indirectly. Brazil has increased corn production taking advantage of two crops per year; however, this expansion by itself is not sufficient for the increasing demand for this cereal, and the development of more productive and resistant varieties and hybrids is fundamental. The choice of germplasm is a very important aspect in maize genetic improvement, since this choice will affect directly genetic gains, allowing greater efficiency in the breeding program. This study evaluated the productive potential and resistance to five leaf diseases in three exotic maize populations. The experiments were done in the experimental area of Universidade Federal de Uberlândia, Glória Farm, and in the experimental area of Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, in the second harvest of 2015. Full sibling families of three exotic maize populations (NAP5, NAP7 and NAP8) and S1 families of two populations (NAP5 and NAP7) were evaluated. Also, two controls were used, a susceptible one and a resistant to the main diseases in the crop. The experimental design was randomized blocks, with three replications. Agricultural traits and severity of five maize leaf diseases were evaluated. It was concluded that the three populations under study presented great potential to be used in breeding programs for resistance against plant pathogens.

Keywords: Families of full siblings, endogamic families, genetic parameters, disease resistance, *Zea mays*.

CAPÍTULO 1

1. INTRODUÇÃO GERAL

Com o crescimento populacional, estima-se que o planeta terá cerca de 9,8 bilhões de habitantes em 2050 (FAO, 2018) o que demandará um grande aumento na produção de alimentos para atender as necessidades de toda a população humana. O milho é um dos principais cereais utilizados na alimentação humana de forma direta ou indireta. Cerca de 70% da produção do milho é destinada para alimentação animal, utilizando o grão para a produção de ração ou a planta toda na produção de silagem. Atualmente, o milho tem sido usado na produção de etanol, o que tem elevado à demanda pelo produto, fazendo-se necessário o desenvolvimento de híbridos e cultivares mais produtivos para atender todos os setores dependentes da cultura.

Estima-se que a produção mundial de milho atingirá 1,039 bilhão de toneladas na safra 2017/2018, apresentando uma queda em relação à safra anterior. Os Estados Unidos, China e Brasil são os maiores produtores de milho no mundo e juntos são responsáveis por 65% da produção mundial deste cereal (USDA, 2018).

A produção de milho no Brasil é caracterizada pela semeadura em duas épocas: primeira safra e segunda safra ou safrinha. Devido a uma demanda crescente e como uma alternativa viável ao sistema de produção e de sucessão de culturas, o cultivo de milho safrinha cresceu acentuadamente nos últimos anos. A expansão da segunda safra de milho se deu em diferentes regiões edafoclimáticas e o aumento do nível tecnológico do agricultor permitiu que aumentos significativos de produtividade fossem alcançados.

Nas últimas safras, a produtividade de milho safrinha tem sido superior a produção da primeira safra. Na safrinha (2016/2017) a produção foi de 67,4 mil toneladas, enquanto a primeira safra foi de 30,5 mil toneladas (CONAB, 2018). Com o crescimento da safrinha e a expansão com a cultura do milho, as plantas têm ficado mais expostas ao ataque de pragas e doenças, ocasionando perdas na produtividade e tornando-se necessário o desenvolvimento de híbridos e variedades mais produtivas e com resistência aos principais fitopatógenos para atender a demanda pelo cereal.

Modificações ocorridas no sistema de produção que resultaram no aumento da produtividade do milho foram também responsáveis pela alta incidência e aumento da

severidade das doenças. Desse modo, a expansão da fronteira agrícola, a ampliação das épocas de plantio, a adoção do sistema de plantio direto sem a rotação de culturas, o aumento do uso de sistemas de irrigação e de genótipos suscetíveis têm sido responsáveis por importantes modificações na dinâmica populacional dos patógenos, resultando no surgimento, a cada safra, de novos problemas para o milho relacionados à ocorrência de doenças (COTA; COSTA; SILVA, 2015).

O milho safrinha tem aumentado e evoluído em função do cultivo de soja no verão em áreas do cerrado e sudoeste brasileiro e o seu cultivo tornou-se hoje um dos grandes suportes da produção nacional de milho, galgando altas produtividades e grande foco da pesquisa atual (CRUZ et al., 2011). No entanto, é preciso avançar mais em pesquisas com o objetivo de desenvolver genótipos específicos para as condições de safrinha e assim obter resultados mais promissores em relação à produtividade e sanidade dos grãos.

Um dos pontos importantes no melhoramento de milho é a escolha do germoplasma a ser utilizado, que deverá ser realizada de acordo com o objetivo do programa. O uso de germoplasma exótico tem sido de grande importância no melhoramento de milho e vem contribuindo de forma expressiva no aumento da produtividade da cultura no Brasil e na obtenção de germoplasmas resistentes à fitopatógenos.

A partir do melhoramento genético é possível identificar e inserir genes de resistência aos fitopatógenos em seu genoma, contribuindo para um aumento da produtividade sem custos adicionais ao produtor devido à redução de danos e perdas acarretados pela incidência desses patógenos. Atualmente, existem inúmeros híbridos com resistência a doenças no mercado, mas com a prática do manejo incorreto nas lavouras e consequentemente uma evolução mais rápida dos patógenos, a resistência tem sido quebrada, tornando híbridos que antes eram resistentes em híbridos suscetíveis, fazendo-se necessário, novas buscas por fontes de resistência.

O objetivo do presente trabalho foi avaliar o potencial produtivo em condições de safrinha e a resistência a cinco doenças foliares em três populações exóticas de milho, a partir de estimativas de parâmetros genéticos para utilização dessas populações em programas de melhoramento visando resistência aos fitopatógenos (*Exserohilum turcicum* Leonard e Suggs, *Pantoea ananatis*, fitoplasma, espiroplasma, *Puccinia polysora* Underw e *Cercospora zae* Tehon e Daniels).

2. REFERÊNCIAL TEÓRICO

2.1. Aspectos gerais sobre a cultura do milho

O milho é uma gramínea da família poaceae e da espécie *Zea mays* L. É uma espécie diplóide e alógama, é um dos vegetais superiores mais estudados, sendo aquela que possui a caracterização genética mais detalhada dentre as espécies cultivadas (BORÉM; GIÚDICE, 2012).

Há evidências de que o milho tenha origem da América Central e tem sido desenvolvido nos últimos oito mil anos (PATERNIANI; NASS; SANTOS, 2000) sendo uma das culturas mais importantes das civilizações asteca, maia e ínca. O botânico Lineu em sua classificação de gêneros e espécies denominou-o de *Zea mays*, “Zeia” do grego (grãos, cereal) e “mays” em homenagem a um dos principais povos da América, os maias. A teoria mais aceita sobre a origem do milho é que tenha se originado do teosinte; ambos possuem $n=10$ cromossomos, os quais são homólogos e se cruzam facilmente, resultando em produtos férteis e semelhantes ao milho e/ou teosinte, com pequenas diferenças gênicas. Provavelmente é a espécie que possui maior variabilidade genética entre todas as plantas cultivadas, decorrente de alterações nas frequências gênicas, que ocorreram durante o processo evolutivo (PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

A importância deste cereal se deve as diferentes formas de utilização que vai desde a alimentação animal até a sua utilização na indústria de alta tecnologia. O uso deste cereal como alimentação animal representa cerca de 70% da produção mundial. Atualmente os Estados Unidos são o principal produtor de milho no mundo com uma produção total estimada de 362,7 milhões de toneladas para safra 2017/2018 em segundo está a China com uma produção estimada de 215,0 (USDA, 2018), enquanto o Brasil é o terceiro maior produtor do mundo com uma produção estimada para a safra 2017/2018 de 87,3 milhões de toneladas (CONAB, 2018).

No Brasil o milho é cultivado em todas as áreas agrícolas e é a segunda cultura de maior importância econômica no país, ficando atrás da cultura da soja. Na última safra 2016/2017 essas duas culturas representaram 89,2% da produção total de grãos (CONAB, 2018). A viabilidade de cultivo do milho em duas safras (safra e safrinha) tem aumentado a produção deste cereal no país. O milho safrinha tem aumentado e evoluído em função do cultivo de soja no verão em áreas do cerrado e sudoeste brasileiro e o seu cultivo tornou-se hoje um dos grandes suportes da produção nacional

de milho, galgando altas produtividades e grande foco da pesquisa atual (CRUZ et al., 2011). No entanto, é preciso avançar mais em pesquisas com o objetivo de desenvolver genótipos específicos para as condições de safrinha e assim obter resultados mais promissores em relação à produtividade e sanidade dos grãos.

2.2. Variabilidade genética em milho

O sucesso de um programa de melhoramento depende fundamentalmente da variabilidade genética existente nas populações escolhidas para estudos genéticos, sendo que em milho, grande parte dos esforços está concentrada nos caracteres quantitativos. Segundo Vencovsky (1987) a maior complexidade genética destes, aliados a erros experimentais e efeitos do meio ambiente que estão sempre presentes, obrigam os melhoristas a utilizar técnicas específicas no tratamento dos mesmos com o fim de separar e interpretar as variações genéticas e ambientais.

A variância genética aditiva é o componente mais importante, uma vez que é a principal causa da semelhança entre parentes e, por conseguinte, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta à seleção (FALCONER, 1987). Além disso, é o único componente que pode ser prontamente estimado através das observações feitas na população. O autor define-a como a variância dos valores genéticos e ressalta que, sob o ponto de vista prático, o que interessa na decomposição de variância genotípica é o parcelamento entre variância genética aditiva e o resto, sendo o resto as variâncias genéticas não aditivas (dominância e epistasia) e as causadas pelo ambiente. Esse parcelamento é mais convenientemente expresso como σ_A^2/σ_F^2 , sendo esta razão denominada de herdabilidade.

A herdabilidade, relacionada com o efeito médio dos genes, tem um papel importante na predição, expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético. Estudos em milho têm enfatizado a importância desse parâmetro para a eficiência da seleção (RISSI, 1980; KASSOUF; MIRANDA FILHO, 1986; BIGOTO, 1988). Muitos trabalhos compararam as estimativas da herdabilidade para média de progênies, obtidas em experimentos de seleção, porém cada população possui valores específicos, sendo que esta estimativa está relacionada com a estrutura genética da população e do ambiente considerado (SPRAGUE, 1966; RAMALHO, 1977). Mesmo assim, Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010) forneceram uma estimativa média de 18,7% para produção de grãos, obtidas de 99 estimativas, ao passo que Vencovsky,

Miranda Filho e Souza Júnior (1988) relataram média de 11,0%, na mesma característica, para populações brasileiras.

A variância aditiva tem sido uma das principais ferramentas do melhorista para obtenção de parâmetros genéticos que possibilitam ampliar os conhecimentos sobre caracteres sob-seleção e mostrar a escolha de métodos de melhoramento mais eficazes (CRUZ, 2005) e uma metodologia frequentemente empregada é a obtenção da variância genética aditiva, através de ensaios de famílias de meios-irmãos, pois através destes ensaios obtém a variância entre progênies, sendo esta $\frac{1}{4}$ da variância aditiva. Para estimar a variância genética aditiva em estudos com famílias de irmãos germanos, tem sido considerado diferentes hipóteses para a variância de dominância ($\sigma_D^2 = 0$, $\sigma_D^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2$ ou $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$), sendo possível então estimar a variância aditiva dependendo da herança genética da variável em estudo (NASS, 1992; RODRIGUES, 2013). Outro método importante na condução das populações em um programa de melhoramento de milho é a seleção recorrente, podendo ser definida como a seleção sistemática de indivíduos desejáveis de uma população, seguida pela recombinação dos indivíduos selecionados para formar a nova população (FEHR, 1987). Portanto, a seleção recorrente tem como objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis em uma população, mantendo também a variabilidade genética.

Um ponto importante a se considerar em programas de seleção recorrente é o tamanho da amostra, caracterizada pelo número de progênies a ser retirada da população sob-seleção, pois esta deve representar a variabilidade genética existente na população. De acordo com Falconer (1989), amostras pequenas podem acarretar problemas de representatividade e até mesmo a perda de alelos favoráveis ou a fixação de alelos indesejáveis e amostras muito grandes podem tornar impraticável a realização deste tipo de estudo em virtude da elevada mão-de-obra que seria demandada para um único ensaio.

Estudando o número de progênies S_1 ideal para avaliação em programas de seleção recorrente, Pinto, Lima Neto e Souza Junior (2000), constataram que para a variável peso de espiga o valor estaria entre 175-200 progênies, sendo que 200 progênies S_1 seria o tamanho adequado para avaliação. Porém, outros autores utilizando tamanhos de 140 (GOULAS; LONNQUIST, 1976), 100 (WEYHRICH et al., 1998a, 1998b) e até mesmo 30 (GROMBACHER et al., 1989) progênies, sob diferentes intensidades de seleção, obtiveram respostas satisfatórias em seus trabalhos.

Os vários processos de seleção recorrente com descrição detalhada de cada método podem ser encontrados em Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010) e a escolha de determinado método de seleção dependerá do objetivo do programa, ou seja, obtenção de populações melhoradas ou de híbridos (HALLAUER, 1987). Se o objetivo for à obtenção de um cultivar de polinização aberta ou a adaptação do germoplasma exótico, pode-se dar ênfase ao melhoramento intrapopulacional. Entretanto, se a finalidade for o melhoramento do potencial da população para extração de linhagens e, consequentemente, obtenção de híbridos, o melhoramento interpopulacional pode ser o mais apropriado. No entanto, as combinações dos métodos intra e interpopulacional também podem ser usadas.

Atualmente, vários métodos de seleção são empregados, porém as diferenças entre eles nem sempre são bem definidas. Estas diferenças referem-se ao grau de controle parental dos progenitores selecionados, existência ou não de avaliação de progêñies, uso de testadores e controle do ambiente. Tanto na seleção recorrente intra como interpopulacional podem ser utilizadas progêñies de meios-irmãos, irmãos germanos, e as progêñies S_1 ou S_2 . O uso de progêñies endogâmicas é recomendado para caracteres de baixa herdabilidade, uma vez que a endogamia remete ao aumento da variância genética entre progêñies (HALLAUER; SEARS, 1973; RODRIGUEZ; HALLAUER, 1991; EDWARDS; LAMKEY, 2002) e conduz a um aumento do progresso esperado com a seleção (PARTENIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

2.3. Uso de germoplasma exótico

O termo exótico foi definido por vários autores e entre estas definições está a de Hallauer (1978) que considerou germoplasma exótico como sendo todas as fontes de germoplasma que não são imediatamente úteis ou adaptadas para um programa de melhoramento genético específico, ou seja, quando ajustes fisiológicos serão necessários para naturalizar e aclimatizar o germoplasma para sua utilização. Por sua vez, Lonnquist (1974) definiu germoplasma exótico como sendo oriundo de outra área, estando representado por adaptações a diferentes altitudes, latitudes, tipo de solo, além de outros fatores ambientais. Dentro desta ampla diversificação de significados, os germoplasmas exóticos podem ser constituídos por raças, populações, linhagens, etc., desde que quando cultivados em áreas diferentes dos seus locais de adaptação, não manifestem suas potencialidades sem um ajuste fisiológico (SANTOS, 1985).

Segundo Sprague (1980), os melhoristas têm procurado ampliar a variabilidade genética manipulada em seus programas, principalmente por meio do intercâmbio de linhagens elites entre programas distintos de melhoramento genético; porém, os germoplasmas exóticos existentes nos centros de origem, centros de diversificação e bancos de germoplasma ainda são pouco explorados. As três principais razões para o uso de germoplasma exótico nos programas de melhoramento descritas por Gadelmann (1984); Albrecht e Dudley (1987) são: 1) aumentar a diversidade genética para se proteger contra a vulnerabilidade genética aparente; 2) proporcionar uma fonte de genes para características específicas, tais como resistência a doenças, pragas e a tolerância a estresses; 3) proporcionar uma fonte de alelos favoráveis para aumentar o rendimento por variações genéticas úteis e aumentar a heterose.

A potencialidade de incorporar germoplasma exótico em linhagens adaptadas, para posterior aproveitamento no desenvolvimento de milhos híbridos foi demonstrada por Griffing e Lindstrom (1954), Efron e Everett (1969) e Nelson (1972), Mendes et al. (2015), Silva et al. (2017). Outras alternativas na utilização de germoplasma exóticos foram sugeridas por Kramer e Ullstrup (1959) e Thompson (1968), na identificação de fontes de resistência a doenças e na produção de silagem, respectivamente.

O procedimento mais comum em estudos de germoplasma exótico tem sido a realização de cruzamentos entre materiais exóticos e adaptados (HALLAUER, 1978). O cruzamento entre germoplasma exótico e adaptado pode ser definido como germoplasma semiexótico, devido a sua constituição genética não ser totalmente exótica.

Considerando a probabilidade de fixação de alelos, Crossa (1989) verificou que se as populações exóticas têm sido selecionadas para adaptabilidade e possuir alelos favoráveis em alta frequência, a população de cruzamento pode ser utilizada diretamente como população base no processo de seleção. Caso o retrocruzamento para o parental adaptado seja utilizado, então um aumento no tamanho da população é necessário para conservar os alelos favoráveis que foram previamente incorporados.

De acordo com Miranda Filho e Viégas (1987), no Brasil a introdução de germoplasma exótico tem contribuído de forma importante e contínua para o melhoramento e, recentemente, a utilização de novas fontes de germoplasma tem despertado o interesse dos pesquisadores, principalmente em relação a problemas de tolerância a estresses bióticos e abióticos.

Atualmente, o programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Jataí (UFJ) em parceria com a Universidade de São Paulo (Esalq/USP) realiza pesquisas utilizando populações exóticas e semiexóticas para o melhoramento de milho, e os resultados apresentados têm sido bastante promissores em relação à variabilidade genética e o potencial produtivo dessas populações (RODRIGUES, 2013; OLIVEIRA; MIRANDA FILHO; REIS, 2015; OLIVEIRA et al., 2015; MENDES et al., 2015; SILVA et al., 2017; SOUZA et al., 2018).

2.4. Melhoramento genético de milho visando resistência às doenças

Nos últimos anos, o melhoramento genético de milho associado à melhoria no manejo cultural tem sido responsável por um incremento de 50% na produção da cultura. Embora o objetivo principal do melhoramento genético seja o aumento da produtividade de grãos, a avaliação de outras características tais como tolerância a estresses abióticos e a resistência aos bióticos é muito importante para que se obtenha sucesso nos programas de melhoramento genético (BORÉM; MIRANDA, 2013).

As doenças na cultura do milho estão entre os estresses bióticos que mais afetam a produtividade e a qualidade do grão. No Brasil, há pelo menos 20 doenças que ocorrem na cultura e que podem causar prejuízos expressivos. A importância dessas doenças varia de ano para ano e de região para região, e de acordo com as condições climáticas, nível de suscetibilidade dos híbridos e o sistema de plantio (COTA; COSTA; SILVA, 2015; JULIATTI, 2016).

A resistência genética é a forma mais eficiente de controle de doenças na cultura do milho (BALMER; PEREIRA, 1987; FUTRELL, 1975), contribuindo para isso a disponibilidade de diversidade genética. Em um programa de melhoramento visando resistência genética a doenças é muito importante seguir as seguintes etapas: a) identificar fontes de resistência; b) incorporar estes genes em cultivares comercial por meio dos métodos de melhoramento; c) traçar a melhor estratégia para que a resistência seja durável face à natureza dinâmica das populações patogênicas (BORÉM; MIRANDA, 2013).

No melhoramento para resistência a doenças, é dada ênfase na escolha específica dos parentais, que devem ter a fonte de resistência à doença que se deseja controlar e a avaliação da reação das progêniens frente aos patógenos, por meio de inoculações

artificiais ou submetendo-as a ambientes onde os patógenos ocorrem naturalmente. Geralmente, em programas de melhoramento de milho, os testes para reação às principais doenças na cultura são realizados simultaneamente com o avanço das gerações (YORINORI; KIIHL, 2001). Nas avaliações das gerações mais avançadas é importante usar nos ensaios juntamente com os germoplasmas melhorados, os germoplasmas padrão, ou seja, materiais suscetíveis e resistentes para fins comparativo e indicativo, pois o aparecimento dos sintomas nas plantas suscetíveis indica a existência do patógeno no local avaliado.

Existem vários métodos de melhoramento visando resistência à fitopatógenos e a escolha do melhor método depende dos objetivos e métodos de inoculação a serem utilizados para avaliar a expressão dos sintomas que permitam diferenciar a reação dos genótipos em estudo. Assim, para doenças cuja resistência é oligogênica e controlada por genes dominantes, os métodos mais simples de combinação ou transferência de genes permitem rápido avanço de gerações e obtenção de novos híbridos. Por outro lado, para doenças em que a herança de resistência é mais complexa como resistência horizontal, poligênica, como a grande parte das doenças foliares no milho, os cruzamentos são complexos e os avanços de gerações dependem de seleções dentro de populações de progênies, do tipo de seleção de plantas e seleção massal (YORINORI; KIIHL, 2001).

2.5. Doenças na cultura do milho

As doenças constituem um dos principais fatores limitantes da produtividade e têm sido causa de grandes preocupações nos agentes envolvidos no agronegócio da cultura do milho no Brasil, em razão das perdas que têm ocasionado à produção e dos riscos à saúde humana e animal, como a presença de micotoxinas produzidas por fungos no grão (COTA; COSTA; SILVA, 2015).

As mudanças no sistema de produção do milho têm contribuído significativamente para a evolução das doenças na cultura. Entre essas mudanças estão à expansão da fronteira agrícola, a ampliação das épocas de plantio (safra e safrinha), a adoção do sistema de plantio direto sem a rotação de cultura, o aumento do uso de sistemas de irrigação e de materiais suscetíveis, resultando assim, em novos problemas para o milho relacionados à ocorrência de doenças (COTA; COSTA; SILVA, 2015).

Na literatura encontram-se descritas mais de 20 doenças causadas por fungos, bactérias, vírus, molicutes e nematóides que atacam diversas partes das plantas em diferentes estádios fenológicos, causando enormes prejuízos. Uma das fases de maior ocorrência das doenças é na fase reprodutiva, na qual as doenças foliares se manifestam com maior severidade. Entre as principais doenças do milho estão: cercosporiose, enfezamento vermelho, enfezamento pálido, ferrugem polissora, helmintosporiose e mancha branca (AMORIM et al., 2016).

2.5.1. Cercosporiose

A cercosporiose já foi constatada, em praticamente, toda a área nacional produtora de milho e é considerada uma doença totalmente destrutiva, podendo causar perdas superiores a 80% na produção de grãos de milho. No ano de 2000, a cercosporiose causou um surto epidêmico na região dos chapadões no estado de Goiás, ocorrendo em alta severidade nos principais municípios goianos produtores de milho, acarretando perdas severas na produção de grãos desta cultura. Desde então, esta doença que antes era considerada de importância secundária, passou a ser considerada como uma das principais doenças foliares no milho (OLIVEIRA et al., 2004).

2.5.1.1. Etiologia

A cercosporiose é causada pelo fungo *Cercospora zeae-maydis* Tehon e Daniels. O milho é a única cultura hospedeira deste patógeno, que sobrevive em restos de cultura e plantas voluntárias de milho. Não há nenhum relato de sobrevivência do fungo em sementes (JULIATTI, 2016).

2.5.1.2. Sintomatologia

Os sintomas caracterizam-se por manchas de coloração parda a cinza, predominantemente retangulares, com lesões paralelas às nervuras. Em geral, aparecem próximo ao florescimento, nas folhas inferiores, e sob condições favoráveis, alcançam as folhas superiores em cerca de uma semana (OLIVEIRA et al., 2004; COTA; COSTA; SILVA, 2015).

2.5.1.3. Epidemiologia e controle

A ocorrência de temperaturas entre 25 e 30°C e umidade relativa do ar superior a 90% são consideradas condições ótimas a doença. O patógeno em associação com a

planta produz uma toxina chamada de cercosporina, que mata as células do hospedeiro, destruindo as membranas, que maximiza o processo infeccioso. Esta enfermidade ocorre com alta severidade em cultivares suscetíveis, podendo ocasionar perdas superiores a 80% (COTA; COSTA; SILVA, 2015; JULIATTI, 2016).

A medida de controle mais eficiente para essa doença é a utilização de híbridos resistentes. A eliminação de restos de cultura de milho contaminados, rotação de cultura por um ou dois anos, evitar altas densidades de plantio, aplicação de fungicidas, são medidas que podem contribuir para reduzir a severidade da doença (OLIVEIRA, et al., 2004).

2.5.1.4. Herança da resistência

Pesquisas realizadas com o objetivo de estudar a herança da resistência de plantas de milho ao patógeno causador da Cercosporiose (*Cercospora zeae-maydis*), concluíram que o controle genético da resistência é poligênico, com predominância dos efeitos aditivos, com dominância em poucos locos de pequeno efeito (MENKIR; AYODELE, 2005; DERERA et al., 2008). Brito et al. (2012) estimaram coeficientes de herdabilidade entre 0,69 e 0,86 para resistência à cercosporiose em estudos de herança em germoplasma tropical.

2.5.2. Enfezamento vermelho e pálido

O complexo de enfezamentos, responsável pelos enfezamentos pálido causado por espiroplasma e vermelho causado por fitoplasma, ambos patógenos pertencentes à classe dos molicutes, o qual é transmitido pela cigarrinha-do-milho (*Daubulus maidis*) (OLIVEIRA et al., 2002a) são doenças sistêmicas associadas a infecções dos tecidos do floema das plantas. A maior incidência dessa doença nos cultivos de safra e safrinha está relacionada com o aumento da população do inseto vetor nessa época (FERNANDES; BALMER, 1990; SILVA et al., 1991; WALQUIL, 1997). A situação é ainda mais agravante quando a cultura anterior também era o milho.

Essas doenças prejudicam drasticamente a formação e o enchimento de grãos, podendo causar perda total da produção em híbridos muito sensíveis. Os molicutes interferem na fisiologia das plantas de milho, destacando-se dentre outros efeitos, a redução na absorção de magnésio em plantas infectadas por espiroplasma ou por fitoplasma, em relação a plantas sadias, sendo esse efeito variável em diferentes cultivares. Nos últimos anos, essas doenças têm se destacado dentre as principais na

cultura do milho no Brasil, devido à alta incidência e aos prejuízos causados na produção (OLIVEIRA et al., 2004).

2.5.2.1. Etiologia

O enfezamento pálido do milho é causado pelo molicute *Spiroplasma kunkelii*. Esse microrganismo é um procarionte móvel, espiralado e sem parede celular, denominado pelo nome comum espiroplasma. A patogenicidade desse microrganismo ao milho foi demonstrada na década de 1970, após obtenção de seu crescimento em cultura axênica. Esse patógeno cresce em meio de cultura com presença de esteróis, sob temperatura de 30 a 32 °C e baixa pressão de oxigênio, sendo sensível à tetraciclina. No milho seu crescimento restringe-se às células do floema (OLIVEIRA et al., 2004).

O agente causal do enfezamento vermelho é o fitoplasma *Maize bushy stunt phytoplasma*. A forma e o tamanho desse microrganismo são variáveis e, algumas vezes, nas células do floema das plantas de milho, grupos de fitoplasma podem ser observados envoltos por uma membrana (OLIVEIRA et al., 2004).

2.5.2.2. Sintomatologia

O principal sintoma do enfezamento pálido é a formação de faixas esbranquiçadas na base das folhas, próximo à inserção do colmo, chegando a atingir toda a extensão da folha. Quando a transmissão da doença ocorre antes do estádio reprodutivo, a planta pode apresentar uma grande redução no seu tamanho, podendo até deixar de se reproduzir (JULIATTI, 2016).

Os sintomas característicos do enfezamento vermelho são o avermelhamento das folhas, a proliferação de espigas, produção de espigas pequenas, perfilhamento na base da planta e nas axilas foliares, encurtamento dos entrenós, enchimento de grãos incompleto e seca precoce das plantas (COTA; COSTA; SILVA, 2015).

2.5.2.3. Epidemiologia e controle

A transmissão dos molicutes é feita de forma persistente-propagativa por cigarrinhas, principalmente por *Dalbulus maidis*, que atualmente é a única espécie, dentre os insetos vetores desses patógenos, relatada no Brasil. Altas temperaturas (31 °C durante o dia e 25 °C durante a noite) favorecem ao rápido ciclo do vetor e reduz o período latente, contribuindo para alta incidência de enfezamentos (OLIVEIRA et al., 2004).

As estratégias de controle do complexo de enfezamento incluem a utilização de híbridos resistentes; adequação da época de plantio, evitando-se plantios tardios; rotação de cultura; eliminação de plantas milho voluntárias no campo; e controle do vetor (OLIVEIRA et al., 2004).

2.5.2.4. Herança genética da resistência

Em estudos realizados com germoplasma de clima temperado, observou-se que a herança genética da resistência aos enfezamentos é de natureza quantitativa (MÁRQUEZ SÁNCHEZ, 1982). No entanto, estudos com germoplasma tropical demonstrou que o controle do caráter da resistência ao complexo de enfezamento, estão envolvidos poucos genes o que caracteriza herança qualitativa (SILVEIRA et al., 2008). A partir dos estudos realizados até o momento, observa-se que a herança genética da resistência ao complexo de enfezamento é predominantemente de alelos de efeito aditivo (SILVA et al., 2003; SILVEIRA et al., 2008).

Foram observadas estimativas de coeficiente de herdabilidade de 0,14; 0,39 e 0,60 para o caráter resistência ao complexo de enfezamento em famílias endogâmicas de três populações semiexóticas de milho (OLIVEIRA; MIRANDA FILHO; REIS, 2015). Silva et al (2003) observaram estimativa de 0,6 para o caráter.

2.5.3. Ferrugem polissora

Atualmente, a ferrugem polissora é uma das mais importantes doenças do milho no Brasil, sendo considerada a mais agressiva das ferrugens que ocorrem nessa cultura. Essa doença adquiriu maior importância no Brasil a partir da década de 1990, associada a diversos fatores, como a suscetibilidade de híbridos, o plantio contínuo de milho, o aumento da área cultivada e o plantio de safrinha (OLIVEIRA et al., 2004).

2.5.3.1. Etiologia

A ferrugem polissora é causada pelo fungo *Puccinia polyspora* Underw. Este fungo é um parasita biotrófico e produz uredósporo de coloração amarelada a dourada, binucleados e de formato ovalado, com bordas irregulares. *Puccinia polyspora* apresenta variabilidade genética, tendo já sido identificadas diversas raças fisiológicas desse patógeno. Cerca de dezesseis raças já foram identificadas ao redor do mundo, sendo denominadas de EA1 a EA3 e PP3 a PP15 (OLIVEIRA et al., 2004).

2.5.3.2. Sintomatologia

O sintoma típico da ferrugem polissora é a formação de pústulas pequenas, circulares a elípticas, de cor marrom-clara que podem ocorrer em ambas às faces das folhas, dependendo da incidência luminosa do sol da manhã (JULIATTI, 2016).

2.5.3.3. Epidemiologia e controle

A ferrugem polissora é favorecida por alta umidade relativa e temperaturas mais elevadas (25 a 35 °C). A ocorrência da doença depende da altitude, sendo mais intensa em altitudes inferiores de 700 m, onde predominam temperaturas mais elevadas. Nas condições de cultivo de milho no Brasil, já foram registradas perdas superiores a 40% na produção, devido à ocorrência de epidemias de ferrugem polissora (OLIVEIRA et al., 2004; COTA; COSTA; SILVA, 2015).

2.5.3.4. Herança genética da resistência

Poucos trabalhos são relatados na literatura sobre a herança da resistência da ferrugem polissora em milho. Em estudos avaliando a severidade de ataque da ferrugem polissora, observou-se a predominância de alelos de efeitos aditivos na expressão da resistência à *Puccinia polyspora* (PATERNIANI et al., 2000; COLOMBO et al., 2014).

Em estudos de mapeamento de genes de resistência quantitativa à *Puccinia polyspora*, os autores Brunelli, Silva e Camargo (2002) identificaram uma região genômica no cromossomo 9 associado à resistência a ferrugem polissora.

2.5.4. Helmintosporiose

A Helmintosporiose é uma das doenças mais antigas e importantes na cultura do milho no Brasil, ocorrendo nas principais regiões produtoras de milho. Quando essa doença ocorre severamente antes do florescimento, as perdas em produção podem ser superiores a 70%, causando um grande prejuízo. Plantas com sintomas severos de *Exserohilum turcicum* são mais suscetíveis às podridões do colmo (OLIVEIRA et al., 2004).

2.5.4.1. Etiologia

Essa doença é causada pelo fungo *Exserohilum turcicum* Leonard e Suggs. Sob temperaturas superiores a 20 °C, os conídios desse fungo são marrons, ligeiramente curvos, com três a oito septos e se caracterizam pela presença de um proeminente hilo na extremidade. Sob temperaturas inferiores a 20 °C, eles são marrons, menores, retos e

com algum ou nenhum septo. Temperaturas inferiores a 10 °C favorecem a formação de clacidiosporos dentro dos conídios. São conhecidas várias raças desse patógeno (OLIVEIRA et al., 2004).

2.5.4.2. Sintomatologia

Os sintomas típicos da helmintosporiose são lesões necróticas, elípticas, medindo de 2,5 a 15 cm de comprimento. A coloração do tecido necrosado varia de cinza a marrom e, no interior das lesões, observa-se intensa esporulação do patógeno. As primeiras lesões aparecem nas folhas baixeras e se manifestam mais severamente após o pendoamento. Em híbridos suscetíveis, essa doença pode causar seca das folhas e morte prematura da planta (OLIVEIRA et al., 2004; COTA; COSTA; SILVA, 2015).

2.5.4.3. Epidemiologia e controle

A germinação, a infecção e a formação das lesões por *Exserohilum turcicum* são favorecidas por temperaturas entre 18 e 27 °C, com o ótimo em 20 °C, e pela presença de orvalho na superfície das folhas, por um período mínimo de cinco horas. O desenvolvimento dos conídios ocorre a 20 °C e por um período mínimo de quatro horas de escuro. A esporulação durante o dia é dificultada pela baixa umidade relativa e pela luz, que inibem o desenvolvimento dos conídios (OLIVEIRA et al., 2004). A helmintosporiose é muito frequente em safrinhas (JULIATTI, 2016).

Uma das principais e mais eficientes medidas de controle é o uso de híbridos resistentes a *Exserohilum turcicum*. A resistência monogênica a esse patógeno, determinada pelos genes Ht1-Ht2 e Ht3, caracteriza-se pela formação de lesões cloróticas, circundadas por um halo amarelado, onde pouca ou nenhuma esporulação ocorre. O gene HtN determina prolongamento do período latente. A resistência poligênica a *E. turcicum* expressa-se pela redução em número e em tamanho das lesões (OLIVEIRA et al., 2004).

Outras práticas de manejo como a escolha da época e local de semeadura, rotação de cultura e aplicação de fungicidas, devem ser utilizadas visando diminuir a concentração de inóculo desse patógeno (JULIATTI, 2016).

2.5.4.4. Herança genética da resistência

Alguns estudos indicam que a ação gênica aditiva é a mais importante na herança genética da resistência à *Exserohilum turcicum* (CARSON, 1995; VIVEK et al,

2010). No entanto, estudo mais recente observa-se a predominância de efeitos não aditivos na herança deste caráter (NIHEI; FERREIRA, 2012).

Em estudos com famílias de meios-irmãos em sete ciclos de seleção recorrente em milho pipoca, Ribeiro et al. (2016) observaram valores de herdabilidade de 0 a 0,49, sendo o maior valor observado no ciclo 4.

2.5.5. Mancha Branca

A mancha branca do milho é uma das doenças de ocorrência generalizada nas principais regiões produtoras de milho no Brasil. Folhas com severidade próxima a 20% podem ter a taxa fotossintética líquida reduzida em até 50%. No entanto, em condições favoráveis ao desenvolvimento da doença, a redução na produção pode ser superior a 60% (OLIVEIRA et al., 2004).

2.5.5.1. Etiologia

O agente etiológico da mancha branca do milho tem sido assunto de muita controvérsia e discussão. Visto que, inicialmente o causador da doença foi descrito como sendo o fungo necrotrófico *Phaeosphaeria maydis* Rane, Payak e Renfro, no entanto, estudo realizado por Paccolla-Meirelles et al. (2001) foi observado a presença da bactéria *Pantoea ananatis*, indicando que este patógeno era o agente causal da mancha branca. Posteriormente, foi realizado um estudo, no qual, foi observada a presença do fungo *Phoma sorghina* associada a essa doença (AMARAL et al., 2004). Em outro estudo (AMARAL et al., 2005), os fungos *P. sorghina*, *Phoma* sp. (Seção Plenodomus), *Phyllosticta* spp., e *Sporormiella* sp. foram postuladas como agentes causadores de sintomas da mancha branca. No entanto, a incidência de cada uma dessas espécies foi restrita a uma condição ambiental específica e variou de acordo com as regiões e estações do ano (AMARAL et al., 2005). De acordo com esses autores, os resultados suportam a hipótese de que vários patógenos estão envolvidos com os sintomas da mancha branca e que as condições ambientais poderiam influenciar a predominância de um agente causal específico.

Recentemente, foi realizado um estudo considerando tanto a bactéria *Pantoea ananatis* quanto os fungos associados aos sintomas da mancha branca do milho. Neste estudo foi feito a identificação molecular de espécies bacterianas e de fungos presentes nas manchas brancas em diferentes estádios de desenvolvimento das lesões e a partir

dos resultados observados, os autores concluíram que a mancha branca do milho é causada pela bactéria *Pantoea ananatis*, conforme foi postulado por Paccolla-Meirelles et al. (2001) e não por uma espécie específica de fungo ou mesmo por um complexo de espécies fúngicas (GONÇALVES et al., 2013).

2.5.5.2. Sintomatologia

Inicialmente as lesões são circulares, aquosas e verde-claras. Posteriormente, passam a necróticas, de cor palha, circulares a elípticas, com diâmetro variando de 0,3 a 1,0 cm. Geralmente, são encontradas dispersas no limbo foliar, podendo coalescer. Em geral, os sintomas aparecem primeiro nas folhas inferiores, progredindo rapidamente para as superiores, sendo mais severos após o pendoamento. Podem ocorrer nas palhas das espigas (OLIVEIRA et al., 2004).

2.5.5.3. Epidemiologia e controle

A severidade da doença é favorecida por regiões com altitude acima de 600 m, com temperaturas entre 25 a 30 °C e com elevadas precipitações (JULIATTI, 2016). Os plantios tardios favorecem elevadas severidades da doença devido à ocorrência dessas condições climáticas durante o florescimento da cultura, fase na qual as plantas são mais sensíveis ao ataque do patógeno e os sintomas são mais severos (OLIVEIRA et al., 2004).

2.5.5.4. Herança genética da resistência

Diversos estudos foram realizados para determinar a herança genética da resistência à mancha branca. Os estudos evidenciam a predominância dos efeitos gênicos aditivos sobre os dominantes (CARSON, 2001; LOPES et al., 2007; GUIMARÃES et al., 2009; NIHEI; FERREIRA, 2012).

Lopes et al. (2007) encontraram resultados que indicam a existência de dois a três genes ou blocos gênicos segregantes envolvidos no controle genético da resistência à mancha branca. Em estudo com famílias endogâmicas, Arnhold (2008) observou valor baixo de herdabilidade para este caráter (0,38).

2.6. Quantificação da doença

Atualmente, as doenças constituem um dos principais fatores limitantes da produtividade, causando grande preocupação nos agentes envolvidos no agronegócio da

cultura do milho no Brasil. Para estudos que envolvem resistência à fitopatógenos é muito importante conhecer as características de cada doença assim como quantificar a severidade de cada doença.

O uso de escalas diagramáticas tem um papel importante nos estudos de resistência, pois auxilia na padronização das avaliações visual feita por diferentes avaliadores, tornando a avaliação mais eficiente, evitando que o avaliador super ou subestime a real severidade. Escalas diagramáticas são representações ilustradas de uma série de plantas, folhas ou partes de plantas com sintomas das doenças em diferentes níveis de severidade (BERGAMIN FILHO; AMORIM, 1996).

A escala diagramática mais utilizada na cultura do milho para avaliar severidade das doenças é a escala da Agroceres (1996). Essa escala foi desenvolvida para quantificar a maioria das doenças foliares da cultura e as notas sugeridas representam percentuais de dano das doenças crescentes sobre a área foliar de toda planta.

Outras escalas diagramáticas específicas para uma determinada doença do milho foram desenvolvidas para melhorar a eficiência nas avaliações, quantificando os sintomas com precisão. Duas escalas diagramáticas foram desenvolvidas para quantificar a severidade da mancha branca (MALAGI et al., 2011; SACHS et al., 2011) e uma escala para quantificar a severidade de helmintosporiose (SANTOS et al., 2012).

2.7. Endogamia

De acordo com Cruz (2005) endogamia é definido como fenômeno que ocorre em decorrência do acasalamento entre indivíduos parentados. A endogamia em populações panmíticas como no milho em muitos casos é indesejável. Isto porque a endogamia conduz à homozigose e, nestas populações, existem genes recessivos deletérios que, quando em homozigose, causam prejuízos à fisiologia da planta, diminuindo o seu valor fenotípico (MIRANDA FILHO, 2001).

As causas genéticas que controlam a depressão por endogamia não são completamente conhecidas, porém existem algumas hipóteses para explicá-la. Uma dessas hipóteses está ligada ao fato de que os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominantes, e a segunda hipótese é o fato do heterozigoto ter um valor fenotípico maior que o homozigoto (CROW; KIMURA, 1970). Na primeira hipótese, a depressão por endogamia resultaria, então, da quebra da combinação ideal dos alelos que governam o caráter em estudo.

A teoria da dominância parcial preconiza que a existência de dominância entre alelos faz com que ocorram diferenças entre os valores fenotípicos de indivíduos homozigotos e heterozigotos, ressaltando que a depressão causada pela endogamia é proporcional ao grau de dominância, sendo maior para os locos com frequência intermediária (ALLARD, 1960; FALCONER, 1989).

Cornelius e Dudley (1974) observaram diferentes gerações de endogamia e relataram que, mesmo havendo um declínio gradual em quase todos os caracteres com o aumento da homozigose, as diferenças fenotípicas observadas após a quarta geração de autofecundação foram muito pequenas. No entanto, o mesmo não ocorre para produção, parecendo ser bastante afetada pela endogamia em qualquer grau de homozigose (GOOD; HALLAUER, 1977).

Em trabalhos realizados por Simon et al., (2004) e Scapim et al., (2006) com populações de milho pipoca, o caráter produção de grãos tem se mostrado o mais afetado pela endogamia. Rodrigues (2013) observou valores de depressão por endogamia entre 17,8 e 30,9% para produção de grãos em estudos com populações exóticas de milho. Para severidade do complexo de enfezamento, os autores Oliveira, Miranda Filho e Reis (2015) relataram valores de depressão por endogamia de 14,6, 19,2 e 26,8% em três populações semiexóticas.

A utilização de progênies endogâmicas justifica-se quando se trata de caracteres de baixa herdabilidade, pois a endogamia favorece um aumento na variância genética entre progênies (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987) e assim, possibilitando obter estimativas de parâmetros genéticos favoráveis no processo de seleção. Outro ponto favorável na utilização desse tipo de progênies é a possibilidade de se eliminar genes deletérios e, consequentemente, obter populações melhoradas com menor depressão por endogamia (HALLAUER; MIRANDA FILHO; CARENA, 2010).

Miranda Filho e Viégas (1987) salientaram que populações oriundas de linhagens endogâmicas ou que já passaram por alguma fase de endogamia são menos sensíveis aos efeitos da depressão provocados pelos genes deletérios.

Por meio da endogamia tem sido possível obter linhagens geneticamente uniformes em milho para a obtenção de híbridos altamente produtivos, pela restauração do vigor a partir de cruzamentos. As linhagens endogâmicas resistentes a doenças podem também ser utilizadas como fonte de resistência à fitopatógenos para produção de híbridos mais produtivos e com genes de resistência a doenças. Porém, a endogamia

não pode ser considerada um método de melhoramento, pois não altera as frequências gênicas e sim as genotípicas.

2.8. Correlações, análise de trilha e ganho genético

Um dos pontos importantes em programas de melhoramento é a escolha de métodos de seleção que favoreçam a identificação de genótipos superiores para obtenção de novos híbridos com várias características desejáveis, tais como, alta produtividade e resistência a fitopatógenos. A eficiência da seleção para caracteres que apresentam baixa herdabilidade e de difícil mensuração pode ser aumentada com a utilização de variáveis correlacionadas. Diante disto, o conhecimento das correlações entre as variáveis permite traçar estratégias alternativas no processo de melhoramento para que a obtenção de ganhos genéticos seja maximizada e mais eficiente com a utilização de caracteres de alta herdabilidade e fácil mensuração, obtendo ganho em vários caracteres, simultaneamente (FALCONER; MACKAY, 1996). A correlação é uma medida de intensidade de associação linear entre duas variáveis ou uma medida do grau de variação conjunta, que pode ser negativa ou positiva.

A correlação que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres é a fenotípica, sendo proveniente de causas genéticas e ambientais, porém só as genéticas envolvem uma associação de natureza herdável (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). De acordo com Falconer (1987), a principal causa de correlação genética é o pleiotropismo, no qual um mesmo gene influencia na expressão de mais de uma variável, embora ligações gênicas sejam uma causa de correlação transitória, especialmente em populações derivadas de cruzamento entre linhagens divergentes.

Estudos de correlações são empregados com frequência na cultura do milho, para identificação da magnitude de relação entre os caracteres de importância agronômica. Alguns trabalhos apontam correlações de elevada magnitude da severidade de doenças, altura de planta, altura de espiga, com a produtividade de grãos (BRITO et al., 2007; DUDIENAS et al., 2013; CABRAL, et al., 2016).

Apesar dos coeficientes de correlação serem de grande utilidade na quantificação da magnitude e direção das influências de fatores na determinação de caracteres complexos, não dão exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos destes fatores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Estudos sobre o desdobramento

do coeficiente de correlação são feitos pela análise de trilha, desenvolvida por Wright (1921 e 1923) e detalhada por Li (1975).

A análise de trilha consiste na quantificação dos efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas sobre uma variável básica, cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão em que as variáveis são previamente padronizadas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). O coeficiente de trilha é um método que analisa um sistema de múltiplas variáveis, relacionadas de modo linear e inclui todos os fatores básicos (causas) e suas variáveis resultantes (efeitos) (LI, 1956).

A partir dos estudos de correlações e seus desdobramentos é possível orientar de maneira mais efetiva o programa de melhoramento, predizer o sucesso do esquema seletivo adotado e decidir, com base científica, por técnicas alternativas que possam ser mais eficazes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

3. REFERÊNCIAS

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

ALBRECHT, B.; DUDLEY, J. W. Evaluation of four maize populations containing different proportions of exotic germplasma. **Crop Science**, Madison, v. 27, p. 480-486, 1987. <https://doi.org/10.2135/cropsci1987.0011183X002700030011x>

ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. New York: J. Wiley, 1960. 485 p.

AMARAL, A. L.; DE CARLI, M. L.; BARBOSA NETO, J. F.; DAL SOGLIO, F. K. *Phoma sorghina*, a new pathogen associated with *Phaeosphaeria* leaf spot on maize in Brazil. **Plant Pathology**, London, v. 53, p. 259, 2004. <https://doi.org/10.1111/j.0032-0862.2004.00988.x>

AMARAL, A. L.; DAL SOGLIO, F. K.; DE CARLI, M. L.; BARBOSA NETO, J. F. Pathogenic fungi causing symptoms similar to *Phaeosphaeria* Leaf Spot of maize in Brazil. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 89, p. 44-49, 2005. <https://doi.org/10.1094/PD-89-0044>

AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIM FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A. **Manual de Fitopatologia**: Doenças de plantas cultivadas. v. 2, 5 ed., São Paulo: Agronômica Ceres, 2016. 820 p.

ARNHOLD, E. Seleção para resistência a doenças foliares em famílias S1 de milho-pipoca. **Revista Ceres**. v. 55, n. 2, p. 89-93, 2008.

BALMER, E.; PEREIRA, O. A. P. Doenças do milho. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 2, p. 595-634.

BERGAMIN FILHO, A.; AMORIM, L. **Doenças de plantas tropicais**: epidemiologia e controle econômico. São Paulo: Agronômica Ceres, 1996. 289 p.

BIGOTO, C.A. **Estudo da população ESALQ-PB1 de milho (*Zea mays L.*) em ciclos de seleção recorrente**. 1988. 124 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1988.

BORÉM, A.; GIÚDICE, M. P. D. Cultivares transgênicos. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. **Tecnologia de produção de milho**. Viçosa: Editora UFV, 2012. cap. 3, p. 85-108.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: UFV, 2013. 523 p.

BRITO, A. H.; VON PINHO, R. G.; POZZA, E. A.; PEREIRA, J. L. A. R.; FARIA

FILHO, E. M. Efeito da cercosporiose no rendimento de híbridos comerciais de milho. **Fitopatologia Brasileira**. v. 32, p. 472-479, 2007. <https://doi.org/10.1590/S0100-41582007000600004>

BRITO, A. H.; DAVIDE, L. M. C.; PINHO, R. G. V.; CARVALHO, R. P.; REIS, M. C. Genetic control of resistance to gray leaf spot of maize in tropical germplasm. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v. 12, p. 145-150, 2012. <https://doi.org/10.1590/S1984-70332012000200008>

BRUNELLI, K. R.; SILVA, H. P.; CAMARGO, L. E. A. Mapeamento de genes de resistência quantitativa a *Puccinia polysora* em milho. **Fitopatologia Brasileira**. v. 27, p. 134-140, 2002.

CABRAL, P. D. S. et al. Relação causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. **Revista Ciência Agronômica**. v. 47, n.1, p. 108-117, 2016.

CARSON, M. L. A new gene in maize conferring the “chlorotic halo” reaction to infection by *Exserohilum turcicum*. **Plant Disease**. v. 79, p.717-720, 1995.

CARSON, M. L. Inheritance of resistance to *Phaeosphaeria* leaf spot of maize. **Plant Disease**. v. 85, n. 7, p.798-800, 2001. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2001.85.7.798>

COLOMBO, G. A.; VAZ-DE-MELO, A.; TAUBINGER, M.; TAVARES, R. C.; SILVA, R. R. Análise dialética para resistência a ferrugem polissora em milho em diferentes níveis de adubação fosfatada. **Bragantia**. v. 73, n. 1, p. 65-71, 2014. <https://doi.org/10.1590/brag.2014.002>

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, oitavo levantamento, maio 2018**. Brasília, 2018. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 15 maio, 2018.

CORNELIUS, P. L.; DUDLEY, J. W. Effects of inbreeding by selfing and full-sib mating in a maize population. **Crop Science**, Madison. v. 14, p. 801-819, 1974. <https://doi.org/10.2135/cropsci1974.0011183X001400060011x>

COTA, L. V.; COSTA, R. V.; SILVA, D. D. Manejo de doenças. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. **Milho: do plantio à colheita**. 1. ed. Viçosa: UFV, 2015. cap. 13, p. 294-322.

CROSSA. J. Theoretical considerations for the introgression of exotic germoplasm into adapted maize populations. **Maydica**, Bergamo, v. 34, p. 53-62, 1989.

CROW, J. F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics theory**. Minneapolis: Alpha Editions, 1970, 591 p.

CRUZ, C. D. **Princípios de Genética Quantitativa**. 1. ed., Viçosa: Ed. UFV. v. 1, 2005. 394 p.

CRUZ, J.C.; SILVA, G. H.; PEREIRA FILHO, I. A.; GONTIJO NETO, M. M.

MAGALHÃES, P. C. **Sistema de produção de milho safrinha de alta produtividade: Safras 2008 e 2009**. Sete Lagoas, Embrapa. 2011. 10 p. Circular Técnica 160.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Imprensa Universitária, 2012. 514 p.

DERERA, J. et al. Gene action controlling gray leaf spot resistance in Southern African Maize Germplasm. **Crop Science**. v. 48, p. 93-98, 2008.
<https://doi.org/10.2135/cropsci2007.04.0185>

DUDIENAS, C. et al. Severidade de ferrugem polissora em cultivares de milho e seu efeito na produtividade. **Summa Phytopathologica**. v. 39, n. 1, p. 16-23, 2013.
<https://doi.org/10.1590/S0100-54052013000100003>

EDWARDS, J. W.; LAMKEY, K. R. Quantitative genetics of inbreeding in a synthetic maize population. **Crop Science**, Madison. v. 42, p. 1094-1104, 2002.
<https://doi.org/10.2135/cropsci2002.1094>

EFRON, Y.; EVERETT, H. L. Evaluation of exotic germplasm for improving corn hybrids in northern United States. **Crop Science**, Madison, v. 9, p. 44-47, 1969.
<https://doi.org/10.2135/cropsci1969.0011183X000900010015x>

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa : Editora UFV, Imprensa Universitária. 1987. 279 p.

FALCONER D. S.; MACKAY T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**: theory and technique. 2. ed. New York: Macmillan Publishing Co., 1987. 536 p.

FERNADES, F. T.; BALMER, E. Situação das doenças de milho no Brasil. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 14, n. 165, p. 35-37, 1990.

FUTRELL, M. C. Puccinia polysora epidemics on maize associated with cropping practice and genetic homogeneity. **Phytopathology**. v. 65, p. 1040-1042, 1975.
<https://doi.org/10.1094/Phyto-65-1040>

GEADELMANN, J. L. Using exotic germplasm to improve Northern Corn. In: ANNUAL CORN SORGHUM RESEARCH CONFERENCE. 39th, 1984, Chicago. **Proceedings...** Washington, DC.: American Seed Trade Association, 1984. p. 98-110

GONÇALVES, R. M. et al. **Mancha foliar de *Phaeosphaeria* (mancha branca do milho): fungo ou bactéria?** Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2013. 36 p.

GOOD, R. L.; HALLAUER, A. R. Inbreeding depression in maize by selfing an full-sibbing. **Crop Science**, Madison, v. 17, p. 935-940, 1977.
<https://doi.org/10.2135/cropsci1977.0011183X001700060030x>

GOULAS, A. G.; LONNQUIST, J. H. Combined half-sib and S1 family selection in maize composite population. **Crop Science**, Madison, v. 16, p. 461-464, 1976.
<https://doi.org/10.2135/cropsci1976.0011183X001600040005x>

GRIFFING, B.; LINDSTROM, E. W. A study of the combining abilities of corn inbreds having varying proportions of Corn Belt and non Corn Belt germplasm. **Agronomy Journal**, Madison, v. 46, p. 545-552, 1954.
<https://doi.org/10.2134/agronj1954.00021962004600120004x>

GROMBACHER, A. W.; RUSSEL, W. A.; GUTHRIE, W. D. Effects of recurrent selection in two maize synthetics on agronomic trait of S₁ lines. **Maydica**, Bergamo, v. 34, p. 343-352, 1989.

GUIMARÃES, P. S. et al. Capacidade combinatória para resistência à mancha branca em linhagens endogâmicas de milho. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 35, n. 4, p. 282-287, 2009.

HALLAUER, A. R.; SEARS, J. H. Changes in quantitative traits associated with inbreeding in a synthetic variety of maize. **Crop Science**, Madison, v.13, p. 327-330, 1973. <https://doi.org/10.2135/cropsci1973.0011183X001300030012x>

HALLAUER, A. R. Potential of exotic germplasm for maize improvemet. In: WALDEN, D. B. **Maize breeding and genetics**. New York, John Wiley, 1978. p. 229-277.

HALLAUER, A. R. Breeding systems. In: CHRISTIE, B. R. **Handbook of plant science in agriculture**. Boca Raton: CRC Press, 1987. v. 1, p. 61-87.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p.

JULIATTI, F. C. **Manual de identificação e manejo das doenças do milho**. Uberlândia: UFU, 2016. 121 p.

KASSOUF, A. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Variabilidade e endogamia na população de milho ESALQ-PB1. In: CONGRESSO NACIONAL DEMILHO E SORGO, 15, 1984, Maceió. **Anais**. Brasília: EMBRAPA/DDT, 1986. p. 119-31.

KRAMER, H. H.; ULLSTRUP, A. J. Preliminary evaluation of exotic maize germplasm. **Agronomy Journal**, Madison, v. 51, p. 687-689, 1959.
<https://doi.org/10.2134/agronj1959.00021962005100110018x>

LOPES, M. T. G. et al. Controle genético da resistência à mancha-de-*Phaeosphaeria* em milho. **Ciência Rural**. v. 37, n. 3, p. 605-611, 2007. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782007000300001>

LONNQUIST, J. H. Consideration and experiences with recombinations of exotic and Corn Belt maize germplasms. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 29. , Chicago, 1974. **Proceedings**. Washington, American Seed Trade Association, 1974. p. 102-117.

MALAGI, G.; SANTOS, I.; CAMOCHENA, R. C.; MOCCELLIN, R. Elaboração e validação da escala diagramática para avaliação da mancha branca do milho. **Revista Ciência Agronômica**. v. 42, n. 3, p. 797-804, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000300028>

MÁRQUEZ SÁNCHEZ, F. The genetic improvement of resistance to the maize disease stunt and downy mildew in Nicaragua. **Revista Chapingo**, México, v. 7, n. 35/36, p. 26-27, 1982.

MENDES, U. C.; MIRANDA FILHO, J. B.; OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F. Heterosis and combining ability in crosses between two groups of open-pollinated maize populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v. 15, p. 235-243, 2015. <https://doi.org/10.1590/1984-70332015v15n4a40>

MENKIR, A.; AYODELE, M. Genetic analysis of resistance to gray leaf spot of midaltitude maize inbred lines. **Crop Science**. v. 45, p. 163-170, 2005. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.0803>

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho Híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, p. 277-340.

MIRANDA FILHO, J. B. Endogamia ou consanguinidade. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos & Melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 629-647.

NASS, L. L. **Variabilidade genética de populações semiexóticas de milho (*Zeamays* L.)**. 1992. 141 f. Tese (Doutorado), Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

NELSON, M. G. The use of exotic germplasm in practical corn breeding programs. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY – RESEARCH CONFERENCE, 27., Chicago. **Proceedings**. Washington: American Seed Trade Association, 1972. p. 115-118.

NIHEI, T. H.; FERREIRA, J. M. Análise dialética de linhagens de milho com ênfase na resistência a doenças foliares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 3, p. 369-377, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000300008>

OLIVEIRA, C. M.; MOLINA, R. M. S.; ALBRES, R. S.; LOPES, J. R. S. Disseminação de molicutes do milho a longas distâncias por *Daubulus maidis* (Hemiptera: Cicadellidae). **Fitopatologia Brasileira**. v. 27, p. 91-95, 2002a. <https://doi.org/10.1590/S0100-41582002000100015>

OLIVEIRA, E.; DUARTE, A.P.; CARVALHO, R.V.; OLIVEIRA, A.C. Molicutes e vírus na cultura do milho no Brasil: caracterização e fatores que afetam sua incidência. In: OLIVEIRA, E.; OLIVEIRA, C. M. (Ed.). **Doenças em milho**: molicutes, vírus, vetores, mancha por *Phaeosphaeria*. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo; Brasília: Embrapa Informações Tecnológicas, 2004. p. 17-34.

OLIVEIRA, E.; FERNANDES, F. T.; CASELA, C. R. PINTO, N. F. J. A.; FERREIRA, A. S. Diagnose e Controle de Doenças na Cultura do Milho. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. **Tecnologia de Produção do milho: Economia, Cultivares, Biotecnologia, Safrinha, Adubação, Quimigação, Doenças, Plantas Daninhas e Pragas.** Viçosa: UFV, 2004. cap.7.

OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F.; MIRANDA FILHO, J. B.; MENDES, U. C. RODRIGUES, L. O. Genetic variability and yield potential of three semiexotic maize (*Zea mays* L.) Populations variabilidade genética e potencial produtivo em três populações semiexóticas de milho (*Zea mays* L.). **Bioscience Journal.** v. 31, n. 6, p. 1609–1617, 2015. <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-28783>

OLIVEIRA, A. S.; MIRANDA FILHO, J. B.; REIS, E. F. Variability and inbreeding in semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Research.** v. 14, n. 1, p. 1184–1199, 2015. <https://doi.org/10.4238/2015.February.6.21>

ORGANIZAÇÃO DAS NAÇÕES UNIDAS PARA ALIMENTAÇÃO E AGRICULTURA. **FAOSTAT.** 2018. Disponível em: <<http://www.fao.org>>. Acesso em: 23 mar. 2018.

PACCOLA-MEIRELLES, L. D.; FERREIRA, A. S.; MEIRELLES, W. F.; MARRIEL, I. E.; CASELA, C. R. Detection of a bacterium associated with a leaf spot disease of maize in Brazil. **Journal of Phytopathology.** v. 49, p. 275-279, 2001. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0434.2001.00614.x>

PATERNANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho.** Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 217-274.

PATERNANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: UFV, 1999. 817 p.

PATERNANI, E.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. **O Valor dos Recursos Genéticos para o Brasil.** Paralelo 15, 2000. p. 136.

PINTO, R. M.; LIMA NETO, F. P; SOUZA JUNIOR, C. L. Estimativa do número apropriado de progêneres S₁ para a seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n.1, p. 63-73, 2000. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2000000100009>

RAMALHO, M. A. P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas.** 1977. 122 f. Dissertação (Genética e Melhoramento de Planta) – Escola Superior de Agricultura ‘Luís de Queiroz’, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.

REIS, E. M.; CASA, R. T. **Manual de identificação e controle de doenças de milho.** Passo Fundo: Aldeia Norte, 1996. 80 p.

RIBEIRO, R. M. et al. Hystory of northern corn leaf blight disease in the seventh cycle of recurrent selection of an UENF-14 popcorn population. **Acta Scientiarum**

Agronomy. v. 38, n. 4, p. 447-455, 2016.
<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.30573>

RISSI, R. **Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays L.*)** Piranão. 1980. 87 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1980.

RODRIGUES, L. O. **Variabilidade genética em quatro populações semiexóticas de milho.** 2013. 57 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2013.

RODRIGUEZ, O. A.; HALLAUER, A. R. Variation among full-sib families of corn for different generations of inbreeding. **Crop Science**, Madison, v. 31, p. 43-47, 1991.
<https://doi.org/10.2135/cropsci1991.0011183X003100010010x>

SACHS, P. J. D.; NEVES, C. S. V. J.; CANTERI, M. G.; SACHS, L. G. Escala diagramática para avaliação da severidade da mancha branca em milho. **Summa phytopathologica**. v. 37, n. 4, p. 202-204, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0100-54052011000400007>

SANTOS, M. X. **Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays L.*) para fins de melhoramento.** 1985. 186 f. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de planta) – Escola Superior de Agricultura ‘Luís de Queiroz’, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1985.

SCAPIM, C. A.; LUCCA E BACCINI, A.; PINTO, R. J. B.; AMARAL JUNIOR, A. T.; RODOVALHO, M. A.; SILVA, R. M.; MOTERLE, L. M. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho pipoca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 1, p. 36-41, 2006. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782006000100006>

SILVA, R.G.; GALVÃO, J.C.C.; MIRANDA, G.V.; OLIVEIRA, E. de. Controle genético da resistência aos enfezamentos do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 38, p. 921-928, 2003. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2003000800004>

SILVA, C. M.; MIRANDA FILHO, J. B.; MENDES, U. C.; REIS, E. F. Partial diallel crosses for predicting yield of semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 1-16, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16019544>

SILVEIRA, F. T.; MORO, J. R.; SILVA, H. P.; OLIVEIRA, J. A.; PERECIN, D. Herança da resistência ao enfezamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 12, p. 1717-1723, 2008. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008001200011>

SIMON, G. A.; SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; PINTO, R. J. B.; BRACCINI, A. L.; TONET, A. Depressão por endogamia em populações de milho pipoca. **Bragantia**, Campinas, v. 63, n. 1, p. 55-62, 2004. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052004000100006>

SPRAGUE, G. F. Quantitative genetics in plant improvement. In: FREY, K. J. **Plant**

breeding, Ames: Iowa State University Press, p. 315-347, 1966.
<https://doi.org/10.1146/annurev.py.18.090180.001051>

SPRAGUE, G. F. Germplasm resources of plants: their preservation and use. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 18, p. 147-165, 1980.

SOUZA, A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. OLIVEIRA, A. S.; PINTO, J. F. N.; SILVA, C. M.; REIS, E. F. Genetic variability and expected gain in three maize populations. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. v. 17, n. 1, p. 135-146, 2018.
<https://doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v17n1p135-146>

THOMPSON, D. L. Silage yield of exotic corn. **Agronomy Journal**, Madison, v. 60, p. 579-581, 1968. <https://doi.org/10.2134/agronj1968.00021962006000050043x>

UNITED STATES DEPARTAMENT OF AGRICULTURE. **USDA**. 2018. Disponível em: <<http://www.usda.gov>>. Acesso em: 15 mar. 2018.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J. B.; SOUZA JÚNIOR, C. L.; Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2nd, 1987, Raleigh. **Proceedings**. Sunderland: Sinauer Associates Press, 1988, p. 465-477.

VIVEK, B.; ODONGO, O.; NJUGUNA, J.; IMANYWOHA, J.; BIGIRWA, G.; DIALLO, A.; PIXLEY, K. Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of African maize (*Zea Mays L.*) inbred lines. **Euphytica**, v. 172, p. 329-340, 2010. <https://doi.org/10.1007/s10681-009-9993-5>

WAQUIL, J. M. Amostragem e abundância de cigarrinhas e danos de *Dalbulus maidis* (DeLong e Wolcott) (Homoptera: Cicadellidae) em plântulas de milho. **Anais da Sociedade Entomológica do Brasil**, v. 26, n. 1, p. 27-33, 1997.
<https://doi.org/10.1590/S0301-80591997000100004>

WEYHRICH, R. A.; LAMKEY, K.R. HALLAUER, A. R. Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, Madison, v. 38, p. 308-321, 1998a. <https://doi.org/10.2135/cropsci1998.0011183X003800020005x>

WEYHRICH, R. A.; LAMKEY, K. R. HALLAUER, A.R. Effective population size and response to S₁-Progeny selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, Madison, v. 38, p. 1149-1158, 1998b.
<https://doi.org/10.2135/cropsci1998.0011183X003800020005x>

YORINORI, J. T.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento de plantas visando resistência a doenças. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos & Melhoramento: Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT,

2001, cap. 23, p. 7

CAPÍTULO 2: VARIABILIDADE GENÉTICA E POTENCIAL PRODUTIVO DE TRÊS POPULAÇÕES EXÓTICAS DE MILHO EM CONDIÇÕES DE SAFRINHA

Resumo

A safrinha têm sido responsável por grande parte da evolução na cultura do milho no Brasil e o seu cultivo tornou-se hoje um dos grandes suportes da produção nacional deste cereal, mas muitos cultivares utilizados na semeadura da segunda safra não foram desenvolvidos para estas condições e por isso faz-se necessário o desenvolvimento de novos híbridos e variedades específicas para o cultivo em safrinha, visando o aumento da produtividade e assim atender a crescente demanda pelo produto. O objetivo do presente trabalho foi estimar a variabilidade genética e o potencial produtivo em três populações exóticas de milho em condições de safrinha, para fins de seleção recorrente. Os experimentos foram realizados na área experimental da Universidade Federal de Uberlândia, Fazenda Glória e na área experimental da Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, na safrinha 2015. Utilizaram-se famílias de irmãos germanos de três populações exóticas de milho (NAP5, NAP7 e NAP8). Foram utilizadas duas testemunhas, sendo uma suscetível e a outra resistente as principais doenças da cultura. Os experimentos foram realizados em delineamentos de blocos casualizados, com três repetições. Avaliaram-se os seguintes caracteres: AP – altura de planta (cm), AE – altura de espiga (cm), FM – florescimento masculino (número de dias), PQ – número de plantas quebradas, AC – número de plantas acamadas, PG – produtividade de grãos ($t\ ha^{-1}$). As três populações apresentaram médias de produtividade entre 1,96 (NAP5) e 5,22 (NAP8) $t\ ha^{-1}$, a NAP7 apresentou valores intermediários as duas populações; os valores de produtividade observados para as populações NAP7 e NAP8 foram considerados satisfatórios, visto que as populações não são totalmente adaptadas. A interação progênies por locais dos caracteres FM e PG foram significativas nas três populações avaliadas. As três populações apresentaram variabilidade genética para a maioria dos caracteres avaliados. A estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, considerando a hipótese 1 (ausência de variância genética de dominância) foi superior a 0,7 para os caracteres AP, AE, FM e PG. As três populações exóticas apresentaram potencial genético para serem utilizadas em programas de melhoramento direcionados para semeadura em condições de safrinha.

Palavras-chave: Famílias de irmãos germanos, interação G x A, parâmetros genéticos.

CHAPTER 2: GENETIC VARIABILITY AND PRODUCTIVE POTENTIAL OF THREE EXOTIC MAIZE POPULATIONS IN SECOND CROP CONDITIONS

Abstract

Second crop has been responsible for a large part of the evolution of maize in Brazil, and its cultivation has become one of the main supports of the national production of this cereal, but many cultivars used in the sowing of the second crop were not developed for these conditions and so it is necessary to develop new hybrids and specific varieties for the second crop, aiming to increase productivity and thus meet the growing demand for the product. The objective of the present work was to estimate the genetic variability and the productive potential in three exotic populations of maize in second crop conditions, for the purpose of recurrent selection. The experiments were carried out in the experimental area of the Federal University of Uberlândia, Fazenda Glória and in the experimental area of the Federal University of Goiás, Jataí Regional, in the 2015 second crop. German families of three exotic populations of maize (NAP5, NAP7 and NAP8) were used. Two controls were used, one susceptible and the other resistant to the main diseases of the culture. The experiments were carried out in randomized block designs with three replicates. The following characters were evaluated: PH - plant height (cm), CH - cob height (cm), MF- male flowering (number of days), BP - number of broken plants, BD - number of bedded plants, GY - grain yield ($t\ ha^{-1}$). The three populations had a mean of productivity between 1,96 (NAP5) and 5,22 (NAP8) $t\ ha^{-1}$, NAP7 presented intermediate values between the two populations; the productivity values observed for the NAP7 and NAP8 populations were considered satisfactory, since the populations are not fully adapted. The interaction progenies by sites of MF and GY were significant in the three populations evaluated. The three populations showed genetic variability for most of the evaluated characters. The estimation of the coefficient of heritability in the restricted sense, considering hypothesis 1 (absence of genetic variance of dominance) was superior to 0,7 for the characters PH, CH, MF and GY. The three exotic populations presented genetic potential to be used in breeding programs directed to sowing in the dry season.

Keywords: Families of Germanic brothers, interaction G x A, genetic parameters.

1. INTRODUÇÃO

O milho é uma cultura versátil e com ampla variabilidade genética que permite seu cultivo em todas as áreas agricultáveis do mundo. As condições edafoclimáticas do Brasil possibilita a semeadura do milho em duas épocas (safra e safrinha), fato que tem elevado a produção nacional do grão sem afetar o cultivo da soja. Devido a uma demanda crescente e como uma alternativa viável ao sistema de produção e de sucessão de culturas, o cultivo de milho safrinha cresceu acentuadamente nos últimos anos (GALVÃO; MIRANDA; FRITSCHE-NETO, 2014).

Além das mudanças ocorridas no sistema de cultivo do milho com o uso de tecnologias para aumentar a produtividade de grãos, também é importante que os programas de melhoramento genético desenvolvam genótipos para as condições específicas de safrinha, sendo importante avaliar e caracterizar populações que apresentam alta variabilidade genética e potencial produtivo para serem exploradas e assim obter híbridos e cultivares mais produtivas e com características agronômicas satisfatórias para o mercado.

Um dos pontos iniciais de um programa de melhoramento é a escolha do germoplasma, pois esta seleção deverá ser realizada de acordo com o objetivo do programa, podendo torná-lo mais eficiente e permitindo que ganhos genéticos sejam obtidos com o avanço das gerações. A utilização de germoplasma exótico tem sido uma boa estratégia para obter populações com ampla variabilidade genética e genes que proporcionam um aumento na produtividade e que conferem resistência a fatores bióticos e abióticos na cultura do milho, porém o uso destes germoplasmas não tem sido explorado por muitos programas de melhoramento genético (GOODMAN, 2005). Alguns autores demostram o potencial produtivo de populações exóticas e semiexóticas de milho avaliadas em condições de safrinha na região sudoeste de Goiás (RODRIGUES, 2013; OLIVEIRA et al., 2015; OLIVEIRA; MIRANDA FILHO; REIS, 2015; MENDES et al., 2015; SILVA et al., 2017).

O conhecimento das populações geradas assume um papel importante no processo de melhoramento genético. Para tal, a estimativa dos parâmetros genéticos, torna-se de grande relevância, pois possibilita a identificação da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos, avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção da base genética adequada nas populações. O estudo da interação genótipos

x ambientes é outro ponto importante a ser considerado, pois quando o germoplasma é avaliado somente em um ambiente, a variância genética está inflacionada pela interação G x A. Na análise conjunta, o componente da interação pode ser isolado (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012).

Com intuito de estudar o potencial agronômico de três populações exóticas de milho para utilização em programas de melhoramento genético com vistas à elevação do valor genético, o presente trabalho teve como objetivos: a) estimar a variabilidade genética em famílias de irmãos germanos de três populações exóticas de milho; b) avaliar o potencial produtivo das três populações exóticas de milho em condições de safrinha no Sudoeste de Goiás e no Triângulo Mineiro.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos no período de fevereiro a julho de 2015, (safrinha) em dois locais: na Região Sudeste de Goiás em Jataí, na área experimental da Universidade Federal de Goiás, à latitude 17° 52' 53" sul e à longitude 51° 42' 52" oeste, estando à altitude de 676 m; na Região do Triângulo Mineiro em Uberlândia, na área experimental da Universidade Federal de Uberlândia, Fazenda Glória, à latitude 18° 58' 52" sul e à longitude 48° 12' 24" oeste e uma altitude de aproximadamente 912 m.

2.1. Material genético

As populações de milho NAP5 (resistente à *Exerohilum turcicum*), NAP7 (resistente à *Physopella zaeae*) e NAP8 (resistente à *Pantoea ananatis*) foram originadas de um projeto de cooperação técnico-científico NAP-Milho (Núcleo de Apoio a Pesquisa Milho), criado pelo departamento de genética da ESALQ/USP com o objetivo de identificar fontes confiáveis de resistência às principais doenças foliares do milho. Para esse fim, foram envolvidas diversas instituições públicas (CNPMS/EMBRAPA, IAC - Instituto Agronômico de Campinas, IAPAR - Instituto Agronômico do Paraná, ESALQ-USP, CENARGEM/EMBRAPA) e privadas (empresas Zêneca Sementes, Sementes Colorado, FT Sementes, Sementes Agroceres).

No ano agrícola de 1994/1995 foram avaliados 1273 acessos do BAG (Banco Ativo de Germoplasma, CENARGEM/EMBRAPA) em treze locais nos estados de Goiás, Mato Grosso, São Paulo e Paraná. Foram realizadas avaliações visuais para resistência a cinco doenças foliares e feito à seleção exclusiva para cada fitopatógeno, sendo excluídos alguns acessos com padrão baixo de produtividade de grãos e arquitetura da planta. O número de acessos que entraram na composição de cada população foram 41 (NAP5), 34 (NAP7) e 46 (NAP8). Na formação de cada população foi tomada uma amostra isonumérica de sementes de cada acesso selecionado.

Os lotes foram semeados com isolamento na Estação Experimental de Anhembi, com polinização ao acaso. Depois da colheita, uma amostra aleatória de mil sementes foi tomada de cada população para semeadura do ciclo de recombinação. Dos lotes de recombinação, foram selecionadas cerca de 200 plantas de cada lote, que deram origem para as progêneres de meios-irmãos, assim iniciando o programa de seleção recorrente intrapopulacional. Essas populações são exóticas, originadas de vários países (Anexo A)

e informações mais detalhadas sobre estas populações foram relatadas por Mendes et al. (2015).

Para obtenção das progênies de irmãos germanos de cada população foram semeados três campos de cruzamento, constituído cada um por 500 sementes. A partir dos cruzamentos planta-a-planta foram obtidas 75, 100 e 70 progênies de irmãos germanos das populações NAP5, NAP7 e NAP8, respectivamente, para realizar os experimentos em Jataí-Goiás e Uberlândia-Minas Gerais.

2.2. Avaliação experimental

Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Cada parcela experimental foi constituída de uma fileira de plantas de milho com 4 metros de comprimento, espaçada em 0,9 metros. Após a realização do desbaste as parcelas ficaram com 20 plantas.

A cada dez tratamentos foram intercalados uma parcela com testemunha, sendo sempre intercalada uma testemunha resistente às principais doenças foliares no milho e depois uma testemunha suscetível. Em Uberlândia a testemunha resistente utilizada foi o híbrido AG8544 e em Jataí o híbrido AG7098 Pró, o híbrido P2530 foi utilizado nos dois locais como testemunha suscetível. O manejo agronômico dos experimentos nos dois ensaios foi feito conforme recomendações para a cultura do milho (FANCELLI; DOURADO-NETO, 2000).

Os caracteres avaliados foram: altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), número de plantas quebradas (PQ), número de plantas acamadas (AC), produtividade de grãos (PG) e número de plantas (NP). Porém, o número de plantas só foi utilizado para fazer correção no caráter produtividade de grãos para o número de planta ideal (20 plantas), através da metodologia de correção por covariância, sugerida por Miranda Filho (VENCovsky; BARRIGA, 1992). A partir das análises de variância e covariância para número de planta e produtividade de grãos, em blocos casualizados, estimou-se o coeficiente de regressão linear (b), obtido por $b = SP_{xy}/SQ_x$ sendo x o número de plantas e y a produtividade de grãos; SP_{xy} a soma de produtos residual de análise de covariância (número de planta x peso de grãos); SQ_x é a soma de quadrados residual da análise de variância para número de plantas.

A correção foi efetuada ao nível de totais de parcelas, ao invés de médias de tratamentos. Assim, o peso de campo corrigido (Pc) foi obtido do seguinte modo:

$P_c = P - b(x - 20)$, em que: P_c = peso corrigido de grãos; P = peso observado de grãos; b = coeficiente de regressão linear da produtividade de grãos, em relação às variações do número de plantas; x = número de plantas observado.

2.3. Análise de variância

A fim de avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres em cada local, realizaram-se as análises de variâncias conforme o modelo abaixo:

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

Em que:

Y_{ij} : observação do caráter na progênie “i”, no bloco “j”;

μ : média geral do caráter;

G_i : efeito aleatório da progênie “i”;

B_j : efeito aleatório do bloco “j”;

ε_{ij} : erro experimental associado à progênie “i” no bloco “j”.

O esquema da análise de variância individual para cada caráter, com as respectivas esperanças dos quadrados médios e teste F, está apresentado na tabela 1.

TABELA 1. Esquema da análise de variância e esperança matemática do quadrado médio para experimentos instalados em delineamento de blocos casualizados.

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)	F
Progênies	$g-1$	QMG	$\sigma^2 + r\sigma^2_g$	QMG/QME
Blocos	$b-1$	QMB	$\sigma^2 + g\sigma^2_b$	
Erro	$(g-1)(b-1)$	QME	σ^2	
Total	$(gb)-1$			

gl: graus de liberdade; QM:quadrado médio; E(QM): esperança matemática do quadrado médio

Após as análises de variâncias individuais, procedeu-se à análise de variância conjunta, considerando a existência de homogeneidade das variâncias pelos quadrados médios dos resíduos de acordo com Pimentel Gomes (2009) que considera que a razão entre o maior e o menor quadrado médio dos resíduos menor que sete é uma indicação para realização da análise conjunta. Os efeitos de progênies e ambiente foram considerados aleatórios, segundo o modelo:

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

Em que:

Y_{ijk} : observação do caráter da progênies “i”, no ambiente “j”, no bloco “k”;

B_k/A_j : efeito aleatório do bloco “k” dentro do ambiente “j”;

G_i : efeito aleatório da progênies “i”;

A_j : efeito aleatório do ambiente “j”;

GA_{ij} : efeito da interação G x A;

ε_{ijk} : erro aleatório associado à progênies “i”, no ambiente “j”, no bloco “k”.

Na tabela 2 está apresentado o esquema de análise de variância conjunta, com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios e teste F.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do Programa Computacional em Genética e Estatística-Programa Genes (CRUZ, 2016).

TABELA 2. Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios.

Fonte de variação	GL	QM	E(QM)	F
Blocos/Ambiente	(b-1)a	QMB	$\sigma^2 + g\sigma^2_b$	
Progênies	g-1	QMG	$\sigma^2 + r\sigma^2_{ga} + a\sigma^2_g$	QMG/QMGA
Ambiente	a-1	QMA	$\sigma^2 + r\sigma^2_{ga} + g\sigma^2_b + gr\sigma^2_a$	(QMA+QMR)/(QMB+QMGA)
G x A	(g-1)(a-1)	QMGA	$\sigma^2 + r\sigma^2_{ga}$	QMGA/QMR
Resíduo	(g-1)(b-1)a	QMR	σ^2	
Total	gra-1			

GL: graus de liberdade; QM:quadrado médio; E(QM): esperança matemática do quadrado médio.

2.4. Estimativas dos parâmetros genéticos

As estimativas de parâmetros estatísticos-genéticos foi realizada para os caracteres avaliadas de acordo com a metodologia descrita por Vencovsky e Barriga (1992), Nass et al. (2001) e Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), os estimadores estão apresentadas no Anexo 1B.

A variância genética entre progênies de irmãos germanos é expressa por $\sigma_p^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2$, sendo σ_A^2 e σ_D^2 as variâncias aditiva e dominante, respectivamente, definidas para a população base; assim sendo os componentes σ_A^2 e σ_D^2 não são estimáveis separadamente. Porém, tais estimativas podem ser obtidas considerando-se hipóteses sobre o valor relativo dos componentes. Os caracteres AP, AE, geralmente apresentam um baixo grau médio de dominância sendo as estimativas de $\phi = \sigma_D^2 / \sigma_A^2$ não superiores a 0,5 na maioria dos casos (HALLAUER; CARENA;

MIRANDA FILHO, 2010) portanto, nestes casos dois limites hipotéticos para a estimação dos componentes da variância genética podem ser usados, considerando as hipóteses $H_1: \sigma_D^2 = 0$ e $H_2: \sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$. Por outro lado as variáveis PG e FM expressa maior grau de dominância, sendo $\frac{1}{2} < \phi < 1$ na maioria dos casos (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; LIMA, 2006) e duas hipóteses realistas para caracteres dessa natureza podem ser $H_2: \sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$ e $H_3: \sigma_D^2 = \sigma_A^2$. Tais aproximações foram utilizadas por Nass (1992) e Rodrigues (2013). As fórmulas da variância genética aditiva e do coeficiente de herdabilidade estão apresentadas no Anexo C.

2.5. Dados meteorológicos

Os dados meteorológicos das duas áreas experimentais durante o período de fevereiro a julho de 2015 estão apresentados na figura 1, no Anexo 1C está apresentado mais detalhes dos dados meteorológicos.

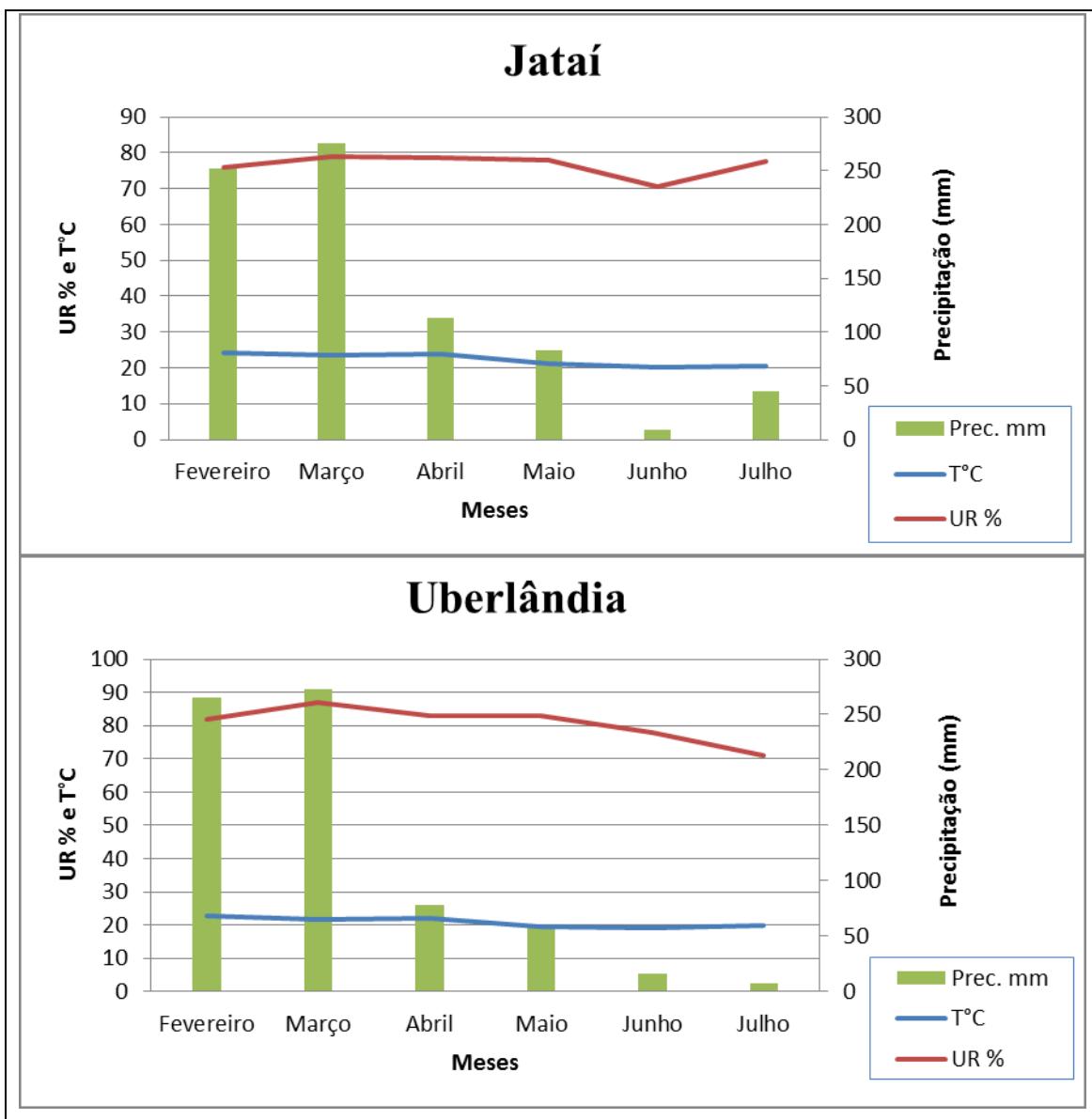


FIGURA 1. Temperatura média ($T^{\circ}\text{C}$), umidade relativa (UR %) e precipitação (Prec. mm) na área experimental da UFG/Reginal Jataí e na Fazenda Glória (UFU) em Uberlândia, na safra 2015. Fontes: Estação Meteorológica da UFG/Jataí e da Estação Meteorológica da UFU/Fazenda Glória.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Potencial das populações exóticas de milho para caracteres agronômicos

Os caracteres altura de planta (AP) e altura de espiga (AE) são de grande importância no melhoramento de milho, visto que plantas e espigas muito altas podem provocar quebramento e acamamento das plantas e consequentemente, perdas na produtividade de grãos, além de dificultarem a colheita mecanizada.

A população NAP5 apresentou médias de AP e AE satisfatórias com valores próximos aos observados pelos híbridos comerciais avaliadas no ensaio (Tabela 3). Já as populações NAP7 e NAP8 apresentaram médias altas em relação às testemunhas, sendo necessário realizar seleções para estes dois caracteres nas duas populações ou realizar cruzamentos com germoplasmas que propiciem uma redução destas características.

Estudo realizado com populações semiexóticas em condições de safrinha na região do Sudoeste Goiano apresentou médias similares (OLIVEIRA et al., 2015) aos observados neste trabalho para as variáveis AP e AE. Estudos com progêneres de irmãos germanos de populações exóticas de milho apresentaram médias similares a população NAP5 e inferiores a NAP7 e NAP8 (RODRIGUES, 2013).

Na safrinha, normalmente, as condições climáticas não são tão favoráveis como na safra, devido ao risco de veranico, menor luminosidade, baixas temperaturas entre outras condições desfavoráveis ao cultivo do milho. Por isso, é importante selecionar germoplasmas precoces com intuito de reduzir o ciclo da cultura e tentar amenizar os problemas com estresses bióticos e abióticos que a planta pode sofrer, afetando a sua produtividade final. Werle (2017) relata que observações do comportamento dos híbridos de milho plantados em regiões de safrinha demonstra que o ciclo do milho tem relevância no resultado final de produção.

A população NAP5 apresentou as menores médias de número de dias para o florescimento masculino (FM) em relação as duas populações exóticas e os híbridos avaliados nos dois locais. A média observada de FM para a população NAP7 foi similar às médias apresentadas pelas testemunhas. No ensaio de Uberlândia a média de FM observada para a população NAP8 foi de 66 dias; apesar desse valor ser maior que os valores apresentados pelos híbridos comerciais, é uma média aceitável dentro dos programas de melhoramento de milho, visto que a seleção de progêneres mais precoce poderá acarretar em uma redução no ciclo da população.

TABELA 3. Médias da população (m_0), valor superior (m_s), valor inferior (m_l), média da testemunha suscetível (m_{TS}), média da testemunha resistente (m_{TR}), porcentagem em relação a testemunha suscetível ($m\%_{TS}$), porcentagem em relação a testemunha resistentes ($m\%_{TR}$) e coeficiente de variação (CV%) para seis caracteres em famílias de irmãos germanos de três populações exóticas avaliadas em dois locais. Jataí e Uberlândia, 2015

		Altura de planta					
Parâmetro	População NAP 5		População NAP 7		População NAP 8		
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI	
m_0	194,5	191,1	243,2	228,6	266,2	229,9	
m_s	243,0	239,0	290,0	274,0	314,0	280,0	
m_l	123,0	121,0	243,2	159,0	174,0	164,0	
m_{TS}	181,0	181,0	203,3	208,0	179,0	206,0	
m_{TR}	199,0	198,0	222,0	216,0	236,0	208,0	
$m\%_{TS}$	107,5	105,6	119,6	109,9	148,7	111,6	
$m\%_{TR}$	97,7	96,5	109,5	105,8	112,8	110,5	
CV %	6,5	6,9	4,8	6,6	8,2	6,3	
		Altura de espiga (cm)					
Parâmetro	População NAP 5		População NAP 7		População NAP 8		
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI	
m_0	108,9	106,6	140,2	126,4	163,2	136,9	
m_s	150,0	151,0	182,0	178,0	200,0	185,0	
m_l	53,0	51,0	96,0	65,0	85,0	79,0	
m_{TS}	92,0	92,0	114,0	110,0	96,0	103,0	
m_{TR}	108,0	108,0	125,0	120,0	128,0	108,0	
$m\%_{TS}$	118,4	115,9	123,0	114,9	170,0	132,9	
$m\%_{TR}$	100,8	98,7	112,2	105,3	127,5	126,8	
CV %	9,3	9,6	6,7	10,0	10,6	9,1	
		Florescimento masculino (dias)					
Parâmetro	População NAP 5		População NAP 7		População NAP 8		
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI	
m_0	58	59	60	62	63	66	
m_s	68	67	65	67	68	73	
m_l	54	55	56	59	60	61	
m_{TS}	62	62	62	62	62	63	
m_{TR}	62	64	61	63	62	63	
$m\%_{TS}$	93,5	95,2	96,8	100	101,6	104,8	
$m\%_{TR}$	93,5	92,2	98,4	98,4	101,6	104,8	

“ ...Continua ... ”

CV %	3,2	2,1	2	2	2	2,2
Parâmetro	Produção (t ha ⁻¹)					
	População NAP 5		População NAP 7		População NAP 8	
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI
m_0	3,21	1,96	4,45	3,75	5,22	3,71
m_S	6,34	4,36	8,53	7,03	9,96	6,59
m_I	0,76	0,37	1,52	0,66	1,96	1,23
m_{TS}	1,11	1,24	0,68	1,43	0,78	1,03
m_{TR}	9,61	6,08	10,4	6,63	8,86	7,72
$m\%_{TS}$	289,2	158,1	654,4	262,2	669,2	360,2
$m\%_{TR}$	33,4	32,2	42,8	56,6	58,9	48,1
CV %	24,2	33,7	13,5	13,2	17,2	11,8
Número de plantas quebradas						
Parâmetro	População NAP 5		População NAP 7		População NAP 8	
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI
m_0	3,3	1,7	2,3	2,6	5	2
m_S	12	10	8	10	16	10
m_I	0	0	0	0	0	0
m_{TS}	2	0	3	2	3	1
m_{TR}	0	0	0	1	1	1
$m\%_{TS}$	165	-	76,7	130	166,7	200
$m\%_{TR}$	-	-	-	260	500	200
CV %	56,1	98,4	62,7	73,4	56,2	79
Número de plantas acamadas						
Parâmetro	População NAP 5		População NAP 7		População NAP 8	
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI
m_0	5,5	2,5	7,8	4	6,3	3,2
m_S	14	14	17	13	16	14
m_I	0	0	0	0	0	0
m_{TS}	3	1	3	2	4	1
m_{TR}	0	0	0	1	0	0
$m\%_{TS}$	183,3	250	260	200	157,5	320
$m\%_{TR}$	-	-	-	400	-	-
CV %	47,1	95,6	34,8	69	48	80,9

- : valores não estimados

Verificou-se para as três populações menor ciclo vegetativo quando cultivados em Jataí, comparativamente em Uberlândia. As condições ambientais exercem alta influência no caráter FM, pois o número de dias para a ocorrência da inflorescência masculina é função da soma térmica obtida por meio do somatório das temperaturas da

semeadura ao início do florescimento (RUSSELL; STUBER, 1985). Pode-se observar que em Jataí as temperaturas durante os períodos vegetativos e da florescência das plantas foram superiores as de Uberlândia, fazendo com que as progêneres florescessem em menos dias no ensaio avaliado em Jataí.

Em relação aos caracteres número de plantas quebradas (PQ) e acamadas (AC) as médias variam de 1,7 (NAP5-Uberlândia) a 5,0 (NAP8-Jataí) e 2,5 (NAP5-Jataí) a 7,8 (NAP7-Jataí), respectivamente. Os valores observados nas três populações são considerados altos quando comparados com o híbrido AG7098 Pró, que teve valor máximo de 1 para PQ e/ou AC. No entanto, é importante ressaltar que esta testemunha é um híbrido comercial e as populações exóticas estão em processo inicial de melhoramento, podendo selecionar progêneres com maior resistência ao acamamento e quebramento de colmo e assim minimizar as perdas na colheita.

As variáveis PQ e AC são caracteres relevantes a ser consideradas no melhoramento, visto que elas afetam diretamente a produtividade de grãos, pois a maior parte das colheitas realizadas nas lavouras é feita por colhedoras mecânicas e as mesmas não conseguem colher espigas caídas, reduzindo assim a produtividade da área. Também é importante considerar que esses caracteres podem causar a ruptura dos tecidos, interrompendo a vascularização do colmo e impedindo a recuperação da planta, assim o transporte de água e nutriente é afetado e compromete a produção e qualidade dos grãos (ZANATTA; OERLECKE, 1991).

Em Jataí as populações NAP5, NAP7 e NAP8 apresentaram médias de produtividade ($t\ ha^{-1}$) de 3,21, 4,45 e 5,22, respectivamente. Já em Uberlândia as médias observadas foram de 1,96, 3,75 e 3,71 para NAP5, NAP7 e NAP8, respectivamente. Nos ensaios avaliados em Jataí das três populações foram observadas progêneres de irmãos germanos com produtividade de 6,34 (NAP5), 8,53 (NAP7) e 9,96 (NAP8), indicando o potencial produtivo das mesmas e um possível ganho genético com a seleção de progêneres mais produtivas.

Várias populações exóticas e semiexóticas avaliadas na região do sudoeste goiano apresentaram um bom potencial produtivo (RODRIGUES, 2013; OLIVEIRA et al., 2015a; MENDES et al., 2015; SOUZA et al., 2018; SILVA et al., 2017).

O híbrido P2530 produziu 0,68 a 1,24 $t\ ha^{-1}$, enquanto os híbridos AG8544 e AG7098 Pró produziram entre 6,08 a 10,4 $t\ ha^{-1}$. As produtividades observadas nas três

populações exóticas foram superiores ao híbrido P2530, este resultado pode ser um indicativo de superioridade das progêniess em relação a este híbrido quanto à resistência aos fitopatógenos, pois a baixa produtividade do híbrido pode estar relacionada a suscetibilidade aos principais fitopatógenos da cultura do milho. A suscetibilidade do híbrido P2530 foi comprovada e os resultados estão apresentados no capítulo 3 na tabela 10.

As populações NAP7 e NAP8 apresentaram produtividades que correspondem a valores superiores a 50% da produção de grãos observadas nos híbridos AG8544 e AG7098 Pró. Nass e Paterniani (2000) relatam que populações com desempenho superior a 50% quanto às testemunhas, tem potencial para que sejam aproveitadas em programas de melhoramento. Considerando que esses híbridos são comerciais e de alta tecnologia implantada na semente, as populações NAP7 e NAP8 apresentaram um excelente potencial produtivo para serem exploradas em programas de melhoramento genético de milho.

De acordo com a classificação para coeficientes de variação experimental para a cultura do milho proposta por Scapim, Carvalho e Cruz (1995), os dois ensaios apresentaram valores que indicam uma boa precisão experimental para a maioria dos caracteres avaliados, com exceção dos valores estimados para PQ e AC, que apresentaram valores superiores a 34%. Estes resultados são devido aos dois caracteres sofrerem muita influência ambiental e são fatores que não podem ser controlados. Portanto, altos valores de coeficiente de variação para PQ e AC são aceitos e não comprometem a precisão experimental.

3.2. Análise de variância

3.2.1. Análise individual

O sucesso no processo seletivo depende da existência de variância genética para os caracteres alvos do programa de melhoramento. No ensaio avaliado em Jataí, constatou-se variância genética entre as progêniess de irmãos germanos para todos os caracteres estudados nas diferentes populações, exceto para AP, PQ e AC que não foi significativa para população NAP8 (Tabela 4). Em Uberlândia, somente o caráter AC na população NAP8 que não apresentou variabilidade genética (Tabela 5).

TABELA 4. Quadrados médios da análise da variância de caracteres da planta em progênies de irmãos germanos de três populações exóticas de milho. Jataí (GO), 2015

Fonte	⁽¹⁾ g.l.	^{£, (2)} AP	^{£, (2)} AE	[£] FM	[£] PQ	[£] AC	^{£, (2)} PG
População NAP-5							
Repetições	2	109,212	46,456	15,018	33,640	36,431	12,534
Progênies	74	6,470**	5,554**	16,716**	6,802**	13,056**	6,134**
Erro	148	1,592	1,024	3,536	3,361	6,778	1,278
População NAP-7							
Repetições	2	3,786	1,400	23,373	12,010	16,930	1,524
Progênies	99	8,098**	5,802**	6,129**	4,973**	11,934**	10,954**
Erro	198	1,350	0,884	1,377	2,131	7,334	1,176
População NAP-8							
Repetições	2	26,722	24,085	0,700	6,605	54,648	6,037
Progênies	69	5,955 ^{NS}	4,384*	7,609**	7,734 ^{NS}	7,552 ^{NS}	15,079**
Erro	138	4,744	2,999	1,637	7,885	9,087	2,603

[£]: AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); FM: florescimento masculino (dias); PQ: plantas quebradas; AC: plantas acamadas; PG: produtividade de grãos (g planta⁻¹) corrigidos para número de plantas;

⁽¹⁾: graus de liberdade.

⁽²⁾: valores de variâncias divididos por 10².

**, *, ^{NS}: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

TABELA 5. Quadrados médios da análise da variância de caracteres da planta em progênies de irmãos germanos de três populações de milho. Uberlândia, 2015

Fonte	⁽¹⁾ g.l.	^{τ, (2)} AP	^{τ, (2)} AE	^τ FM	^τ PQ	^τ AC	^{τ, (2)} PG
População NAP-5							
Repetições	2	55,537	43,705	3,951	37,884	128,858	0,143
Progênies	74	7,230**	6,117**	15,976**	4,797**	9,165**	4,160**
Erro	148	1,720	1,057	1,510	2,844	5,664	1,419
População NAP-7							
Repetições	2	7,031	3,474	10,360	24,663	19,773	2,014
Progênies	99	6,931**	6,229**	6,331**	4,931*	11,634**	8,855**
Erro	198	2,255	1,592	1,549	3,721	7,719	0,786
População NAP-8							
Repetições	2	60,729	31,032	44,776	88,457	171,957	1,188
Progênies	69	13,137**	8,425**	23,282**	3,777*	7,855 ^{NS}	9,397**
Erro	138	2,125	1,537	2,081	2,602	6,764	0,616

^τ: AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); FM: florescimento masculino (dias); PQ: plantas quebradas; AC: plantas acamadas; PG: produtividade de grãos (g planta⁻¹) corrigidos para número de plantas;

⁽¹⁾: graus de liberdade.

⁽²⁾: valores de variâncias divididos 10².

**, *, ^{NS}: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

3.2.2. Análise conjunta

Pelas análises de variâncias individuais observou-se que a relação entre o maior e o menor valor de QM_{Erro} foi de 4,23 indicando que as variâncias do erro experimental podem ser consideradas homogêneas (PIMENTEL GOMES, 2009), permitindo então que os experimentos de cada população sejam analisados de forma conjunta.

As análises conjuntas para população NAP5 confirmaram a alta variabilidade genética para os caracteres FM, PQ e PG (Tabela 6). A fonte de variação, devido às progênies (P), aos locais (L) e a interação progênies x locais (P x L), foram significativos para essas três variáveis. Isso sugere que as progênies apresentaram comportamento diferenciado em virtude das variações ambientais. Em relação à população NAP7 os caracteres FM e PG apresentaram variabilidade genética. A fonte da interação progênies x locais foi significativa para as duas variáveis. A população NAP8 apresentou variabilidade genética para os caracteres AP, AE, FM e PG. Não foi realizada análise conjunta da variável AC na população NAP8, devido a população não apresentar variabilidade genética para este caráter em nenhuma das análises individuais.

A avaliação da interação progênies x locais torna-se de grande importância no melhoramento, pois, no caso de sua existência, há possibilidades de a melhor progênie em um local, não ser em outro, este fato influencia o ganho de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Devido à relevância desta interação, diversos autores têm estudado a magnitude e significância da interação progênies x locais em diversas populações de milho (FALUBA, et al., 2010; STORCK; CARGNELUTTI FILHO; GUADAGNIN, 2014).

Os coeficientes de variação experimental estimados para as análises conjuntas indicam uma boa precisão experimental para todos os caracteres estudados nas diferentes populações, exceto para os caracteres PQ e AC que são muito influenciados por fatores ambientais e que não podem ser controlados.

TABELA 6. Quadrados médios da análise conjunta de caracteres da planta em progênies de irmãos germanos de três populações de milho. Jataí e Uberlândia, 2015

Fonte	⁽¹⁾ g.l.	^{τ, (2)} AP	^{τ, (2)} AE	^τ FM	^τ PQ	^τ AC	^{τ, (2)} PG
População NAP-5							
Repetições	4	82,375	45,080	9,484	35,762	82,644	6,338
Progênies (P)	74	13,227 ^{**}	11,393 ^{**}	28,969 ^{**}	7,111 [*]	16,637 ^{**}	7,725 ^{**}
Local (L)	1	13,005 ^{NS}	6,055 ^{NS}	101,77 [*]	286,40 [*]	1036,6 [*]	442,432 ^{**}
P x L	74	0,473 ^{NS}	0,278 ^{NS}	3,724 [*]	4,488 [*]	5,584 ^{NS}	2,569 ^{**}
Erro	296	1,656	1,041	2,523	3,102	6,221	1,349
CVe (%)		6,7	9,5	2,7	71,3	62,3	25,7
População NAP-7							
Repetições	4	5,409	2,437	16,867	18,337	18,352	1,769
Progênies (P)	99	14,376 ^{**}	11,568 ^{**}	10,063 ^{**}	6,804 ^{**}	15,671 ^{**}	12,627 ^{**}
Local (L)	1	322,373 ^{**}	288,565 ^{**}	761,63 ^{**}	13,20 ^{NS}	2113,1 ^{**}	240,667 ^{NS}
P x L	99	0,653 ^{NS}	0,463 ^{NS}	2,398 ^{**}	3,101 ^{NS}	7,898 ^{NS}	7,183 ^{**}
Erro	396	1,803	1,238	1,463	2,926	7,527	0,981
CVe (%)		5,7	8,4	2,0	69,0	46,5	13,4
População NAP-8							
Repetições	4	43,726	27,558	22,738	47,531	-	3,613
Progênies (P)	69	13,869 ^{**}	9,661 ^{**}	18,611 [*]	6,235 ^{NS}	-	15,508 [*]
Local (L)	1	1387,934 ^{**}	727,327 ^{**}	1002,9 ^{**}	915,2 ^{**}	-	771,944 ^{**}
P x L	69	5,222 [*]	3,147 [*]	12,280 ^{**}	5,277 ^{NS}	-	8,968 ^{**}
Erro	276	3,434	2,268	1,859	5,244	-	1,609
CVe (%)		7,5	10,0	2,1	65,1	59,3	15,8

^τ: AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); FM: florescimento masculino (dias); PQ: plantas quebradas; AC: plantas acamadas; PG: produtividade de grãos (g planta⁻¹) corrigidos para número de plantas;

⁽¹⁾: graus de liberdade.

⁽²⁾: valores de variâncias divididos por 10².

**. *. NS: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

3.3. Parâmetros genéticos de caracteres agronômicos

As estimativas de parâmetros estatístico-genéticos foram estimadas para todos os caracteres com base nas análises de variâncias individuais e conjuntas para as três populações exóticas e as magnitudes dos valores estão apresentadas nas tabelas 7, 8 e 9. As estimativas só foram obtidas para os caracteres que apresentaram variabilidade genética.

3.3.1. Potencial genético de populações exóticas de milho

Quando se considera a avaliação somente em um local, a variância fenotípica é o resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e ambiental, sendo que os efeitos

genéticos são decompostos em variância genética aditiva, dominante e epistática, sendo esta última desconsiderada na maioria dos estudos, devido à dificuldade de estimação da mesma (BORÉM; MIRANDA, 2017). No entanto, quando se considera dois ou mais ambientes é importante ressaltar que além do efeito genético e ambiental, também se tem na decomposição da variância fenotípica a interação genótipo x ambiente.

A variância genética aditiva é o componente mais importante no melhoramento genético, uma vez que é a principal causa da semelhança entre parentes e, por conseguinte, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta à seleção (FALCONER; MACKAY 1996).

A variabilidade genética aditiva estimada para as três populações exóticas em estudo variaram de acordo com as hipóteses utilizadas para cada caráter e de acordo com o local avaliado (Tabelas 7 e 8). Nos experimentos avaliados em Jataí, a população NAP5 apresentou variabilidade genética aditiva superior as outras duas populações para os caracteres FM, PQ e AC. Consequentemente, os ganhos genéticos com a seleção de progêneres que apresentaram as menores médias para estes caracteres serão superiores na população NAP5, visto que as menores médias para os caracteres FM e AC também foram observadas nesta população. Em Uberlândia a população NAP8 apresentou as maiores estimativas de variância genética aditiva para os caracteres AP, AE, FM e PG.

Todos os caracteres avaliados neste estudo são de relevância no programa de melhoramento genético, mas o principal objetivo de todos os melhoristas é selecionar genótipos mais produtivos, sendo, portanto, o caráter de maior importância dentro dos programas de melhoramento. A população NAP8 foi a que apresentou as maiores estimativas de variância genética aditiva para o caráter PG. Este resultado indica uma maior possibilidade de ganho genético com a seleção de progêneres mais produtivas. As médias de produtividade observadas, aliadas a existência de variabilidade genética na população NAP8 são indicativos do potencial agronômico e genético desta população para ser explorada em programas de seleção recorrente.

As estimativas de variância genética aditiva apresentadas para o caráter PG nas populações NAP5 e NAP7 foram similares aos valores encontrados por alguns trabalhos com populações exóticas e semieatóticas (RODRIGUES, 2013; OLIVEIRA et al., 2015; SOUZA et al., 2018), porém os valores da população NAP8 estimados para o experimento em Jataí foram superiores aos trabalhos citados.

TABELA 7. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica (σ_G^2), das variâncias genética aditiva ($\sigma_{A1}^2, \sigma_{A2}^2, \sigma_{A3}^2$), das herdabilidades com base em média de famílias ($h_{r1}^2, h_{r2}^2, h_{r3}^2$) e do índice de variação (θ) para seis caracteres em progêneres de irmãos germanos de três populações exóticas. Jataí, 2015

Estimativas	* Caracteres					
	AP	AE	FM	PQ	AC	PG
População NAP5						
σ_F^2	215,7	185,1	5,57	2,27	4,35	204,6
σ_G^2	162,6	151,0	4,39	1,15	2,09	161,7
σ_{A1}^2	325,2	302,0	8,78	2,30	4,18	323,4
σ_{A2}^2	260,2	241,6	7,02	1,84	3,34	258,7
σ_{A3}^2	216,8	201,3	5,85	1,53	2,79	215,6
h_{r1}^2	0,75	0,82	0,79	0,51	0,48	0,79
h_{r2}^2	0,60	0,65	0,63	0,41	0,38	0,63
h_{r3}^2	0,50	0,54	0,53	0,34	0,32	0,53
Θ	1,01	1,21	1,11	0,58	0,56	1,21
População NAP7						
σ_F^2	269,9	193,4	2,04	1,66	3,98	365,1
σ_G^2	224,9	163,9	1,58	0,95	1,53	325,9
σ_{A1}^2	449,8	327,8	3,20	1,80	3,00	651,8
σ_{A2}^2	359,8	262,2	2,56	1,44	2,40	521,4
σ_{A3}^2	300,0	218,5	2,13	1,20	2,00	434,5
h_{r1}^2	0,83	0,85	0,78	0,57	0,39	0,89
h_{r2}^2	0,67	0,68	0,63	0,43	0,30	0,71
h_{r3}^2	0,56	0,56	0,52	0,36	0,25	0,60
Θ	1,29	1,36	1,07	0,67	0,46	1,66
População NAP8						
σ_F^2	-	146,1	2,54	-	-	502,6
σ_G^2	-	46,1	1,99	-	-	415,9
σ_{A1}^2	-	92,2	4,00	-	-	831,8
σ_{A2}^2	-	73,8	3,20	-	-	665,4
σ_{A3}^2	-	61,5	2,67	-	-	554,5
h_{r1}^2	-	0,32	0,78	-	-	0,83
h_{r2}^2	-	0,25	0,63	-	-	0,66
h_{r3}^2	-	0,21	0,53	-	-	0,55
Θ	-	0,39	1,10	-	-	1,26

* Caracteres – AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); FM: florescimento masculino (dias); PQ: número de plantas quebradas; AC: número de plantas acamadas; PG: produtividade de grãos (g planta⁻¹);

-: valores não estimados.

TABELA 8. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica entre FIG (σ_G^2), das variâncias genética aditiva (σ_{A1}^2 , σ_{A2}^2 , σ_{A3}^2), das herdabilidades com base em média de progênies (h_{r1}^2 , h_{r2}^2 , h_{r3}^2) e do índice de variação (θ) para seis caracteres em progênies de irmãos germanos de três populações exóticas. Uberlândia, 2015

Estimativas	* Caracteres					
	AP	AE	FM	PQ	AC	PG
População NAP5						
σ_F^2	241,0	203,9	5,32	1,60	3,05	138,7
σ_G^2	183,7	168,7	4,82	0,65	1,17	91,4
σ_{A1}^2	367,4	337,4	9,64	1,30	2,34	182,8
σ_{A2}^2	293,9	269,9	7,71	1,04	1,87	146,2
σ_{A3}^2	244,9	224,9	6,43	0,87	1,56	121,9
h_{r1}^2	0,76	0,83	0,91	0,41	0,38	0,66
h_{r2}^2	0,61	0,66	0,72	0,33	0,31	0,53
h_{r3}^2	0,51	0,55	0,60	0,27	0,26	0,44
Θ	1,03	1,26	1,79	0,48	0,45	0,80
População NAP7						
σ_F^2	231,0	207,6	2,11	1,64	3,88	295,2
σ_G^2	155,8	154,5	1,59	0,40	1,30	269,0
σ_{A1}^2	311,6	309,0	3,20	0,80	2,60	538,0
σ_{A2}^2	249,3	247,2	3,20	0,64	2,08	430,4
σ_{A3}^2	207,7	206,0	2,13	0,53	1,73	358,7
h_{r1}^2	0,67	0,74	0,75	0,25	0,34	0,91
h_{r2}^2	0,54	0,60	0,61	0,19	0,27	0,73
h_{r3}^2	0,45	0,50	0,51	0,16	0,22	0,61
Θ	0,83	0,99	1,01	0,33	0,41	1,85
População NAP8						
σ_F^2	437,9	280,8	7,76	1,26	-	313,3
σ_G^2	367,1	229,6	7,06	0,39	-	292,7
σ_{A1}^2	734,2	459,2	14,2	0,80	-	585,4
σ_{A2}^2	587,4	367,4	11,4	0,64	-	468,3
σ_{A3}^2	489,5	306,1	9,47	0,53	-	390,3
h_{r1}^2	0,84	0,82	0,91	0,31	-	0,93
h_{r2}^2	0,67	0,65	0,73	0,25	-	0,75
h_{r3}^2	0,56	0,55	0,61	0,21	-	0,62
Θ	1,31	1,22	1,84	0,39	-	2,18

* Caracteres – AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); FM: florescimento masculino (dias); PQ: número de plantas quebradas; AC: número de plantas acamadas; PG: peso de grãos (g planta⁻¹); -: valores não estimados.

O estudo da variabilidade genética considerando mais de um ambiente é de extrema importância no melhoramento genético, porque fornece informações ao melhorista que possibilita maximizar os ganhos para uma série de ambientes (CRUZ;

REGAZZI; CARNEIRO, 2012). No presente estudo pretende-se selecionar progêneres de irmãos germanos para a formação de uma população com adaptação aos dois locais avaliados. Assim, foi realizada uma análise dos parâmetros genéticos obtidos a partir das estimativas na média de ambientes.

As estimativas da variância da interação progêneres por locais para produção de grãos foram de 40,68, 206,72 e 245,31 (g planta⁻¹)² para as populações NAP5, NAP7 e NAP8, respectivamente (Tabela 9). Na população NAP5 a estimativa correspondeu a 47% da variância genética, indicando que o efeito genético é a principal causa da interação significativa. Para as outras duas populações o efeito do ambiente foi superior em relação ao efeito genético.

A partir das estimativas de variância genética e da interação progêneres x locais, as três populações semiexóticas em estudo apresentam potencial agronômico e genético para serem exploradas em programas de melhoramento com finalidade de desenvolver genótipos para o cultivo de safrinha na região do Triângulo Mineiro e Sudoeste de Goiás.

TABELA 9. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica entre FIG (σ_G^2), da variância da interação (σ_{GxA}^2), das variâncias genética aditiva (σ_{A1}^2 , σ_{A2}^2 , σ_{A3}^2), das herdabilidades com base em média de famílias (h_{r1}^2 , h_{r2}^2 , h_{r3}^2) e do índice de variação (Θ) para seis caracteres em famílias de irmãos germanos de três populações exóticas para análise conjunta. Jataí e Uberlândia, 2015

Estimativas	AP	AE	* Caracteres			
			FM	PQ	AC	PG
População NAP5						
σ_F^2	-	-	4,83	1,19	-	128,74
σ_G^2	-	-	4,21	0,43	-	85,93
σ_{GxA}^2	-	-	0,40	0,46	-	40,68
σ_{A1}^2	-	-	-	0,86	-	-
σ_{A2}^2	-	-	6,74	0,69	-	137,49
σ_{A3}^2	-	-	5,61	0,57	-	114,57
h_{r1}^2	-	-	-	0,37	-	-
h_{r2}^2	-	-	0,70	0,29	-	0,53
h_{r3}^2	-	-	0,59	0,24	-	0,44
Θ	-	-	1,29	0,38	-	0,80
População NAP7						
σ_F^2	-	-	1,68	-	-	210,44
σ_G^2	-	-	1,28	-	-	90,73
σ_{GxA}^2	-	-	0,31	-	-	206,72
σ_{A1}^2	-	-	-	-	-	-

σ_{A2}^2	-	-	2,05	-	-	145,17
σ_{A3}^2	-	-	1,70	-	-	120,67
h_{r1}^2	-	-	-	-	-	-
h_{r2}^2	-	-	0,61	-	-	0,35
h_{r3}^2	-	-	0,51	-	-	0,29
Θ	-	-	0,93	-	-	0,96
População NAP8						
σ_F^2	231,16	161,01	3,10	-	-	258,46
σ_G^2	144,12	108,56	1,06	-	-	108,98
σ_{GxA}^2	59,59	29,30	3,47	-	-	245,31
σ_{A1}^2	288,24	217,12	-	-	-	-
σ_{A2}^2	230,59	173,70	1,70	-	-	174,37
σ_{A3}^2	191,68	144,39	1,41	-	-	144,94
h_{r1}^2	0,62	0,67	-	-	-	-
h_{r2}^2	0,50	0,54	0,27	-	-	0,34
h_{r3}^2	0,42	0,45	0,23	-	-	0,28
Θ	0,64	0,69	0,75	-	-	0,82

* Caracteres – AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); FM: florescimento masculino (dias); PQ: número de plantas quebradas; AC: número de plantas acamadas; PG: peso de grãos (g planta⁻¹); -: valores não estimados.

3.3.2. Herdabilidade e índice de variação

A herdabilidade no sentido restrito é mais útil, uma vez que quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração e quanto maior for o seu valor maior será o ganho genético com a seleção (BORÉM; MIRANDA, 2013).

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito considerando a hipótese 2 foram superiores a 0,50 para a maioria dos caracteres avaliados nas três populações exóticas em ambos os locais. Este resultado indica que o efeito genético é a principal causa da variabilidade apresentada pelas populações, podendo se obter ganhos genéticos satisfatórios com o processo seletivo de progêneres superiores.

De acordo com os valores de herdabilidade observados para o caráter PG na população NAP5 a possibilidade de ganho genético será maior em Jataí, enquanto que para a população NAP8 a expectativa de ganho será maior em Uberlândia, devido as estimativas de herdabilidade apresentadas por estas populações serem maiores nos locais citados. Para a população NAP7 os valores observados foram similares para os dois locais. No entanto, as médias de produtividade observadas para as progêneres que serão selecionadas podem influenciar as estimativas de ganho genético.

Os valores de coeficiente de herdabilidade para o caráter PG foram superiores aos encontrados pelos autores Lima Neto e Souza Júnior (2009) em famílias de irmãos germanos e similares aos valores encontrados por Rodrigues (2013) em famílias de irmãos germanos.

A estimativa da herdabilidade no sentido restrito para média dos dois locais variou de 0,34 para FM (NAP8) a 0,87 para FM (NAP5). Para o caráter PG a população NAP5 foi a que apresentou a maior estimativa (0,53), sendo considerado um valor médio de herdabilidade. A estimativa para PG foi similar ao valor encontrado por Lima Neto e Souza Júnior (2009) em estudo com progênies de irmãos germanos.

Os parâmetros genéticos não foram estimados para os caracteres, cuja interação progênies por locais não foi significativa. Porém é importante ressaltar que a interação não significativa indica que as progênies se comportam de forma semelhante nos diferentes locais, portanto, para estas condições, quando as estimativas do coeficiente de herdabilidade são altas para médias de locais a seleção de progênies superiores podem promover ganhos genéticos satisfatórios para ambos os locais.

A relação entre CVg e CVe (índice θ), representa uma informação a mais para o melhorista com relação à seleção de progênies (VENCovsky, 1987). Como exemplo, pode-se mencionar a utilização do índice em estudos com progênies de meios irmãos onde, Vencovsky e Barriga (1992) sugerem que valores acima de 1,0 indicam uma situação muito favorável para seleção.

As populações apresentaram para a maioria das variáveis valores do índice θ acima de 1 em pelo menos um dos locais, com exceção das variáveis PQ e AC que apresentaram valores abaixo de 0,7, indicando uma situação não muito favorável para esses dois caracteres. O maior valor do índice θ observado foi de 2,18 na população NAP8 (UDI) para a variável PG, apresentando uma condição favorável para a seleção de progênies mais produtivas.

Considerando a análise conjunta o índice θ só foi superior a 1 nos caracteres AP e AE nas populações NAP5 e NAP7 e para o caráter FM na população NAP5. Apesar das comparações dos índices deste estudo com os valores sugeridos por Vencovsky e Barriga (1992) é importante ressaltar que neste trabalho foram avaliadas progênies de irmãos germanos e que a variância genética entre essas progênies tende a ser maior do que quando se utiliza famílias de meios irmãos, afetando o índice de variação.

4. CONCLUSÕES

As populações exóticas de milho NAP5, NAP7 e NAP8 apresentaram potencial agronômico e genético para serem exploradas em programas de melhoramento genético para as condições de safrinha.

As populações NAP7 e NAP8 apresentaram produtividades de grãos superiores a 40% dos valores observados pelos híbridos comerciais AG7098 Pró e AG8544, este resultado é satisfatório visto que estas populações estão em processo inicial de melhoramento, podendo alcançar produtividades ainda maiores após alguns ciclos de seleção recorrente.

5. REFERÊNCIAS

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa: UFV, 2017. 543 p.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Brasil). **Acompanhamento de safra brasileira**: grãos, oitavo levantamento, maio 2018. Brasília, 2018. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 15 maio 2018.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Imprensa Universitária, v. 1, 2012. 514 p.

CRUZ, C. D. Genes Software extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.
<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FALUBA, J. S. et al. Potencial genético da população de milho UFV para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.40, n.6, p. 1250-1256, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782010000600002>

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de Milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360 p.

GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V.; TROGELLO, E.; FRITSCHE-NETO, R. Sete décadas de evolução do sistema produtivo da cultura do milho. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 61, p. 819-828, 2014.

GOODMAN, M. M. Broadening the U.S. maize germplasm base. **Maydica**. v. 50, p. 203-214, 2005.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p.

LIMA, J. L. **Controle genético do florescimento em milho**. 2006. 56 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

LIMA NETO, F. P.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Number of recombinations and genetic properties of a maize population undergoing recurrent selection. **Scientia Agrícola**. Piracicaba, v. 66, n. 1, p. 52-58, 2009.

MENDES, U. C.; MIRANDA FILHO, J. B.; OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F. Heterosis and combining ability in crosses between two groups of open-pollinated maize populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 235-243, 2015.
<https://doi.org/10.1590/1984-70332015v15n4a40>

NASS, L. L. **Variabilidade genética de populações semiexóticas de milho (*Zea mays* L.)**. 1992. 141 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

NASS, L. L.; PATERNIANI, E. Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, p. 581-587, 2000.
<https://doi.org/10.1590/S0103-90162000000300035>

NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos e Melhoramento**: Plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183 p.

OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F.; MIRANDA FILHO, J. B.; MENDES, U. C. RODRIGUES, L. O. Genetic variability and yield potential of three semiexotic maize (*Zea mays* L.) Populations variabilidade genética e potencial produtivo em três populações semiexóticas de milho (*Zea mays* L.). **Bioscience Journal**. v. 31, n. 6, p. 1609–1617, 2015. <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-28783>

OLIVEIRA, A. S.; MIRANDA FILHO, J. B.; REIS, E. F. Variability and inbreeding in semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Research**. v. 14, n. 1, p. 1184–1199, 2015. <https://doi.org/10.4238/2015.February.6.21>

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

RODRIGUES, L. O. **Variabilidade genética em quatro populações semiexóticas de milho**. 2013. 57 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2013.

RUSSELL, W. K.; STUBER, C. W. Genotype x photoperiod and genotype x temperature interactions for maturity in maize. **Crop Science**, Madison, v.25, p.152-158, 1985. <https://doi.org/10.2135/cropsci1985.0011183X002500010037x>

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SILVA, C. M.; MIRANDA FILHO, J. B.; MENDES, U. C.; REIS, E. F. Partial diallel crosses for predicting yield of semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Research**. v. 16, n. 1, p. 1-16, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16019544>

SOUZA, A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. OLIVEIRA, A. S.; PINTO, J. F. N.; SILVA, C. M.; REIS, E. F. Genetic variability and expected gain in three maize populations. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. v. 17, n. 1, p. 135-146, 2018.
<https://doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v17n1p135-146>

STORCK, L.; CARGNELUTTI FILHO, A.; GUADAGNIN, J. P. Análise conjunta de ensaios de cultivares de milho por classes de interação genótipo x ambiente. **Pesquisa**

Agropecuária Brasileira. v. 49, n. 3, p. 163-172, 2014. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2014000300002>

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho.** 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. p. 137-214.

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

ZANATTA, A. C. A.; OERLECKE, D. Efeito de genes de nanismo sobre alguns caracteres agronômicos e morfológicos de *Triticum aestivum* (L.) Thell. **Pesquisa Agropecuária Brasileira.** v. 26, p. 1001-1016, 1991.

CAPÍTULO 3: VARIABILIDADE GENÉTICA DE TRÊS POPULAÇÕES EXÓTICAS DE MILHO QUANTO A RESISTÊNCIA A FITOPATÓGENOS

Resumo

Um dos fatores que mais contribuem para a redução na produtividade do milho são as doenças e entre as principais doenças foliares estão: helmintosporiose, mancha branca, complexo de enfezamento, ferrugem polissora e cercosporiose. Nos programas de melhoramento de milho, a resistência aos fitopatógenos é um dos principais objetivos, pois o uso de cultivares resistente é o método mais racional e prático existente de controle de doenças. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a reação de resistência à fitopatógenos (*Exserohilum turcicum*, *Pantoea ananatis*, fitoplasma, espiroplasma, *Puccinia polysora* e *Cercospora zeae*) em três populações exóticas de milho, para fins de seleção recorrente. Os experimentos foram realizados na área experimental da Universidade Federal de Uberlândia, Fazenda Glória e na área experimental da Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, na safrinha 2015. Utilizaram-se famílias de irmãos germanos de três populações exóticas de milho NAP5 (resistente à *Exserohilum turcicum*), NAP7 (resistente à *Physopella zeae*) e NAP8 (resistente à *Pantoea ananatis*). Foram utilizadas três testemunhas, sendo uma suscetível (P2530) e as outras resistentes (AG8544 e AG7098PRÓ) às principais doenças na cultura do milho. Os experimentos foram implantados em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Realizou-se três avaliações da severidade de cinco doenças (helmintosporiose - HT, mancha Branca - MB, complexo de enfezamento - CE, ferrugem polissora - FP e cercosporiose - CZ) em intervalos de 14 dias, por meio de escalas diagramáticas e posteriormente obtido a AACPD. Observou-se que a interação progénies x locais (P x L) foi significativa para MB e CE na população NAP5 e para HT, MB e CE para a população NAP7. As duas populações apresentaram estimativas de herdabilidade superiores a 0,7 para resistência à HT, MB, CE, além de apresentarem famílias altamente resistentes às doenças avaliadas. A população NAP8 foi a mais resistente para a maioria das doenças, com exceção do complexo de enfezamento. No entanto, esta população não apresentou variabilidade genética suficiente para ser explorada em programas de seleção recorrente. Portanto, as populações NAP5 e NAP7 são as mais recomendadas para serem utilizadas em programas de melhoramento visando resistência às principais doenças foliares do milho (helmintosporiose, mancha branca, complexo de enfezamento, ferrugem polissora e cercosporiose).

Palavras-chave: Doenças foliares, famílias de irmãos germanos, interação GxA, parâmetros genéticos.

CHAPTER 3: GENETIC VARIABILITY OF THREE EXOTIC MAIZE POPULATIONS ON PHYTOPATHOGENIC RESISTANCE

Abstract

One of the factors that contribute most to the reduction in maize productivity are the diseases and among the main foliar diseases are: helmintosporiosis, white spot, enrichment complex, polysorbite rust and cercosporiosis. In maize breeding programs, resistance to phytopathogens is one of the main objectives, since the use of resistant cultivars is the most rational and practical method of controlling diseases. The objective of the present work was to evaluate the resistance reaction to phytopathogens (*Exserohilum turcicum*, *Pantoea ananatis*, *phytoplasma*, *spiroplasma*, *Puccinia polysora* and *Cercospora zeae*) in three exotic populations of maize for recurrent selection. The experiments were carried out in the experimental area of the Federal University of Uberlândia, Fazenda Glória and in the experimental area of the Federal University of Goiás, Jataí Regional, in the 2015 second crop. German families of three exotic populations of NAP5 maize (resistant to *Exserohilum turcicum*), NAP7 (resistant to *Physopella zeae*) and NAP8 (resistant to *Pantoea ananatis*) were used. Three controls were used, one susceptible (P2530) and the other resistant (AG8544 and AG7098PRÓ) to the main diseases in the maize crop. The experiments were implanted in a randomized complete block design with three replicates. Three evaluations of the severity of five diseases (helmintosporiosis - HT, White spot - WS, enrichment complex - EC, polysorbite rust - PR and cercosporiosis - CZ) were performed at 14-day intervals using diagrammatic scales and later obtained AACPD. It was observed that the interaction progenies x sites (P x S) was significant for WS and EC in the NAP5 population and for HT, WS and EC for the NAP7 population. The two populations presented estimates of heritability higher than 0.7 for resistance to HT, WS, EC, in addition to presenting families highly resistant to the diseases evaluated. The NAP8 population was the most resistant to most diseases, except for the mating complex. However, this population did not present enough genetic variability to be explored in recurrent selection programs. Therefore, the NAP5 and NAP7 populations are the most recommended for use in breeding programs aimed at resistance to the main foliar diseases of maize (helmintosporiosis, white spot, enrichment complex, polysorbite rust and cercosporiosis).

Keywords: Foliar diseases, families of Germanic siblings, interaction GxA, genetic parameters.

1. INTRODUÇÃO

Com o crescimento da safrinha e a expansão da cultura do milho, as plantas têm ficado mais expostas ao ataque de pragas e doenças, ocasionando perdas na produtividade de grãos. A estimativa é de plantio de 11,6 milhões de hectares na safrinha e 5,08 milhões de hectares na safra 2017/18, somando a área ocupada com milho nas duas safras, elas representam 47,5% da área ocupada com a cultura da soja no Brasil (CONAB, 2018).

Antes muitas doenças que eram consideradas secundárias, como a cercosporiose, se tornaram doenças de grande importância econômica, podendo acarretar uma redução de mais de 80% da produção da lavoura. Modificações ocorridas no sistema de produção que resultaram no aumento da produtividade do milho foram também responsáveis pela alta incidência e pela severidade das doenças. Desse modo, a expansão da fronteira agrícola, a ampliação das épocas de plantio, a adoção do sistema de plantio direto sem a rotação de culturas, o aumento do uso de sistemas de irrigação e de materiais suscetíveis têm sido responsáveis por importantes modificações na dinâmica populacional dos patógenos, resultando no surgimento a cada safra de novos problemas para o milho relacionados à ocorrência de doenças (COTA; COSTA; SILVA, 2015).

As doenças na cultura do milho estão entre os estresses bióticos que mais afetam a produtividade e a qualidade do grão. No Brasil, há pelo menos 20 doenças que ocorrem na cultura e que podem causar prejuízos expressivos. A importância dessas doenças varia de ano para ano e de região para região, e de acordo com as condições climáticas, nível de suscetibilidade dos híbridos e o sistema de plantio (COTA; COSTA; SILVA, 2015; JULIATTI, 2016).

A resistência genética é a forma mais eficiente de controle de doenças na cultura do milho (OLIVEIRA et al., 2004), contribuindo para isso a disponibilidade de diversidade genética. Em um programa de melhoramento visando resistência genética a doenças é muito importante seguir as seguintes etapas: a) identificar fontes de resistência; b) incorporar estes genes em cultivares comercial por meio dos métodos de melhoramento; c) traçar a melhor estratégia para que a resistência seja durável face à natureza dinâmica das populações patogênicas (BORÉM; MIRANDA, 2017).

A obtenção de fontes de resistência é uma tarefa difícil e complexa, exigindo um conhecimento dos melhoristas e fitopatologistas envolvidos no estudo sobre as possíveis populações ou cultivares a serem melhoradas, sobre o controle genético da resistência às doenças, determinação de parâmetros genéticos para prever ganhos com o melhoramento, a fim de se obter no final do processo, germoplasmas com genes de resistência a diversas doenças de importância econômica.

Uma das estratégias que os programas de melhoramento de milho podem utilizar como fonte de resistência a doenças e o aumento da variabilidade genética é o uso de germoplasma exótico, sua utilização têm sido inexpressiva (GOODMAN, 2005), no entanto, é uma ferramenta disponível e eficiente para o controle de fatores bióticos e abióticos. Em estudos com populações semiexóticas, Oliveira, Miranda Filho e Fialho (2015) observaram famílias resistentes ao complexo de enfezamento. Atualmente, o complexo de enfezamento têm sido um dos maiores desafios para os programas de melhoramento, pois com o estreitamento da base genética de milho, fonte de resistência aos patógenos causadores desta doença foi perdida ao longo do tempo.

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a reação de resistência à fitopatógenos (*Exserohilum turcicum* Leonard e Suggs, *Pantoea ananatis*, fitoplasma, espiroplasma, *Puccinia polysora* Underw e *Cercospora zeae* Tehon e Daniels) e estimar parâmetros genéticos para resistência às doenças em três populações exóticas de milho para fins de seleção recorrente.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos no período de fevereiro a julho de 2015, (safrinha) em dois locais: na Região Sudeste de Goiás em Jataí, na área experimental da Universidade Federal de Goiás, à latitude 17° 52' 53" sul e à longitude 51° 42' 52" oeste, estando à altitude de 676m; na Região do Triângulo Mineiro em Uberlândia, na área experimental da Universidade Federal de Uberlândia, Fazenda Glória, à latitude 18° 58' 52" sul e à longitude 48° 12' 24" oeste e uma altitude de aproximadamente 912m.

2.1. Material genético

As populações de milho NAP5 (resistente à *Exerohilum turcicum*), NAP7 (resistente à *Physopella zae*) e NAP8 (resistente à *Pantoea ananatis*) foram originadas de um projeto de cooperação técnico-científico NAP-Milho (Núcleo de Apoio a Pesquisa Milho), criado pelo departamento de genética da ESALQ/USP com o objetivo de identificar fontes confiáveis de resistência às principais doenças foliares do milho. Para esse fim, foram envolvidas diversas instituições públicas (CNPMS/EMBRAPA, IAC - Instituto Agronômico de Campinas, IAPAR - Instituto Agronômico do Paraná, ESALQ-USP, CENARGEM/EMBRAPA) e privadas (empresas Zêneca Sementes, Sementes Colorado, FT Sementes, Sementes Agroceres).

No ano agrícola de 1994/1995 foram avaliados 1273 acessos do BAG (Banco Ativo de Germoplasma, CENARGEM/EMBRAPA) em treze locais nos estados de Goiás, Mato Grosso, São Paulo e Paraná. Foram realizadas avaliações visuais para resistência a cinco doenças foliares e feito à seleção exclusiva para cada fitopatógeno, sendo excluídos alguns acessos com padrão baixo de produtividade de grãos e arquitetura da planta. O número de acessos que entraram na composição de cada população foram 41 (NAP5), 34 (NAP7) e 46 (NAP8). Na formação de cada população foi tomada uma amostra isonumérica de sementes de cada acesso selecionado.

Os lotes foram semeados com isolamento na Estação Experimental de Anhembi, com polinização ao acaso. Depois da colheita, uma amostra aleatória de mil sementes foi tomada de cada população para semeadura do ciclo de recombinação. Dos lotes de recombinação, foram selecionadas cerca de 200 plantas de cada lote, que deram origem para as progêneres de meios-irmãos, assim iniciando o programa de seleção recorrente intrapopulacional. Essas populações são exóticas originadas de vários países (Anexo A)

informações mais detalhadas sobre as populações foram relatadas por Mendes et al. (2015).

Para obtenção das famílias de irmãos germanos de cada população foram semeados três campos de cruzamento, constituído cada um por 500 sementes. A partir dos cruzamentos planta-a-planta foram obtidas 75, 100 e 70 famílias de irmãos germanos das populações NAP5, NAP7 e NAP8, respectivamente, para realizar os experimentos em Jataí-Goiás e Uberlândia-Minas Gerais.

2.2. Avaliação experimental

Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados com três repetições. Cada parcela experimental foi constituída de uma fileira de plantas de milho com 4 metros de comprimento, espaçada em 0,9 metros. Após a realização do desbaste as parcelas ficaram com 20 plantas. Em cada parcela amostraram-se 5 plantas, nas quais determinaram-se a severidade para os cinco patógenos. As avaliações de severidade foram realizadas a partir do surgimento dos primeiros sintomas das doenças, realizando-se três avaliações com intervalo de 14 dias entre as mesmas.

As avaliações de severidade para mancha branca (MB) e helmintosporiose (HT) foram feitas com auxílio das escalas desenvolvidas para as respectivas doenças e estão apresentadas no Anexo 1D e 2D (MALAGI et al., 2011; LAZAROTO et al., 2012). Para as doenças cercospora (CZ), ferrugem polisora (FP) e complexo de enfezamento (CE) as avaliações de severidade foram realizadas com auxílio da escala desenvolvida pela Agroceres (1996), utilizada para avaliar a maioria das doenças foliares no milho (Anexo 3D).

A cada dez tratamentos foram intercalados uma parcela com testemunha, colocando sempre a uma testemunha resistente as principais doenças foliares no milho e depois uma testemunha suscetível. Em Uberlândia a testemunha resistente utilizada foi o híbrido AG8544 e em Jataí o híbrido AG7098 Pró. O híbrido P2530 foi utilizado nos dois locais como testemunha suscetível. O manejo agronômico dos experimentos nos dois ensaios foi feito conforme recomendações para a cultura do milho (FANCELLI; DOURADO-NETO, 2000).

A análise para cada doença foi realizada a partir da área abaixo da curva de progresso de doença (AACPD), sendo utilizada para descrever a epidemia. Neste caso,

baseando-se em avaliações de severidade, pode-se estabelecer uma curva da doença quantificada “*versus*” tempo. Segundo Shanner e Finley (1977), a AACPD é calculada pela fórmula:

$$\text{AACPD} = \sum[(Y_i + Y_{i-1})/2 \times (T_{i+1} - T_i)], \text{ em que:}$$

Y_i = severidade da doença na i -ésima observação;

$T_{i+1} - T_i$ = é o intervalo de tempo entre duas avaliações consecutivas.

2.3. Análise de variância

A fim de avaliar a existência de variabilidade genética para a reação de resistência à fitopatógenos em cada local, realizaram-se as análises de variâncias conforme o modelo abaixo:

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

Em que:

Y_{ij} : observação do caráter na progênie “ i ”, no bloco “ j ”;

μ : média geral do caráter;

G_i : efeito aleatório da progênie “ i ”;

B_j : efeito aleatório do bloco “ j ”;

ϵ_{ij} : erro experimental associado à progênie “ i ” no bloco “ j ”.

O esquema da análise de variância individual para cada variável com as respectivas esperanças dos quadrados médios e teste F, está apresentado na tabela 1.

TABELA 1. Esquema da análise de variância e esperança matemática do quadrado médio para experimentos instalados em delineamento de blocos casualizados.

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)	F
Progênies	$g-1$	QMG	$\sigma^2 + r\sigma^2_{\epsilon}$	QMG/QME
Blocos	$b-1$	QMB	$\sigma^2 + g\sigma^2_b$	
Erro	$(g-1)(b-1)$	QME	σ^2	
Total	$(gb)-1$			

gl: graus de liberdade; QM:quadrado médio; E(QM): esperança matemática do quadrado médio

Após as análises de variâncias individuais procedeu-se à análise de variância conjunta, considerando a existência de homogeneidade das variâncias pelos quadrados

médios dos resíduos de acordo com Pimentel Gomes (2009) que considera que a razão entre o maior e o menor quadrado médio dos resíduos menor que sete é uma indicação para realização da análise conjunta. Os efeitos de famílias e ambiente foram considerados aleatórios, segundo o modelo:

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

Em que:

Y_{ijk} : observação do caráter da progênie “i”, no ambiente “j”, no bloco “k”;

B_k/A_j : efeito aleatório do bloco “k” dentro do ambiente “j”;

G_i : efeito aleatório da progênie “i”;

A_j : efeito aleatório do ambiente “j”;

GA_{ij} : efeito da interação G x A;

ε_{ijk} : erro aleatório associado à progênie “i”, no ambiente “j”, no bloco “k”.

Na tabela 2 está apresentado o esquema de análise de variância conjunta, com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios e teste F.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do Programa Computacional em Genética e Estatística- Programa Genes (CRUZ, 2016).

TABELA 2. Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios.

Fonte de variação	GL	QM	E(QM)	F
Blocos/Ambiente	(b-1)a	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
Progêneres	g-1	QMG	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2 + ar\sigma_g^2$	QMG/QMGA
Ambiente	a-1	QMA	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2 + g\sigma_b^2 + gr\sigma_a^2$	(QMA+QMR)/(QMB+QMGA)
G x A	(g-1)(a-1)	QMGA	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2$	QMGA/QMR
Resíduo	(g-1)(b-1)a	QMR	σ^2	
Total	gra-1			

GL: graus de liberdade; QM:quadrado médio; E(QM): esperança matemática do quadrado médio.

2.4. Estimativa dos parâmetros genéticos

As estimativas de parâmetros estatísticos-genéticos foram realizadas para as variáveis avaliadas de acordo com a metodologia descrita por Vencovsky e Barriga (1992), Nass et al. (2001) e Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), as fórmulas estão apresentadas no Anexo 1B.

A variância genética entre progêneres de irmãos germanos é expressa por $\sigma_p^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2$, sendo σ_A^2 e σ_D^2 as variâncias aditiva e dominante, respectivamente, definidas para a população base; assim sendo os componentes σ_A^2 e σ_D^2 não são estimáveis separadamente. Porém, tais estimativas podem ser obtidas considerando-se hipóteses sobre o valor relativo dos componentes. Estudos realizados do controle genético da resistência para as cinco doenças avaliadas no presente trabalho, mostram a predominância dos efeitos genéticos aditivos sobre os efeitos dominantes sendo as estimativas de $\phi = \sigma_D^2 / \sigma_A^2$ não superiores a 0,5 na maioria dos casos (SILVEIRA et al., 2008; VIVEK et al., 2010; BRITO et al., 2012; NIHEI; FERREIRA, 2012; COLOMBO et al., 2014); portanto, nestes casos dois limites hipotéticos para a estimação dos componentes da variância genética podem ser usados, considerando as hipóteses $H_1: \sigma_D^2 = 0$ e $H_2: \sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$. Tais aproximações foram utilizadas por Nass (1992) e Rodrigues (2013) para caracteres agronômicos. As fórmulas da variância genética aditiva e do coeficiente de herdabilidade estão apresentadas no Anexo C.

2.5. Dados meteorológicos

Os dados meteorológicos das duas áreas experimentais durante o período de fevereiro a julho de 2015 estão apresentados na figura 1, no Anexo 1C está apresentado mais detalhes dos dados meteorológicos.

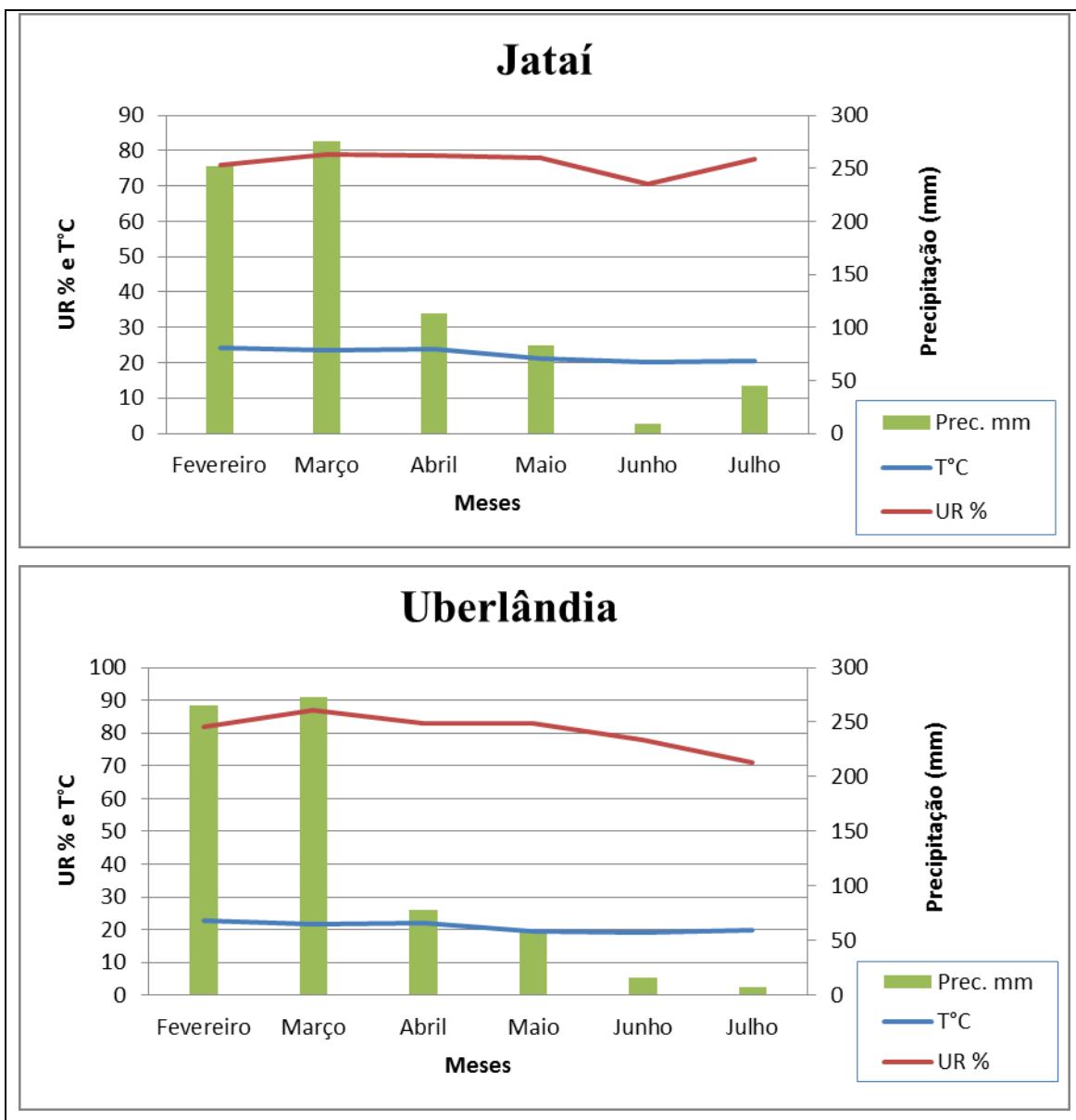


FIGURA 1. Temperatura média (T °C), umidade relativa (UR %) e precipitação (Prec. mm) na área experimental da UFG/Reginal Jataí e na Fazenda Glória (UFU) em Uberlândia, na safrinha 2015. Fontes: Estação Meteorológica da UFG/Jataí e da Estação Meteorológica da UFU/Fazenda Glória.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Potencial das populações exóticas de milho para resistência a fitopatógenos

As médias e os coeficientes de variação experimental para as doenças avaliadas estão apresentados na Tabela 10.

A partir dos resultados verificados na testemunha suscetível nos dois locais avaliados, pode-se observar que todos os patógenos causadores dos cinco patossistemas estudados encontraram condições favoráveis para o seu desenvolvimento.

As médias de AACPD para hemintosporiose (HT) e mancha branca (MB) foram maiores para o ambiente de Uberlândia. Um dos fatores que pode explicar este resultado é a ocorrência de umidade relativa (UR %) superior em Uberlândia comparativamente a Jataí, no período vegetativo e florescimento das plantas (Figura 1). Para as outras doenças as médias variaram de acordo com a população e o local.

Entre as doenças avaliadas, o complexo de enfezamento (CE) apresentou as maiores médias da AACPD para as três populações avaliadas. Para as populações NAP5 e NAP8, as médias em Uberlândia foram maiores e para a população NAP7, a média foi maior em Jataí. A variação de severidade das doenças locais pode ser determinada pela instabilidade dos locos de resistência na sua interação com o ambiente ou por variações na população do patógeno nos diferentes ambientes de avaliação (CARSON et al., 2002).

As menores médias da AACPD foram observadas para a cercosporiose (CZ) com valor máximo de 198,7. Apesar das populações NAP5, NAP7 e NAP8 apresentarem médias das progêneres entre 69,5 a 198,7, as populações NAP5 e NAP8 apresentaram progêneres sem os sintomas da doença, indicando alta resistência à *Cercospora zeae-maydis*.

A população NAP8 foi a que apresentou as menores médias de AACPD para as doenças avaliadas, com exceção da ferrugem, que a população NAP5 foi a que apresentou a menor média de AACPD. Este resultado indica que a população NAP8 é a mais resistente à maioria das doenças, possuindo um maior número de alelos que confere resistência à doença.

O potencial das três populações pode ser constatado quando comparamos as populações exóticas com os híbridos avaliados nos experimentos. Para AACPD das doenças MB e CE as populações apresentaram médias inferiores às médias do híbrido suscetível e os valores inferiores observados nas três populações também foram

menores que os valores apresentados pelos híbridos resistentes em pelo menos um dos locais. Estes resultados comprovam que as populações exóticas são fontes de resistência a fitopatógenos.

TABELA 10. Médias da população (m_0), amplitude superior (m_s), amplitude inferior (m_I), média da testemunha suscetível (m_{TS}), média da testemunha resistente (m_{TR}), porcentagem em relação a testemunha suscetível ($m\%_{TS}$), porcentagem em relação a testemunha resistentes ($m\%_{TR}$) e coeficiente de variação (CV%) para cinco doenças em progêñies de irmãos germanos de três populações exóticas de milho avaliadas em dois locais. Jataí e Uberlândia, 2015

Helmintosporiose (AACPD)						
Parâmetro	População NAP 5		População NAP 7		População NAP 8	
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI
m_0	285,1	464,4	365,8	658,4	242,1	543,4
m_s	1253	1703	1152	1123	948,0	1136
m_I	44,0	106,0	53,0	252,0	23,0	128,0
m_{TS}	268,5	407,0	407,1	479,0	249,0	793,0
m_{TR}	10,3	101,0	12,8	130,0	12,0	102,0
$m\%_{TS}$	106,2	114,1	89,9	137,5	97,2	68,5
$m\%_{TR}$	2768,0	407,0	2857,8	478,8	2017,5	793,3
CV %	41,4	27,3	31,9	22,6	59,0	33,2
Mancha Branca (AACPD)						
Parâmetro	População NAP 5		População NAP 7		População NAP 8	
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI
m_0	211,7	372,4	248,7	464,9	131,4	335,2
m_s	616,0	1170	682,0	865,0	371,0	754,0
m_I	14,0	13,0	32,0	119,0	5,0	62,0
m_{TS}	401,3	595,0	492,1	725,0	497,0	791,0
m_{TR}	25,5	113,0	44,5	179,0	48,0	156,0
$m\%_{TS}$	52,8	62,6	50,5	64,1	26,4	42,4
$m\%_{TR}$	830,2	329,6	558,9	259,7	273,8	214,9
CV %	36,0	31,3	32,5	26,4	58,2	44,1
Complexo de enfezamento (AACPD)						
Parâmetro	População NAP 5		População NAP 7		População NAP 8	
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI
m_0	734,4	817,6	709,2	616,4	462,9	699,9
m_s	2400	2240	2100	1610	1310	1820
m_I	110,0	175,0	150,0	161,0	75,0	245,0

“... continuação...”

“TABELA 10, cont.”

m_{TS}	2252,5	1744,0	2407,5	1421,0	2167,0	1963,0
m_{TR}	243,0	253,0	107,5	254,0	214,0	163,0
$m\%_{TS}$	32,6	46,9	29,5	43,4	21,4	35,7
$m\%_{TR}$	302,2	323,2	659,7	242,7	216,3	429,4
CV %	36,8	34,7	26,8	33,2	44,1	37,3
Ferrugem Polissora (AACPD)						
Parâmetro	População NAP 5		População NAP 7		População NAP 8	
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI
m_0	275,4	238,0	295,9	286,2	345,6	453,4
m_S	679,0	462,0	635,0	735,0	665,0	770,0
m_I	275,4	77,0	79,0	70,0	124,0	154,0
m_{TS}	342,3	238,0	313,6	326,0	448,0	400,0
m_{TR}	52,7	76,0	66,8	142,0	86,0	161,0
$m\%_{TS}$	80,5	100,0	94,4	87,8	77,1	113,4
$m\%_{TR}$	522,6	313,2	443,0	201,5	401,9	281,6
CV %	25,6	32,4	25,8	35,3	31,0	21,5
Cercosporiose (AACPD)						
Parâmetro	População NAP 5		População NAP 7		População NAP 8	
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI
m_0	127,7	90,3	142,6	115,6	69,5	198,7
m_S	344,0	245,0	365,0	420,0	227,0	350,0
m_I	29,0	0,0	14,0	35,0	0,0	35,0
m_{TS}	99,3	59,0	74,4	83,0	63,0	144,0
m_{TR}	27,3	0,0	23,8	25,0	17,0	0,0
$m\%_{TS}$	128,6	153,1	191,7	139,3	110,3	138,0
$m\%_{TR}$	467,8	-	599,2	462,4	408,8	-
CV %	35,2	40,4	33,7	40,5	67,5	35,1

Os coeficientes de variação experimental (CV %) variaram de 22,6 (Helmintosporiose-UDI) a 67,5 (Cercosporiose-Jataí). Para a maioria dos resultados os CV % foi superior a 30, sendo considerado alto quando comparados aos caracteres agronômicos, porém para avaliações de doenças, valores altos de CV % são aceitáveis por serem variáveis muito influenciadas pelo ambiente. Brito et al. (2011) estudando a resistência de híbridos de milho à cercosporiose e mancha branca encontrou valores de 37,0 e 48,2% para as respectivas doenças.

3.2. Análise de variância

3.2.1. Análise individual

Observou-se a existência de variância genética entre progênies de irmãos germanos para as populações NAP5 e NAP7 (Tabelas 11 e 12), evidenciando oportunidades de seleção e estudos genéticos. Por outro lado, isso não foi observado para nenhuma doença avaliada na população NAP8.

TABELA 11. Quadrados médios da análise da variância de caracteres de resistência a fitopatógenos em progênies de irmãos germanos de três populações exóticas de milho. Jataí (GO), 2015

Fonte	g.l.	HT ^{f,(2)}	MB ^{f,(2)}	CE ^{f,(2)}	FP ^{f,(2)}	CZ ^{f,(2)}
População NAP-5						
Repetições	2	15,145	7,1056	539,727	29,136	19,672
Progênies	74	65,667**	41,458**	274,89**	11,145**	4,253**
Erro	148	13,959	5,789	73,012	4,965	2,020
População NAP-7						
Repetições	2	47,135	10,374	19,417	48,533	10,866
Progênies	99	80,292**	27,280**	157,72**	12,120*	6,161**
Erro	198	13,600	6,543	36,041	5,828	2,309
População NAP-8						
Repetições	2	9,834	2,899	3,366	4,279	0,931
Progênies	69	19,939 ^{NS}	7,030 ^{NS}	51,442 ^{NS}	10,218 ^{NS}	2,164 ^{NS}
Erro	138	20,406	5,844	41,583	11,471	2,198

^f: HT – *Exserohilum turcicum* , MB – *Pantoea ananatis* , CE – Complexo de enfezamento , FP - *Puccinia polysora* e CZ- *Cercospora zea-maydis*.

⁽²⁾: valores de variâncias divididos por 10³.

**, *, NS: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

TABELA 12. Quadrados médios da análise da variância de caracteres de resistência a fitopatógenos em progênies de irmãos germanos de três populações exóticas de milho. Uberlândia, 2015

Fonte	g.l.	HT ^{F,(2)}	MB ^{F,(2)}	CE ^{F,(2)}	FP ^{F,(2)}	CZ ^{F,(2)}
População NAP-5						
Repetições	2	13,521	16,848	423,842	20,599	10,206
Progênies	74	10,960**	79,467**	292,049**	8,871*	2,415**
Erro	148	16,101	13,549	80,526	5,950	1,328
População NAP-7						
Repetições	2	94,509	237,900	91,199	108,949	0,687
Progênies	99	62,427**	40,670**	92,848**	20,053**	4,094**
Erro	198	22,122	15,106	41,783	10,193	2,196
População NAP-8						
Repetições	2	180,542	35,417	11,631	12,665	8,810
Progênies	69	37,727 ^{NS}	26,653 ^{NS}	56,197 ^{NS}	11,891 ^{NS}	5,519 ^{NS}
Erro	138	32,623	21,805	68,331	9,490	4,867

^F: HT – *Exserohilum turcicum* , MB – *Pantoea ananatis* , CE – Complexo de enfezamento , FP - *Puccinia polysora* e CZ- *Cercospora zea-maydis*.

⁽²⁾: valores de variâncias divididos por 10³.

**, *, NS: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

3.2.2 Análise conjunta

Pelas análises de variâncias individuais, a razão entre a maior e menor variância residual foi de 2,33, evidenciando homogeneidade das variâncias residuais e, portanto, possibilitando a análise conjunta dos dados (Tabela 13).

As análises conjuntas para população NAP5 confirmaram a alta variabilidade genética para resistência a MB e CE. A fonte de variação, devido às progênies (P), aos locais (L) e da interação progênies x locais (P x L), foram significativos para essas duas doenças. Isso sugere que as progênies apresentaram comportamento diferenciado em virtude das variações ambientais. A população NAP7 apresentou variabilidade genética para resistência à HT, MB e CE. Não foi realizada análise conjunta para a população NAP8, devido a população não apresentar variabilidade genética para nenhum dos caracteres avaliados em nenhum dos dois locais.

A avaliação da interação progênies x locais torna-se de grande importância no melhoramento, pois, no caso de sua existência há possibilidades de a melhor progênie em um local, não ser em outro, este fato influencia o ganho de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A importância da interação genótipo x ambientes para resistência a fitopatógenos vem sendo detectada por diversos autores em estudos com

milho (BRITO et al., 2011; ENGELSING et al., 2011; NIHEI; FERREIRA, 2012; GRALAK et al., 2015).

Os coeficientes de variação das análises conjuntas para resistência a fitopatógenos variaram entre 26,1% a 36,8%. Os valores são considerados de médio a alto, porém para avaliações de doenças, valores altos de CV % são aceitáveis por serem variáveis muito influenciadas pelo ambiente.

TABELA 13. Quadrados médios da análise conjunta de caracteres de resistência a fitopatógenos em progênies de irmãos germanos de duas populações exóticas de milho. Jataí e Uberlândia, 2015.

Fonte	g.l.	HT ^{f,(2)}	MB ^{f,(2)}	CE ^{f,(2)}	FP ^{f,(2)}	CZ ^{f,(2)}
População NAP-5						
Repetições	4	14,333	11,976	481,785	24,867	14,939
Progênies (P)	74	157,118**	104,421**	459,109**	13,431**	4,583**
Local (L)	1	3616,974**	2904,371**	779,584 ^{NS}	157,809 ^{NS}	157,397*
P X L	74	18,152 ^{NS}	16,504**	107,826*	6,584 ^{NS}	2,085 ^{NS}
Resíduo	296	15,030	9,674	767,695	5,457	1,674
CVe (%)		32,7	33,7	35,7	28,8	37,5
População NAP-7						
Repetições	4	70,822	124,137	55,308	78,741	5,776
Progênies (P)	99	118,532**	52,626**	180,766**	22,610*	8,039**
Local (L)	1	12842,51**	7010,285**	1291,404 ^{NS}	14,230 ^{NS}	109,620**
P X L	99	24,187*	15,324*	69,806**	9,562 ^{NS}	2,216 ^{NS}
Resíduo	396	17,861	10,824	38,912	8,010	2,253
CVe (%)		26,1	29,2	29,8	30,8	36,8

^f: HT – *Exserohilum turcicum* , MB – *Pantoea ananatis* , CE – Complexo de enfezamento , FP - *Puccinia polysora* e CZ- *Cercospora zea-maydis*.

⁽²⁾: valores de variâncias divididos por 10³.

**, *, NS: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

3.3. Parâmetros genéticos de caracteres de resistência a fitopatógenos

As estimativas de parâmetros estatístico-genéticos foram estimadas para todas as doenças com base nas análises de variâncias individuais para as três populações e conjuntas para as duas populações exóticas e as magnitudes dos valores estão apresentadas nas tabelas 14, 15 e 16. As estimativas só foram obtidas para os caracteres que apresentaram variabilidade genética.

3.3.1. Potencial genético de populações exóticas de milho

Quando se considera a avaliação somente em um local, a variância fenotípica é o resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e ambiental, sendo que os efeitos genéticos são decompostos em variância genética aditiva, dominante e epistática, sendo esta última desconsiderada na maioria dos estudos, devido à dificuldade de estimação da mesma (BORÉM; MIRANDA, 2017). No entanto, quando se considera dois ou mais ambientes é importante ressaltar que além do efeito genético e ambiental, também se tem na decomposição da variância fenotípica a interação genótipo x ambiente.

TABELA 14. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica (σ_G^2), da variância da interação (σ_{GxA}^2), das variâncias genética aditiva (σ_{A1}^2 e σ_{A2}^2), das herdabilidades com base em média de progênies (h_{r1}^2 e h_{r2}^2) e do índice de variação (θ) para cinco doenças em progênies de irmãos germanos de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015

Estimativas	* Doenças (AACPD)				
	HT	MB	CE	FP	CZ
				População NAP5	
σ_F^2	21889,1	13819,6	91628,8	3715,1	1417,7
σ_G^2	17236,0	11886,6	67291,3	2060,0	744,1
σ_{A1}^2	34472,0	23773,2	134582,6	4120,0	1488,2
σ_{A2}^2	27577,6	19018,6	107666,1	3296,0	1190,6
h_{r1}^2	0,79	0,86	0,73	0,55	0,52
h_{r2}^2	0,63	0,69	0,59	0,44	0,42
θ	1,11	1,43	0,96	0,64	0,61
População NAP7					
σ_F^2	26764,1	9093,4	52574,7	4040,0	2053,7
σ_G^2	22230,7	6912,4	40560,9	2097,3	1283,7
σ_{A1}^2	44461,4	13824,8	81121,8	4194,6	2567,4
σ_{A2}^2	35569,1	11059,8	64897,4	2255,7	2053,9
h_{r1}^2	0,83	0,76	0,77	0,52	0,63
h_{r2}^2	0,66	0,61	0,62	0,42	0,50
θ	1,28	1,03	1,06	0,60	0,75

* Doenças: HT – *Exserohilum turcicum*, MB – *Pantoea ananatis*, CE – Complexo de enfezamento, FP - *Puccinia polysora* e CZ- *Cercospora zea-maydis*.

A variância genética aditiva é o componente mais importante no melhoramento genético, uma vez que é a principal causa da semelhança entre parentes e, por conseguinte, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta à seleção (FALCONER; MACKAY, 1996).

A população NAP5 apresentou variâncias aditivas superiores para HT (Uberlândia), MB, CE, quando comparada com a NAP7. As maiores variâncias aditivas para as duas populações foram apresentadas para o complexo de enfezamento, podendo se obter ganhos genéticos com a seleção de progênies mais resistentes aos patógenos causadores dos enfezamentos devido à alta variabilidade genética apresentada nas duas populações.

TABELA 15. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica (σ_G^2), da variância da interação (σ_{GxA}^2), das variâncias genética aditiva (σ_{A1}^2 e σ_{A2}^2), das herdabilidades com base em média de famílias (h_{r1}^2 e h_{r2}^2) e do índice de variação (θ) para cinco doenças em famílias de irmãos germanos de duas populações exóticas de milho. Uberlândia, 2015

Estimativas	* Doenças (AACPD)				
	HT	MB	CE	FP	CZ
				População NAP5	
σ_F^2	36534,5	26489,0	97349,9	2956,9	805,3
σ_G^2	31167,3	21972,6	70507,7	973,5	362,5
σ_{A1}^2	62334,6	43945,2	141015,4	1947,0	725,0
σ_{A2}^2	49867,7	35156,2	112812,3	1557,6	580,0
h_{r1}^2	0,85	0,83	0,72	0,33	0,45
h_{r2}^2	0,68	0,66	0,58	0,26	0,36
Θ	1,39	1,27	0,94	0,40	0,52
População NAP7					
σ_F^2	20809,3	13556,9	30949,4	6684,6	1364,8
σ_G^2	13435,0	8521,4	17021,5	3286,7	632,7
σ_{A1}^2	26870,0	17042,8	34043,0	6573,4	1265,4
σ_{A2}^2	21496,0	13634,2	27234,4	5258,7	1012,3
h_{r1}^2	0,65	0,63	0,55	0,49	0,46
h_{r2}^2	0,52	0,50	0,44	0,39	0,37
Θ	0,78	0,75	0,64	0,57	0,54

* Doenças: HT – *Exserohilum turcicum* , MB – *Pantoea ananatis* , CE – Complexo de enfezamento , FP - *Puccinia polysora* e CZ- *Cercospora zea-maydis*.

A estimativa da variância da interação progênies por locais para mancha branca foi de 2276,87 e 1499,76 para as populações NAP5 e NAP7 (Tabela 16), respectivamente. Na população NAP5 a estimativa correspondeu a 15% da variância genética e na população NAP7 correspondeu a 24%, indicando que o efeito genético é a principal causa da interação significativa. Para o complexo de enfezamento as estimativas da interação foram de 10352,45 na NAP5 e 10297,80 na NAP7. Em relação

a helmintosporiose na população NAP7 a estimativa foi de 2108,65, correspondendo a 13% da variância genética.

TABELA 16. Estimativas da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genotípica (σ_G^2), da variância da interação (σ_{GxA}^2), das variâncias genética aditiva (σ_{A1}^2 e σ_{A2}^2), das herdabilidades com base em média de famílias (h_{rl}^2 e h_{r2}^2) e do índice de variação (θ) para cinco doenças em famílias de irmãos germanos de duas populações exóticas de milho na análise conjunta. Jataí e Uberlândia, 2015.

*Doenças	Estimativas							
	σ_F^2	σ_G^2	σ_{GxA}^2	σ_{A1}^2	σ_{A2}^2	h_{rl}^2	h_{r2}^2	θ
População NAP5								
MB	174,035	146,528	22,769	293,055	234,444	0,84	0,34	1,23
CE	765,183	585,470	103,525	1170,941	936,753	0,77	0,31	0,87
População NAP7								
HT	197,554	157,242	21,087	314,484	251,587	0,80	0,32	0,93
MB	87,712	62,171	14,998	124,343	99,474	0,71	0,28	0,76
CE	301,277	184,934	102,978	369,868	295,894	0,61	0,25	0,69

* Doenças: HT – *Exserohilum turcicum*, MB – *Pantoea ananatis*, CE – Complexo de enfezamento.

⁽²⁾: valores de variâncias divididos por 10².

3.3.2. Herdabilidade e índice de variação (θ)

A herdabilidade no sentido restrito é mais útil, uma vez que quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração e quanto maior for o seu valor maior será o ganho genético com a seleção (BORÉM; MIRANDA, 2017).

Os estudos de herança genética para resistência as cinco doenças avaliadas no presente trabalho evidenciam a predominância de efeitos gênicos aditivos sobre os dominantes (DEDERA et al., 2008; SILVEIRA et al., 2008; VIVEK et al., 2010; NIHEI; FERREIRA, 2012; COLOMBO et al., 2014). Portanto, considerando a hipótese 1, na qual temos herdabilidade no sentido restrito, as duas populações apresentaram altos coeficientes de herdabilidade para HT, MB e CE em Jataí e em Uberlândia a população NAP5 apresentou altas estimativas de herdabilidade para os mesmo caracteres. Estes resultados indicam que o efeito genético aditivo é a principal causa da variabilidade apresentada para os caracteres HT, MB e CE.

Para os caracteres FP e CZ os coeficientes de herdabilidade observados foram no máximo 0,63. Valores de estimativas de herdabilidade baixa também foi relatado por Kaian Kaefer (2017) em estudos de resistência a Cercosporiose.

Os valores superiores a 0,7 nas populações podem ser um indicativo do potencial das duas populações, podendo obter ganhos satisfatórios com a seleção para resistência a estas doenças. Em diversos estudos avaliando resistência às doenças em germoplasma de milho têm se relatado valores de herdabilidade acima de 70% (LOPES et al., 2007; BRITO et al., 2012; KAEFER, 2017).

A estimativa da herdabilidade no sentido restrito para média dos dois locais (hipótese 1) variou de 0,61 para CE (NAP7) a 0,84 para MB (NAP5). Com exceção do caráter CE na população NAP7, todos os outros caracteres com interação progênies por locais significativas apresentaram herdabilidade superiores a 0,7, indicando uma boa condição para seleção de progênies mais resistentes aos fitopatógenos.

Para os caracteres que a interação progênies por locais não foram significativas a seleção é facilitada, devido as progênies não apresentarem comportamento diferenciado em virtude das variações ambientais e assim a seleção de progênies superiores podem promover ganhos genéticos satisfatórios para ambos os locais.

A relação entre CVg e CVe (índice θ), representa uma informação a mais para o melhorista com relação à seleção de progênies (VENCovsky, 1987). Como exemplo, pode-se mencionar a utilização do índice em estudos com progênies de meios irmãos onde, Vencovsky e Barriga (1992), sugerem que valores acima de 1,0 indicam uma situação muito favorável para seleção.

A população NAP5 apresentou valores superiores a 1 para as doenças HT e MB e próximo de 1 para CE. Na população NAP7 observou-se valores superiores a 1 para HT, MB e CE em Jataí, porém em Uberlândia os valores foram menores que 0,8. Para as doenças FP e CZ os valores foram baixos, variando de 0,40 (NAP5-UDI) a 0,75 (NAP7-Jataí). Estes resultados indicam uma situação não muito favorável para seleção de progênies resistentes a essas duas doenças. Em estudos de resistência à helmintosporiose foi observado valores de índice θ acima de 1, indicando uma condição favorável para seleção em famílias de meios irmãos resistentes (RIBEIRO, 2016).

Apesar das comparações dos índices deste estudo com os valores relatados por Vencovsky e Barriga (1992) é importante ressaltar que neste trabalho foram avaliadas famílias de irmãos germanos e que a variância genética entre essas famílias tende a ser maior do que quando se utiliza famílias de meios-irmãos, afetando o índice de variação.

4. CONCLUSÕES

As populações NAP5, NAP7 e NAP8 foram superiores ao híbrido P2530 (suscetível) na reação de resistência aos fitopatógenos avaliados.

As progênies mais resistentes de cada população apresentaram valores de AACPD próximos ou inferiores aos observados para os híbridos AG8544 e AG7098 Pró (resistentes).

A população NAP8 foi a que apresentou as menores severidades para a maioria das doenças avaliadas, com exceção do complexo de enfezamento, porém não apresentou variabilidade genética suficiente para ser explorada em programa de melhoramento genético a partir de seleção recorrente.

As populações NAP5 e NAP7 apresentaram potencial genético, indicando perspectivas favoráveis para serem exploradas em programas de melhoramento visando resistência a fitopatógenos.

A população NAP5 é mais indicada para resistência a helmintosporiose, mancha branca, ferrugem polissora e cercosporiose. Em relação à resistência ao complexo de enfezamento a população NAP7 se apresentou mais resistente.

5. REFERÊNCIAS

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

BALMER, E.; PEREIRA, O. A. P. Doenças do milho. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho.** 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 2, cap. 14, p. 595-634.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas.** 7. ed. Viçosa: UFV, 2017. 543 p.

BRITO, A. H.; VON PINHO, R. G.; SANTOS, A. O.; SANTOS, S. Reação de híbridos de milho e comparação de métodos para avaliação da Cercosporiose e Mancha Branca. **Tropical Plant Pathology.** v. 36, n. 1, p. 35-41, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1982-56762011000100005>

BRITO, A. H.; DAVIDE, L. M. C.; PINHO, R. G. V.; CARVALHO, R. P.; REIS, M. C. Genetic control of resistance to gray leaf spot of maize in tropical germplasm. **Crop Breeding and Applied Biotechnology.** v. 12, p. 145-150, 2012. <https://doi.org/10.1590/S1984-70332012000200008>

CARSON, M. L.; GOODMAN, M. M.; WILLIAMSON, S. M.; Variation in aggressiveness among isolates of Cercospora from maize as a potential cause of genotype-environment interaction in gray leaf spot trials. **Plant Disease.** v. 86, p. 1089-1093, 2002. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2002.86.10.1089>

COLOMBO, G. A.; VAZ-DE-MELO, A.; TAUBINGER, M.; TAVARES, R. C.; SILVA, R. R. Análise dialética para resistência a ferrugem polissora em milho em diferentes níveis de adubação fosfatada. **Bragantia.** v. 73, n. 1, p. 65-71, 2014. <https://doi.org/10.1590/brag.2014.002>

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Brasil). **Acompanhamento de safra brasileira:** grãos, oitavo levantamento, maio 2018. Brasília, 2018. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 15 maio 2018.

COTA, L. V.; COSTA, R. V.; SILVA, D. D. Manejo de doenças. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. **Milho:** do plantio à colheita. 1. ed. Viçosa: UFV, 2015. cap.13, p. 294-322.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4. ed. Viçosa: Imprensa Universitária, v. 1, 2012. 514 p.

CRUZ, C. D. Genes Software extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

DERERA, J. et al. Gene action controlling gray leaf spot resistance in Southern African Maize Germplasm. **Crop Science**. v. 48, p. 93-98, 2008. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.04.0185>

ENGELSING, M. J.; ROZZETTO, D. S.; COIMBRA, J. L. M.; ZANIN, C. G.; GUIDOLIN, A. F. Capacidade de combinação em milho para resistência a *Cercospora zeae-maydis*. **Revista Ciência Agronômica**. v. 42, n. 1, p. 232-241, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000100029>

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Edinburg: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de Milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360 p.

FUTRELL, M. C. Puccinia polysora epidemics on maize associated with cropping practice and genetic homogeneity. **Phytopathology**. v. 65, p. 1040-1042, 1975. <https://doi.org/10.1094/Phyto-65-1040>

GOODMAN, M. M. Broadening the U.S. maize germplasm base. **Maydica**. v. 50, p. 203-214, 2005.

GRALAK, E. et al. Capacidade combinatória de híbridos de milho para produção de grãos e severidade de doenças foliares em dialelo circulante. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. v. 14, n. 1, p. 116-129, 2015. <https://doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v14n1p116-129>

JULIATTI, F. C. **Manual de identificação e manejo das doenças do milho**. Uberlândia: UFU, 2016. 121 p.

KAEFER, K. A. C. **Caracterização de linhagens, mapeamento por associação e controle genético para resistência às doenças foliares em milho no Oeste do Paraná**. 2017. 107 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Marechal Cândido Rondon, 2017.

LAZAROTO, A.; DOS SANTOS, I.; KONFLANZ, V. A.; MALAGI, G.; CAMOCHENA, R. C. Escala diagramática para avaliação de severidade da helmintosporiose comum em milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 12, p. 2131-2137, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782012005000112>

LOPES, M. T. G. et al. Controle genético da resistência à mancha-de-*Phaeosphaeria* em milho. **Ciência Rural**. v. 37, n. 3, p. 605-611, 2007. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782007000300001>

MALAGI, G.; SANTOS, I.; CAMOCHENA, R. C.; MOCCELLIN, R. elaboração e validação da escala diagramática para avaliação da mancha branca no milho. **Revista Ciência Agronômica**. v. 42, n. 3, p. 797-804, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000300028>

MENDES, U. C.; MIRANDA FILHO, J. B.; OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F. Heterosis and combining ability in crosses between two groups of open-pollinated maize populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 235-243, 2015. <https://doi.org/10.1590/1984-70332015v15n4a40>

NASS, L. L. **Variabilidade genética de populações semiexóticas de milho (*Zea mays* L.)**. 1992. 141 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos e Melhoramento**: Plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183 p.

NIHEI, T. H.; FERREIRA, J. M. Análise dialélica de linhagens de milho com ênfase na resistência a doenças foliares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 3, p. 369-377, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000300008>

OLIVEIRA, E.; FERNANDES, F. T.; CASELA, C. R. PINTO, N. F. J. A.; FERREIRA, A. S. Diagnose e Controle de Doenças na Cultura do Milho. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. **Tecnologia de Produção do milho**: economia, cultivares, biotecnologia, safrinha, adubação, quimigação, doenças, plantas daninhas e pragas. Viçosa: UFV. cap. 7. 2004.

OLIVEIRA, A. S.; MIRANDA FILHO, J. B.; REIS, E. F. Variability and inbreeding in semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 1, p. 1184-1199, 2015. <https://doi.org/10.4238/2015.February.6.21>

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

RIBEIRO, R. M. et al. History of northern corn leaf blight disease in the seventh cycle of recurrent selection of na UENF-14 popcorn population. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 447-455, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.30573>

RODRIGUES, L.O. **Variabilidade genética em quatro populações semiexóticas de milho**. 2013. 57 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Goiás, 2013.

SHANER, G.; FINLEY, R. F. The effects of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildew resistance in Knox wheat. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 67, p. 1051-1056, 1977. <https://doi.org/10.1094/Phyto-67-1051>

SILVEIRA, F. T.; MORO, J. R.; SILVA, H. P.; OLIVEIRA, J. A.; PERECIN, D. Herança da resistência ao enfezamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 12, p. 1717-1723, 2008. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008001200011>

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. p. 137-214.

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

VIVEK, B.; ODONGO, O.; NJUGUNA, J.; IMANYWOHA, J.; BIGIRWA, G.; DIALLO, A.; PIXLEY, K. Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of African maize (*Zea Mays L.*) inbred lines. *Euphytica*, v. 172, p.329-340, 2010. <https://doi.org/10.1007/s10681-009-9993-5>

CAPÍTULO 4: CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS, ANÁLISE DE TRILHA E GANHO GENÉTICO EM DUAS POPULAÇÕES EXÓTICAS DE MILHO

Resumo

O conhecimento das correlações, efeitos diretos e indiretos entre caracteres de importância no melhoramento de milho permite traçar estratégias mais eficientes na obtenção de ganhos genéticos. Os objetivos deste estudo foram estimar as correlações fenotípicas e genotípicas de caracteres agronômicos e de resistência a fitopatógenos importantes no melhoramento genético do milho; realizar análise de trilha tendo como principal caráter a produção de grãos; identificar critérios de seleção indireta para produtividade de grãos. Os experimentos foram realizados na área experimental da Universidade Federal de Uberlândia, Fazenda Glória e na área experimental da Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, na safrinha 2015. Utilizaram-se famílias de irmãos germanos de duas populações exóticas de milho. Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Avaliaram-se os caracteres: AP – altura de planta (cm), AE – altura de espiga (cm), FM – florescimento masculino (dias), NP – número de plantas, NE – número de espigas, PQ – número de plantas quebradas, AC – número de plantas acamadas, PG – peso de grãos (t ha⁻¹), HT - resistência a *Exserohilum turcicum*, MB - resistência a *Pantoea ananatis*, CE - resistência ao complexo de enfezamento, FP - resistência a *Puccinia polysora* e CZ - resistência a *Cercospora zea-maydis*. Para as variáveis de resistência a doenças foram realizadas três avaliações com auxílio de escalas diagramáticas com intervalo de 14 dias entre as mesmas e feito o cálculo da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). A população NAP5 apresentou altas correlações genéticas entre PG com AP, NP, NE e CE no experimento de Jataí. Em Uberlândia a NAP5 apresentou altas correlações entre PG com AP, NP, NE, MB e CE. Para a população NAP7 as correlações genéticas apresentaram alta magnitude entre PG e CE em UDI e entre PG e NE em Jataí. Os ganhos genéticos obtidos para PG pelo método de seleção direta variaram de 29,40 a 31,17%.

Palavras-chave: Doenças foliares, famílias de irmãos germanos, parâmetros genéticos, seleção direta e indireta.

CHAPTER 4: GENETIC AND PHENOTYPIC CORRELATIONS, PATH ANALYSIS AND GENETIC GAIN IN TWO EXOTIC MAIZE POPULATIONS

Abstract

Knowledge of correlations, direct and indirect effects between important traits for maize breeding allow to design more effective strategies to obtain genetic gains. This study evaluated phenotypic and genotypic correlations of agricultural traits and of resistance to important plant pathogens for genetic improvement of maize; performed path analysis keeping as central trait grain production; to identify indirect selection criteria for grain yield. The experiments were done at the experimental area of Universidade Federal de Uberlândia, Glória Farm, and at the experimental area of Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, in the 2015 second harvest. The families of German siblings from two exotic maize populations were used. The experimental design was randomized blocks, with three replications. The following traits were evaluated: PH – plant height (cm), CH – cob height (cm), MF – male flowering (days), NP – number of plants, NC – number of cobs, BP – number of broken plants, BD – number of bedded plants, GY - grain yield ($t\ ha^{-1}$), HT – resistance to *Exserohilum turcicum*, MB – resistance to *Pantoea ananatis*, EC – resistance to the enrichment complex, FP – resistance to *Puccinia polysora* and CZ – resistance to *Cercospora zea-maydis*. For the disease resistance variables, three evaluations were performed using diagrammatic scales with a 14 day interval between them, and the area under the disease progress curve (AACPD) was calculated. The NAP5 population showed high genetic correlations between GY with PH, NP, NC and EC in the Jataí experiment. At the Uberlândia site NAP5 presented high correlations between GY with PH, NP, NC, MB and EC. For the NAP7 population the genetic correlations showed high magnitude between GY and EC in Uberlândia and between GY and NC in Jataí. The genetic gains obtained for GY by the direct selection method ranged from 29.40 to 31.17%.

Keywords: Leaf diseases, families of Germanic breeds, genetic parameters, direct and indirect selection.

1. INTRODUÇÃO

O cultivo do milho safrinha tornou-se hoje um dos grandes suportes da produção nacional de milho, galgando altas produtividades e grande foco da pesquisa atual (CRUZ et al., 2011). Na última safra 2016/2017, a segunda safra foi responsável por 68,9 % da produção total de milho (CONAB, 2018). Devido a grande importância e o crescimento acentuado do milho safrinha é imprescindível que os programas de melhoramento genético desenvolvam híbridos específicos para o cultivo na segunda safra, fazendo-se necessário a utilização de estratégias para melhorar a eficiência na seleção de genótipos promissores.

Um dos pontos importantes em programas de melhoramento de milho é a escolha de métodos de seleção que favoreça a identificação de genótipos superiores para obtenção de novos híbridos com várias características desejáveis, tais como, alta produtividade e resistência a fitopatógenos. A eficiência da seleção para caracteres que apresentam baixa herdabilidade e de difícil mensuração pode ser aumentada com a utilização de caracteres correlacionados. Diante disto, o conhecimento das correlações entre os caracteres permite traçar estratégias alternativas no processo de melhoramento para que a obtenção de ganhos genéticos seja maximizada e mais eficiente com a utilização de caracteres de alta herdabilidade e fácil mensuração, obtendo ganho de vários caracteres, simultaneamente (FALCONER; MACKAY, 1996).

Correlações de alta magnitude entre caracteres agronômicos no milho têm sido relatada por diversos autores (SOUZA et al., 2008; TOEBE; CARGNELUTTI FILHO, 2013; CABRAL et al., 2016). Outros autores também relataram altas magnitudes de correlação entre resistência a doenças e produtividade de grãos (BRITO et al., 2007; DUDIENAS et al., 2013).

Apesar dos coeficientes de correlação serem de grande utilidade na quantificação da magnitude e direção das influências de fatores na determinação de caracteres complexos, não dão a exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos destes fatores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Estudos sobre o desdobramento do coeficiente de correlação são feitos pela análise de trilha, desenvolvida por Wright (1921 e 1923) e detalhada por Li (1975).

A análise de trilha consiste na quantificação dos efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas sobre uma variável básica, cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão em que as variáveis são previamente padronizadas (CRUZ;

REGAZZI; CARNEIRO, 2012). O coeficiente de trilha é um método que analisa um sistema de múltiplas variáveis, relacionadas de modo linear e inclui todos os fatores básicos (causas) e suas variáveis resultantes (efeitos) (LI, 1956).

A partir do conhecimento das correlações, efeitos diretos e indiretos entre caracteres de interesse é possível obter ganhos satisfatórios com a utilização de métodos de seleção direta e indireta em programas de melhoramento de milho.

Os objetivos deste estudo foram avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas de caracteres agronômicos e de resistência a fitopatógenos importantes no melhoramento genético do milho; realizar análise de trilha tendo como principal caráter a produção de grãos; identificar critérios de seleção indireta para produtividade de grãos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos no período de fevereiro a julho de 2015 (safrinha) em dois locais: na Região Sudeste de Goiás em Jataí, na área experimental da Universidade Federal de Goiás, à latitude 17° 52' 53" sul e à longitude 51° 42' 52" oeste, estando à altitude de 676 m; na Região do Triângulo Mineiro em Uberlândia, na área experimental da Universidade Federal de Uberlândia, Fazenda Glória, à latitude 18° 58' 52" sul e à longitude 48° 12' 24" oeste e uma altitude de aproximadamente 912 m.

2.1. Material genético

As populações de milho NAP5 (resistente à *Exerohilum turcicum*) e NAP7 (resistente à *Physopella zae*) foram originadas de um projeto de cooperação técnico-científico NAP-Milho (Núcleo de Apoio a Pesquisa Milho), criado pelo departamento de genética da ESALQ/USP com o objetivo de identificar fontes confiáveis de resistência às principais doenças foliares do milho. Para esse fim, foram envolvidas diversas instituições públicas (CNPMS/EMBRAPA, IAC - Instituto Agronômico de Campinas, IAPAR - Instituto Agronômico do Paraná, ESALQ-USP, CENARGEM/EMBRAPA) e privadas (empresas Zêneca Sementes, Sementes Colorado, FT Sementes, Sementes Agroceres).

No ano agrícola de 1994/1995 foram avaliados 1273 acessos do BAG (Banco Ativo de Germoplasma, CENARGEM/EMBRAPA) em treze locais nos estados de Goiás, Mato Grosso, São Paulo e Paraná. Foram realizadas avaliações visuais para resistência a cinco doenças foliares e feito à seleção exclusiva para cada fitopatógeno, sendo excluídos alguns acessos com padrão baixo de produtividade de grãos e arquitetura da planta. O número de acessos que entraram na composição de cada população foram 41 (NAP5) e 34 (NAP7). Na formação de cada população foi tomada uma amostra isonumérica de sementes de cada acesso selecionado.

Os lotes foram semeados com isolamento na Estação Experimental de Anhembi, com polinização ao acaso. Depois da colheita, uma amostra aleatória de mil sementes foi tomada de cada população para semeadura do ciclo de recombinação. Dos lotes de recombinação, foram selecionadas cerca de 200 plantas de cada lote, que deram origem para as progêneres de meios irmãos, assim iniciando o programa de seleção recorrente intrapopulacional. Essas populações são exóticas, originadas de vários países (Anexo A).

e informações mais detalhadas sobre estas populações foram relatadas por Mendes et al. (2015).

Para obtenção das progênies de irmãos germanos de cada população foram semeados dois campos de cruzamento, constituído cada um por 500 sementes. A partir dos cruzamentos planta-a-planta foram obtidas 75 e 100 progênies de irmãos germanos das populações NAP5 e NAP7, respectivamente, para realizar os experimentos em Jataí-Goiás e Uberlândia-Minas Gerais.

2.2. Avaliação experimental

Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Cada parcela experimental foi constituída de uma fileira de plantas de milho com 4 metros de comprimento, espaçada em 0,9 metros. Após a realização do desbaste as parcelas ficaram com 20 plantas. Em cada parcela amostraram-se 5 plantas, nas quais determinaram-se a severidade para os cinco patógenos. As avaliações de severidade foram realizadas a partir do surgimento dos primeiros sintomas das doenças, realizando-se três avaliações com intervalo de 14 dias entre as mesmas.

Os caracteres avaliados foram: AP - altura de planta (cm), AE - altura de espiga (cm), FM - florescimento masculino (dias), NE – número de espigas, PQ - número de plantas quebradas, AC - número de plantas acamadas, PG - peso de grãos (kg parcela^{-1}); HT – resistência a *Exserohilum turcicum* (AACPD), MB - resistência a *Pantoea ananatis* (AACPD), CE - resistência ao complexo de enfezamento (AACPD), FP – resistência a *Puccinia polysora* (AACPD) e CZ – resistência a *Cercospora zea-maydis* (AACPD).

As avaliações de severidade para MB e HT foram feitas com auxílio das escalas desenvolvidas para as respectivas doenças e estão apresentadas no Anexo 1D e 2D (MALAGI et al., 2011; LAZAROTO et al., 2012). Para as doenças CZ, FP e CE as avaliações de severidade realizou-se com auxílio da escala desenvolvida pela Agroceres (1996) (Anexo 3D), utilizada para avaliar a maioria das doenças foliares no milho.

Foi realizada a correção no caráter produtividade de grãos para o número de planta ideal (20 plantas), através da metodologia de correção por covariância, sugerida por Miranda Filho (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). A partir das análises de

variância e covariância para número de planta e produtividade de grãos, em blocos casualizados, estimou-se o coeficiente de regressão linear (b), obtido por $b = SP_{xy}/SQ_x$ sendo x o número de plantas e y a produtividade de grãos; SP_{xy} a soma de produtos residual de análise de covariância (número de planta x peso de grãos); SQ_x é a soma de quadrados residual da análise de variância para número de plantas.

A correção foi efetuada ao nível de totais de parcelas, ao invés de médias de tratamentos. Assim, o peso de campo corrigido (P_c) foi obtido do seguinte modo:

$P_c = P - b(x - 20)$, em que: P_c = peso corrigido de grãos; P = peso observado de grãos; b = coeficiente de regressão linear da produtividade de grãos, em relação às variações do número de plantas; x = número de plantas observado.

O manejo agronômico dos experimentos nos dois ensaios foi feito conforme recomendações para a cultura do milho (FANCELLI; DOURADO-NETO, 2000).

A análise para cada doença foi realizada através da área abaixo da curva de progresso de doença (AACPD), sendo utilizada para descrever a epidemia. Neste caso, baseando-se em avaliações de severidade, pode-se estabelecer uma curva da doença quantificada “*versus*” tempo. Segundo Shanner e Finley (1977), a AACPD é calculada pela fórmula:

$$\text{AACPD} = \sum[(Y_i + Y_{i-1})/2 \times (T_{i+1} - T_i)], \text{ em que:}$$

Y_i = severidade da doença na i -ésima observação;

$T_{i+1} - T_i$ = é o intervalo de tempo entre duas avaliações consecutivas.

2.3. Análise de correlação, análise de trilha e ganho genético

As estimativas de correlação, análise de trilha e ganho genético foram realizadas para as variáveis avaliadas de acordo com a metodologia descrita por Vencovsky e Barriga (1992) e Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), as fórmulas de correlação e ganho genético estão apresentadas no Anexo 1B.

A significância da correlação fenotípica foi estimada pelo teste t com $(n-2)$ graus de liberdade em que n corresponde ao número de genótipos avaliados. A significância das correlações genotípicas foi avaliada via *bootstrap* com 5.000 simulações (FERREIRA et al., 2008).

O diagnóstico de multicolinearidade envolvendo as doze variáveis realizou-se por meio do método do número de condições (NC). No método NC, verificou-se o grau de multicolinearidade na matriz de correlação $X'X$ que representa a razão entre o maior

e o menor autovalor da matriz de correlação (MONTGOMERY; PECK, 1982). Quando o NC resultante dessa divisão foi menor ou igual a 100, considerou-se haver multicolinearidade fraca entre as variáveis explicativas.

Em seguida, as correlações das demais variáveis e a variável PG (variável dependente) foram desdobradas em efeitos diretos e indiretos, pela análise de trilha, com uma cadeia, estabelecendo-se as relações de causa e efeito entre as características, conforme descrito por Cruz, Regazzi e Carneiro (2012). As interpretações dos resultados de trilha foram realizadas conforme Singh e Chaudhary (1979) como citado por Vencovsky e Barriga (1992).

Para as estimativas de ganho genético foi realizada seleção direta para as variáveis NE, PG, HT, MB, CE, FP e CZ e indireta para todos os caracteres. Na população NAP7 não foi realizada seleção direta para NE, por não apresentar relação de causa e efeito com PG. Foi utilizada a intensidade de seleção de 20%.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do Programa Computacional em Genética e Estatística - Programa Genes (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas tabelas 17, 18, 19 e 20, encontram-se as estimativas das correlações fenotípicas e genotípicas das populações NAP5 e NAP7 avaliadas em Jataí/GO e Uberlândia/MG. Na interpretação de correlações, três aspectos devem ser considerados a magnitude, a direção e a significância. Estimativas de coeficientes de correlação positiva indicam a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, correlações negativas indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui.

A correlação que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres é a fenotípica, sendo proveniente de causas genéticas e ambientais, porém só as genéticas envolvem uma associação de natureza herdável. (FALCONER, 1987; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Nas duas populações para ambos os locais avaliados, observou-se que, predominantemente, as correlações genotípicas foram mais elevadas do que as fenotípicas e de igual sinal, indicando menor influência do ambiente na expressão dos caracteres. Esses resultados são concordantes com os obtidos em outros estudos com milho (CHURATA; AYALA-OSUNA, 1996; CABRAL et al., 2016).

As correlações genéticas observadas na população NAP5 entre os caracteres AP e CE foram de alta magnitude, significativas e de direção contrária, ou seja, quanto maior a severidade do complexo de enfezamento, menor será a altura da planta. A redução no porte da planta ocorre porque os enfezamentos são doenças sistêmicas que afetam o desenvolvimento das plantas reduzindo o tamanho dos entrenós e consequentemente as plantas apresentam menores AP e AE (OLIVEIRA et al., 2004). Na população NAP7 a correlação entre AP e CE foi de alta magnitude no experimento avaliado em Uberlândia e de baixa magnitude em Jataí.

Altas correlações genéticas também foram observadas na população NAP5 entre os caracteres NE, PG e CE. As correlações entre NE e PG foram positivas indicando que quanto maior o número de espiga, maior foi a produtividade de grãos, no entanto, os caracteres NE e PG foram afetados pela severidade do CE, sendo observado correlações negativas entre a doença e esses dois caracteres. Como foi descrito anteriormente, o CE é uma doença sistêmica e além de reduzir o porte da planta e

também provoca uma redução na produção de grãos nas espigas e consequentemente afeta a produtividade final de grãos (COTA; COSTA; SILVA, 2015).

No entanto, apesar das populações exóticas apresentarem correlações significativas e de alta magnitude entre os caracteres, esses resultados não nos dão a exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Para uma maior eficiência no processo de seleção é importante quantificar os efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas sobre a variável principal e a análise de trilha auxilia o geneticista na quantificação destes efeitos.

Para obter uma confiabilidade nos resultados apresentados pela análise de trilha é importante que os caracteres avaliados não apresentem alta colinearidade. Com base no número de condições proposto por Montgomery e Peck (1981), a matriz de correlação $X'X$ com as treze variáveis apresentou multicolinearidade baixa com valores de 32 a 50, não constituindo problema para análise de trilha.

Nas Tabelas 21 e 22 estão apresentados os efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas sobre a produtividade de grãos. O maior coeficiente de determinação foi observado para população NAP5 avaliada em Jataí com valor igual a 0,82, caracterizando que 82% da variação da variável dependente PG no modelo está sendo explicada pelas variáveis utilizadas no diagrama causal. Para a população NAP7 não foi apresentada a análise de trilha devido aos coeficientes de correlação entre as variáveis explicativas e a variável principal (PG) serem de baixa magnitude.

Apesar das variáveis NP, NE e CE apresentarem correlações altas sobre PG em pelo menos um dos locais avaliados, apenas o NE apresentou uma relação de causa e efeito com o PG, pois seus efeitos diretos avaliados na população NAP5 (Jataí) foram superiores ao efeito da variável residual. Este resultado evidencia como o estudo de correlações pode levar o pesquisador a cometer erros durante o processo de seleção, e também corrobora a afirmativa sobre quão importante é fazer-se o desdobramento das correlações em efeitos diretos e indiretos. Assim, pode-se inferir que tanto a seleção direta de progêneres mais produtivas, quanto a seleção indireta de progêneres que apresentam um maior NE são eficientes no aumento da produtividade de grãos de milho para a população NAP5.

TABELA 17. Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre treze caracteres avaliados em setenta e cinco progênies de irmãos germanos da população exótica de milho NAP-5. Jataí, 2015

^f Caracteres	AP	AE	FM	NP	NE	PQ	PA	PG	HT	MB	CE	FE	CZ
AP		0,79**	0,08 ^{NS}	0,37**	0,46**	-0,09 ^{NS}	0,27*	0,49**	-0,26*	0,03 ^{NS}	-0,52**	-0,04 ^{NS}	-0,03 ^{NS}
AE	0,83 ⁺⁺		0,42**	0,40**	0,32**	0,09 ^{NS}	0,33**	0,32**	-0,36**	-0,09 ^{NS}	-0,46**	-0,0 ^{NS}	0,04 ^{NS}
FM	0,10 ⁺⁺	0,53 ⁺⁺		-0,08 ^{NS}	-0,32**	-0,06 ^{NS}	0,28*	-0,34**	-0,21 ^{NS}	-0,14 ^{NS}	0,23**	-0,17 ^{NS}	0,05 ^{NS}
NP	0,63 ⁺⁺	0,69 ⁺⁺	-0,04 ⁺⁺		0,57**	0,32**	0,18 ^{NS}	0,52**	-0,19 ^{NS}	-0,26*	-0,60**	0,05 ^{NS}	-0,02 ^{NS}
NE	0,65 ⁺⁺	0,42 ⁺⁺	-0,39 ⁺⁺	0,88 ⁺⁺		0,02 ^{NS}	0,01 ^{NS}	0,87**	-0,36**	0,02 ^{NS}	-0,59**	0,02 ^{NS}	-0,08 ^{NS}
PQ	-0,11 ⁺⁺	0,16 ⁺⁺	-0,06 ⁺⁺	0,32 ⁺⁺	0,09 ⁺⁺		-0,43**	0,07 ^{NS}	0,03 ^{NS}	-0,14 ^{NS}	-0,04 ^{NS}	0,19 ^{NS}	0,08 ^{NS}
PA	0,41 ⁺⁺	0,53 ⁺⁺	0,40 ⁺⁺	0,18 ⁺⁺	0,08 ⁺⁺	-0,74 ⁺⁺		-0,05 ^{NS}	-0,09 ^{NS}	-0,08 ^{NS}	-0,14 ^{NS}	-0,09 ^{NS}	0,06 ^{NS}
PG	0,62 ⁺⁺	0,38 ⁺⁺	-0,41 ⁺⁺	0,52 ⁺⁺	1,04 ⁺⁺	0,19 ⁺⁺	0,06 ⁺⁺		-0,32**	-0,12 ^{NS}	-0,60**	-0,01 ^{NS}	-0,13 ^{NS}
HT	-0,30 ⁺⁺	-0,39 ⁺⁺	-0,27 ⁺⁺	-0,19 ⁺⁺	-0,47 ⁺⁺	0,04 ⁺⁺	-0,19 ⁺⁺	-0,39 ⁺⁺		-0,01 ^{NS}	0,29*	0,32**	-0,04 ^{NS}
MB	0,04 ⁺⁺	-0,09 ⁺⁺	-0,17 ⁺⁺	-0,26 ⁺⁺	0,05 ⁺⁺	-0,28 ⁺⁺	-0,11 ⁺⁺	-0,13 ⁺⁺	-0,03 ⁺⁺		-0,01 ^{NS}	0,34**	0,35**
CE	-0,73 ⁺⁺	-0,59 ⁺⁺	0,29 ⁺⁺	-0,60 ⁺⁺	-0,82 ⁺⁺	-0,16 ⁺⁺	-0,29 ⁺⁺	-0,74 ⁺⁺	0,30 ⁺⁺	-0,02 ⁺⁺		-0,08 ^{NS}	0,18 ^{NS}
FE	-0,10 ⁺⁺	-0,11 ⁺⁺	-0,24 ⁺⁺	0,05 ⁺⁺	-0,00 ⁺⁺	0,22 ⁺⁺	-0,20 ⁺⁺	-0,03 ⁺⁺	0,46 ⁺⁺	0,52 ⁺⁺	-0,12 ⁺⁺		0,07 ^{NS}
CZ	0,01 ⁺⁺	0,09 ⁺⁺	0,07 ⁺⁺	-0,02 ⁺⁺	-0,12 ⁺⁺	0,15 ⁺⁺	0,00 ⁺⁺	-0,19 ⁺⁺	-0,04 ⁺⁺	0,52 ⁺⁺	0,24 ⁺⁺	0,08 ⁺⁺	

**: significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo test t. ^{NS}: não significativo. ⁺⁺: significativo a 1% pelo método de bootstrap com 5 mil simulações.

^f: AP: altura de planta; AE: altura de espiga; FM: florescimento masculino; NP: número de plantas; NE: número de espigas; PQ: número de plantas quebradas; AC: número de plantas acamadas; PG: produtividade de grãos; HT: resistência a *Exserohilum turcicum*, MB: resistência a *Pantoea ananatis*, CE: resistência ao Complexo de enfezamento , FP: resistência a *Puccinia polysora* e CZ: resistência a *Cercospora zea-maydis*.

TABELA 18. Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre treze caracteres avaliados em setenta e cinco progênies de irmãos germanos da população exótica de milho NAP-5. Uberlândia, 2015

[‡] Caracteres	AP	AE	FM	NP	NE	PQ	PA	PG	HT	MB	CE	FE	CZ
AP		0,79**	0,11 ^{NS}	0,46**	0,46**	0,01 ^{NS}	0,38**	0,47**	-0,26*	0,03 ^{NS}	-0,55**	0,05 ^{NS}	-0,05 ^{NS}
AE	0,82 ⁺⁺		0,47**	0,24*	0,23*	0,22 ^{NS}	0,47**	0,21 ^{NS}	-0,25*	-0,02 ^{NS}	-0,27*	0,00 ^{NS}	0,04 ^{NS}
FM	0,15 ⁺⁺	0,54 ⁺⁺		-0,27*	-0,33**	0,03 ^{NS}	0,43**	-0,26*	-0,12 ^{NS}	-0,12 ^{NS}	0,28*	-0,26*	0,01 ^{NS}
NP	0,82 ⁺⁺	0,37 ⁺⁺	-0,49 ⁺⁺		-	0,04 ^{NS}	0,08 ^{NS}	0,36 ^{NS}	-0,08 ^{NS}	0,24 ^{NS}	-0,54 ^{NS}	0,20 ^{NS}	-0,18 ^{NS}
NE	0,65 ⁺⁺	0,30 ⁺⁺	-0,46 ⁺⁺	-		-0,05 ^{NS}	0,02 ^{NS}	0,56**	-0,27*	0,10 ^{NS}	-0,57**	0,16 ^{NS}	-0,08 ^{NS}
PQ	0,15 ⁺⁺	0,44 ⁺⁺	-0,02 ⁺⁺	0,09 ⁺⁺	-0,15 ⁺⁺		-0,11 ^{NS}	-0,04 ^{NS}	-0,02 ^{NS}	0,22 ^{NS}	0,01 ^{NS}	0,07 ^{NS}	-0,01 ^{NS}
PA	0,81 ⁺⁺	0,89 ⁺⁺	0,71 ⁺⁺	-0,11 ⁺⁺	0,19 ⁺⁺	0,06 ⁺⁺		0,16 ^{NS}	-0,31**	-0,04 ^{NS}	-0,17 ^{NS}	-0,24*	-0,07 ^{NS}
PG	0,60 ⁺⁺	0,21 ⁺⁺	-0,30 ⁺⁺	0,51 ⁺⁺	0,74 ⁺⁺	-0,02 ⁺⁺	0,46 ⁺⁺		-0,36**	0,05 ^{NS}	-0,62**	0,05 ^{NS}	-0,11 ^{NS}
HT	-0,31 ⁺⁺	-0,28 ⁺⁺	-0,14 ⁺⁺	-0,09 ⁺⁺	-0,37 ⁺⁺	-0,09 ⁺⁺	-0,49 ⁺⁺	-0,44 ⁺⁺		0,09 ^{NS}	0,29*	-0,07 ^{NS}	-0,11 ^{NS}
MB	0,07 ⁺⁺	-0,01 ⁺⁺	-0,13 ⁺⁺	0,59 ⁺⁺	0,18 ⁺⁺	0,40 ⁺⁺	-0,04 ⁺⁺	0,05 ⁺⁺	0,10 ⁺⁺		-0,17 ^{NS}	0,14 ^{NS}	-0,09 ^{NS}
CE	-0,69 ⁺⁺	-0,31 ⁺⁺	0,34 ⁺⁺	-0,99 ⁺⁺	-1,01 ⁺⁺	-0,03 ⁺⁺	-0,36 ⁺⁺	-0,82 ⁺⁺	0,38 ⁺⁺	-0,21 ⁺⁺		-0,31**	0,08 ^{NS}
FE	-0,09 ⁺⁺	-0,12 ⁺⁺	-0,44 ⁺⁺	0,32 ⁺⁺	0,12 ⁺⁺	0,23 ⁺⁺	-0,58 ⁺⁺	0,01 ⁺⁺	-0,07 ⁺⁺	0,36 ⁺⁺	-0,63 ⁺⁺		0,00 ^{NS}
CZ	-0,10 ⁺⁺	0,06 ⁺⁺	0,02 ⁺⁺	-0,45 ⁺⁺	-0,24 ⁺⁺	-0,16 ⁺⁺	-0,35 ⁺⁺	-0,29 ⁺⁺	-0,08 ⁺⁺	-0,09 ⁺⁺	0,15 ⁺⁺	-0,20 ⁺⁺	

**: significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo test t. ^{NS}: não significativo. ⁺⁺: significativo a 1% pelo método de bootstrap com 5 mil simulações.

[‡]: AP: altura de planta; AE: altura de espiga; FM: florescimento masculino; NP: número de plantas; NE: número de espiga; PQ: número de plantas quebradas; AC: número de plantas acamadas; PG: produtividade de grãos; HT: resistência a *Exserohilum turcicum*, MB: resistência a *Pantoea ananatis*, CE: resistência ao complexo de enfezamento, FE: resistência a *Puccinia polysora* e CZ: resistência a *Cercospora zea-maydis*.

TABELA 19. Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre treze caracteres avaliados em setenta e cinco progênies de irmãos germanos da população exótica de milho NAP-7. Jataí, 2015

[‡] Caracteres	AP	AE	FM	NP	NE	PQ	PA	PG	HT	MB	CE	FE	CZ
AP		0,80**	0,23*	0,24*	0,25	0,17 ^{NS}	0,14 ^{NS}	0,08 ^{NS}	-0,13 ^{NS}	0,19 ^{NS}	-0,13 ^{NS}	-0,05 ^{NS}	-0,20*
AE	0,84 ⁺⁺		0,33**	0,18 ^{NS}	0,23	0,24*	0,16 ^{NS}	0,13 ^{NS}	-0,18 ^{NS}	0,15 ^{NS}	-0,19 ^{NS}	-0,02 ^{NS}	-0,20*
FM	0,25 ⁺⁺	0,38 ⁺⁺		-0,15 ^{NS}	-0,06	0,05 ^{NS}	0,07 ^{NS}	0,06 ^{NS}	-0,19 ^{NS}	-0,08 ^{NS}	0,00 ^{NS}	-0,12 ^{NS}	0,01 ^{NS}
NP	0,30 ⁺⁺	0,23 ⁺⁺	-0,18 ⁺⁺		0,51**	0,28**	0,29*	0,21*	-0,04 ^{NS}	0,05 ^{NS}	-0,27**	0,21*	0,12 ^{NS}
NE	0,39 ⁺⁺	0,35 ⁺⁺	-0,10 ⁺⁺	0,77 ⁺⁺		0,10 ^{NS}	0,06 ^{NS}	0,59**	-0,17 ^{NS}	0,14 ^{NS}	-0,27**	0,14 ^{NS}	0,04 ^{NS}
PQ	0,20 ⁺⁺	0,33 ⁺⁺	0,14 ⁺⁺	0,19 ⁺⁺	0,08 ⁺⁺		-0,49**	0,09 ^{NS}	-0,03 ^{NS}	-0,11 ^{NS}	-0,12 ^{NS}	0,14 ^{NS}	0,17 ^{NS}
PA	0,21 ⁺⁺	0,25 ⁺⁺	0,20 ⁺⁺	0,02 ⁺⁺	0,18 ⁺⁺	-0,87 ⁺⁺		-0,06 ^{NS}	-0,08 ^{NS}	0,16 ^{NS}	-0,09 ^{NS}	-0,06 ^{NS}	-0,07 ^{NS}
PG	0,10 ⁺⁺	0,16 ⁺⁺	0,08 ⁺⁺	0,34 ⁺⁺	0,89 ⁺⁺	0,13 ⁺⁺	-0,05 ⁺⁺		-0,19 ^{NS}	-0,10 ^{NS}	-0,07 ^{NS}	0,02 ^{NS}	-0,07 ^{NS}
HT	-0,16 ⁺⁺	-0,22 ⁺⁺	-0,20 ⁺⁺	-0,10 ⁺⁺	-0,22 ⁺⁺	-0,07 ⁺⁺	-0,18 ⁺⁺	-0,21 ⁺⁺		0,23*	0,09 ^{NS}	-0,09 ^{NS}	0,11 ^{NS}
MB	0,22 ⁺⁺	0,17 ⁺⁺	-0,14 ⁺⁺	0,11 ⁺⁺	0,20 ⁺⁺	-0,16 ⁺⁺	0,31 ⁺⁺	-0,11 ⁺⁺	0,26 ⁺⁺		0,24*	0,08 ^{NS}	-0,20*
CE	-0,19 ⁺⁺	-0,25 ⁺⁺	-0,01 ⁺⁺	-0,47 ⁺⁺	-0,44 ⁺⁺	-0,23 ⁺⁺	-0,15 ⁺⁺	-0,08 ⁺⁺	0,12 ⁺⁺	0,33 ⁺⁺		-0,26**	-0,10 ^{NS}
FE	-0,13 ⁺⁺	-0,07 ⁺⁺	-0,19 ⁺⁺	0,42 ⁺⁺	0,18 ⁺⁺	0,22 ⁺⁺	-0,01 ⁺⁺	-0,02 ⁺⁺	-0,19 ⁺⁺	0,13 ⁺⁺	-0,44 ⁺⁺		0,13 ^{NS}
CZ	-0,29 ⁺⁺	-0,29 ⁺⁺	0,00 ⁺⁺	0,30 ⁺⁺	0,03 ⁺⁺	0,29 ⁺⁺	-0,09 ⁺⁺	-0,07 ⁺⁺	0,11 ⁺⁺	-0,34 ⁺⁺	-0,13 ⁺⁺	0,11 ⁺⁺	

**: significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo test t. ^{NS}: não significativo. ⁺⁺: significativo a 1% pelo método de bootstrap com 5 mil simulações.

[‡]: AP: altura de planta; AE: altura de espiga; FM: florescimento masculino; NP: número de plantas; NE: número de espiga; PQ: número de plantas quebradas; AC: número de plantas acamadas; PG: produtividade de grãos; HT: a resistência *Exserohilum turcicum*, MB: resistência a *Pantoea ananatis*, CE: resistência ao complexo de enfezamento, FP: resistência a *Puccinia polysora* e CZ: resistência a *Cercospora zea-maydis*.

TABELA 20. Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e genotípica (abaixo da diagonal) entre treze caracteres avaliados em setenta e cinco progênies de irmãos germanos da população exótica de milho NAP-7. Uberlândia, 2015

[‡] Caracteres	AP	AE	FM	NP	NE	PQ	PA	PG	HT	MB	CE	FE	CZ
AP		0,84**	0,22*	0,19 ^{NS}	0,46**	0,32**	0,05 ^{NS}	0,29**	0,05 ^{NS}	0,14 ^{NS}	-0,50**	-0,13 ^{NS}	-0,01 ^{NS}
AE	0,87 ⁺⁺		0,44**	0,04 ^{NS}	0,36**	0,51**	0,11 ^{NS}	0,21*	-0,02 ^{NS}	0,18 ^{NS}	-0,48**	-0,04 ^{NS}	-0,03 ^{NS}
FM	0,37 ⁺⁺	0,60 ⁺⁺		-0,18 ^{NS}	0,02 ^{NS}	0,30**	0,28**	-0,03 ^{NS}	-0,12 ^{NS}	0,03 ^{NS}	-0,21*	-0,08 ^{NS}	-0,03 ^{NS}
NP	0,25 ⁺⁺	0,05 ⁺⁺	-0,31 ⁺⁺		0,44**	-0,13 ^{NS}	-0,07 ^{NS}	0,12 ^{NS}	-0,13 ^{NS}	-0,03 ^{NS}	-0,26**	-0,24**	-0,14 ^{NS}
NE	0,63 ⁺⁺	0,47 ⁺⁺	0,13 ⁺⁺	0,63 ⁺⁺		0,04 ^{NS}	0,04 ^{NS}	0,22*	-0,06 ^{NS}	0,02 ^{NS}	-0,37**	-0,07 ^{NS}	-0,09 ^{NS}
PQ	0,63 ⁺⁺	1,00 ⁺⁺	0,78 ⁺⁺	-0,75 ⁺⁺	0,03 ⁺⁺		-0,01 ^{NS}	-0,12 ^{NS}	0,01 ^{NS}	0,12 ^{NS}	-0,24*	-0,11 ^{NS}	0,03 ^{NS}
PA	0,27 ⁺⁺	0,28 ⁺⁺	0,48 ⁺⁺	-0,53 ⁺⁺	0,30 ⁺⁺	0,67 ⁺⁺		0,21*	-0,06 ^{NS}	0,00 ^{NS}	-0,11 ^{NS}	-0,30**	-0,03 ^{NS}
PG	0,34 ⁺⁺	0,24 ⁺⁺	-0,04 ⁺⁺	0,27 ⁺⁺	0,30 ⁺⁺	-0,25 ⁺⁺	0,46 ⁺⁺		-0,20*	-0,19 ^{NS}	-0,30**	-0,02 ^{NS}	-0,01 ^{NS}
HT	0,02 ⁺⁺	-0,07 ⁺⁺	-0,15 ⁺⁺	-0,26 ⁺⁺	-0,07 ⁺⁺	-0,16 ⁺⁺	-0,14 ⁺⁺	-0,26 ⁺⁺		0,09 ^{NS}	0,07 ^{NS}	-0,06 ^{NS}	-0,05 ^{NS}
MB	0,23 ⁺⁺	0,25 ⁺⁺	0,04 ⁺⁺	0,01 ⁺⁺	0,01 ⁺⁺	0,13 ⁺⁺	-0,12 ⁺⁺	-0,21 ⁺⁺	0,14 ⁺⁺		-0,07 ^{NS}	-0,05 ^{NS}	-0,19 ^{NS}
CE	-0,64 ⁺⁺	-0,63 ⁺⁺	-0,34 ⁺⁺	-0,54 ⁺⁺	-0,52 ⁺⁺	-0,57 ⁺⁺	-0,28 ⁺⁺	-0,40 ⁺⁺	0,07 ⁺⁺	-0,18 ⁺⁺		0,10 ^{NS}	-0,11 ^{NS}
FE	-0,14 ⁺⁺	0,07 ⁺⁺	-0,04 ⁺⁺	-0,77 ⁺⁺	-0,14 ⁺⁺	-0,49 ⁺⁺	-0,44 ⁺⁺	-0,01 ⁺⁺	-0,04 ⁺⁺	0,01 ⁺⁺	0,07 ⁺⁺		0,09 ^{NS}
CZ	0,01 ⁺⁺	-0,04 ⁺⁺	-0,01 ⁺⁺	-0,51 ⁺⁺	-0,23 ⁺⁺	-0,07 ⁺⁺	-0,09 ⁺⁺	-0,03 ⁺⁺	-0,12 ⁺⁺	-0,34 ⁺⁺	-0,28 ⁺⁺	0,10 ⁺⁺	

**: significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo test t. ^{NS}: não significativo. ⁺⁺: significativo a 1% pelo método de bootstrap com 5 mil simulações.

[‡]: AP: altura de planta; AE: altura de espiga; FM: florescimento masculino; NP: número de plantas; NE: número de espiga; PQ: número de plantas quebradas; AC: número de plantas acamadas; PG: produtividade de grãos; HT: a resistência *Exserohilum turcicum*, MB: resistência a *Pantoea ananatis*, CE: resistência ao complexo de enfezamento, FP: resistência a *Puccinia polysora* e CZ: resistência a *Cercospora zea-maydis*.

TABELA 21. Efeitos diretos e indiretos dos caracteres explicativos altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), florescimento masculino (FM), número de plantas (NP), número de espigas (NE), número de plantas quebradas (PQ), número de plantas acamadas (AC), resistência a *Exserohilum turcicum* (HT), resistência a *Pantoea ananatis* (MB), resistência ao complexo de enfezamento (CE), resistência a *Puccinia polysora* (FP) e *Cercospora zeae* (CZ) sobre a produtividade de grãos, coeficiente de determinação da análise de trilha e efeito da variável residual da população NAP5. Jataí, 2015

Efeitos	AP	AE	FM	NP	NE	PQ	AC	HT	MB	CE	FP	CZ
Efeito direto PG	0,230	-0,120	-0,061	-0,086	0,737	0,033	-0,081	-0,047	-0,210	-0,144	0,023	0,044
Efeito indireto AP		0,183	0,018	0,085	0,106	-0,020	0,062	-0,059	0,006	-0,120	-0,008	-0,007
Efeito indireto AE	-0,095		-0,050	-0,048	-0,038	-0,011	-0,040	0,043	0,011	0,055	0,007	-0,005
Efeito indireto FM	-0,005	-0,025		0,005	0,019	0,004	-0,017	0,013	0,009	-0,014	0,011	-0,003
Efeito indireto NP	-0,032	-0,034	0,007		-0,049	-0,028	-0,015	0,016	0,023	0,051	-0,005	0,002
Efeito indireto NE	0,339	0,237	-0,233	0,420		0,015	0,010	-0,266	0,015	-0,435	0,017	-0,060
Efeito indireto PQ	-0,003	0,003	-0,002	0,011	0,001		-0,014	0,001	-0,005	-0,001	0,006	0,003
Efeito indireto AC	-0,022	-0,027	-0,022	-0,014	-0,001	0,034		0,007	0,007	0,012	0,007	-0,005
Efeito indireto HT	0,012	0,017	0,010	0,009	0,017	-0,001	0,004		0,001	-0,014	-0,015	0,002
Efeito indireto MB	-0,006	0,019	0,030	0,056	-0,004	0,030	0,017	0,003		0,002	-0,071	-0,073
Efeito indireto CE	0,075	0,066	-0,033	0,086	0,085	0,006	0,021	-0,042	0,001		0,011	-0,026
Efeito indireto FP	-0,001	-0,001	-0,004	0,001	0,001	0,004	-0,002	0,007	0,008	-0,002		0,001
Efeito indireto CZ	-0,001	0,002	0,002	-0,001	-0,004	0,003	0,002	-0,002	0,015	0,008	0,003	
Total	0,493	0,319	-0,338	0,524	0,869	0,071	-0,052	-0,325	-0,120	-0,603	-0,013	-0,128
Coeficiente de determinação	0,820											
Efeito da variável residual	0,424											

TABELA 22. Efeitos diretos e indiretos dos caracteres explicativos altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), florescimento masculino (FM), número de plantas (NP), número de espigas (NE), número de plantas quebradas (PQ), número de plantas acamadas (AC), resistência a *Exserohilum turcicum* (HT), resistência a *Pantoea ananatis* (MB), resistência ao complexo de enfezamento (CE), resistência a *Puccinia polysora* (FP) e *Cercospora zeae* (CZ) sobre a produtividade de grãos, coeficiente de determinação da análise de trilha e efeito da variável residual da população NAP5. Uberlândia, 2015

Efeitos	AP	AE	FM	NP	NE	PQ	AC	HT	MB	CE	FP	CZ
Efeito direto PG	0,295	-0,151	-0,144	-0,154	0,273	0,036	0,039	-0,181	-0,013	-0,359	-0,130	-0,081
Efeito indireto AP		0,234	0,032	0,136	0,137	0,002	0,113	-0,078	0,010	-0,163	0,016	-0,015
Efeito indireto AE	-0,120		-0,071	-0,036	-0,035	-0,033	-0,071	0,038	0,003	0,040	0,001	-0,005
Efeito indireto FM	-0,015	-0,067		0,039	0,047	-0,005	-0,062	0,018	0,017	-0,041	0,037	-0,001
Efeito indireto NP	-0,071	-0,037	0,042		-0,099	-0,007	-0,013	0,013	-0,036	0,084	-0,031	0,027
Efeito indireto NE	0,126	0,063	-0,090	0,175		-0,013	0,005	-0,073	0,027	-0,156	0,043	-0,023
Efeito indireto PQ	0,000	0,008	0,001	0,002	-0,002		-0,004	-0,001	0,008	0,000	0,003	0,000
Efeito indireto AC	0,015	0,018	0,017	0,003	0,001	-0,004		-0,012	-0,001	-0,007	-0,009	-0,003
Efeito indireto HT	0,048	0,045	0,022	0,015	0,048	0,004	0,057		-0,016	-0,052	0,013	0,021
Efeito indireto MB	0,000	0,000	0,002	-0,003	-0,001	-0,003	0,001	-0,001		0,002	-0,002	0,001
Efeito indireto CE	0,199	0,096	-0,102	0,195	0,206	-0,005	0,061	-0,104	0,061		0,112	-0,030
Efeito indireto FP	-0,007	0,001	0,033	-0,026	-0,020	-0,010	0,031	0,010	-0,018	0,040		0,001
Efeito indireto CZ	0,004	-0,003	-0,001	0,014	0,007	0,001	0,006	0,009	0,008	-0,007	0,000	
Total	0,473	0,206	-0,259	0,360	0,561	-0,036	0,162	-0,363	0,047	-0,618	0,053	-0,109
Coeficiente de determinação	0,537											
Efeito da variável residual	0,681											

Em relação às variáveis de resistência a doença o CE apresentou correlação de alta magnitude com PG em ambos os locais avaliados, no entanto, o efeito direto foi inferior ao efeito da variável residual e o efeito indireto do NE no ensaio avaliado em Jataí foi superior ao efeito residual, constatando novamente o forte efeito desta variável sobre o PG.

As estimativas de ganho genético das populações NAP 5 e NAP7 avaliadas em Jataí/GO e Uberlândia/MG estão apresentadas nas tabelas 23 e 24, contudo para a população NAP7 as estimativas só foram realizadas para ganho de seleção direta, devido a baixa magnitude das correlações observadas nesta população.

Com intensidade de seleção de 20% para as duas populações em ambos os locais, os maiores ganhos diretos foram obtidos para o caráter MB na população NAP5 com estimativas negativas de 55,17 e 44,89% em Jataí e Uberlândia respectivamente. Para a população NAP7 as maiores estimativas foram observadas para o caráter PG, que apresentou o maior valor no ensaio de Uberlândia com ganho de 31,17% na produtividade. Para estimativas de ganhos indiretos, foi observado o maior valor de 25,96% para PG quando o caráter selecionado foi NE na população NAP5. Os ganhos genéticos obtidos na produção de grãos foram superiores aos valores observados em estudos com populações semiexóticas de milho (OLIVEIRA et al., 2015; SOUZA, et al., 2018).

Quando foi realizada seleção direta para PG, observou-se um ganho na redução da severidade da maioria das doenças avaliadas na população NAP5 e as estimativas variaram de acordo o local avaliado, mas a seleção indireta para resistência pode não ser eficiente devido aos baixos coeficientes de trilha apresentados pelas variáveis avaliadas. Em relação aos caracteres agronômicos a seleção direta para PG na população NAP5 aumentou o número de plantas quebradas em Jataí em 11,7% e na população NAP7 aumentou o número de plantas acamadas em Uberlândia em 8,55%. Em casos de experimentos no qual a colheita é realizada manualmente, todas as plantas são colhidas, inclusive plantas quebradas e acamadas. No entanto, quando os genótipos são cultivados em lavouras com colheita mecanizada, as plantas quebradas e acamadas podem provocar uma alta queda na produtividade de grãos. Portanto, é necessário fazer novas avaliações para os caracteres PQ e AC após a recombinação das famílias selecionadas.

A variável NE apresentou causa e efeito com PG, podendo ser utilizada para seleção indireta, entretanto o ganho com seleção direta proporciona maiores ganhos em

relação a seleção indireta. Este resultado é devido à estimativa de herdabilidade para PG (0,77) na população NAP5 ser maior do que para NE (0,61).

Na tabela 25 estão apresentadas as quinze famílias de irmãos germanos selecionadas na população NAP5 e as vinte famílias selecionadas para a população NAP7 nos dois locais de avaliação para cada variável. Essas famílias foram selecionadas pelo seu potencial produtivo e/ou pela resistência apresentada aos fitopatógenos avaliados.

TABELA 23. Estimativas de ganho genético em porcentagem, pelo método de seleção direta para NE, PG, HT, MB, CE, FP e CZ e indireta para treze caracteres avaliados, média da população (Xo) e média das quinze famílias selecionadas (Xs) na população exótica de milho NAP-5. Jataí e Uberlândia, 2015

[‡] Caracteres	AP	AE	FM	NP	NE	PQ	AC	PG	HT	MB	CE	FP	CZ
NAP5 – Jataí													
NE	2,54	3,37	-1,59	3,99	25,13	2,75	2,79	25,96	-20,38	-1,49	-15,16	-1,07	0,42
PG	2,05	1,71	-2,31	3,31	20,59	11,7	-7,08	30,67	-19,77	-7,86	-17,27	2,59	-3,11
HT	1,49	2,26	-0,39	-0,71	10,29	0,00	-3,98	12,92	-40,6	-12,34	-8,89	-5,36	-0,85
MB	-1,64	-1,75	-0,11	2,49	2,27	7,57	2,59	4,10	-3,69	-55,17	-0,94	-4,87	-7,97
CE	2,62	5,19	-0,57	3,86	14,31	1,38	2,98	15,11	-22,07	-3,41	-30,81	-1,55	-0,73
FP	0,30	1,05	1,21	-1,8	-5,21	-9,29	2,98	-4,42	-20,87	-9,32	8,06	-14,94	-1,46
CZ	0,26	1,11	-0,02	-0,5	3,88	-6,54	-0,12	5,56	-10,68	-13,46	-13,02	-3,29	-19,78
Xo	194,48	108,92	58,22	13,19	10,07	3,27	5,52	3,21	285,08	211,74	734,36	275,42	127,72
Xs	-	-	-	-	14,24	-	-	4,50	138,09	75,93	426,31	201,22	79,58
NAP5 – Uberlândia													
NE	2,95	2,49	-0,97	2,49	14,50	-8,23	-2,05	15,65	-12,92	2,68	-10,11	-0,30	2,43
PG	1,64	-1,43	-1,28	0,85	5,97	-2,27	-9,21	29,97	-8,67	-1,81	-16,56	0,00	-2,14
HT	-0,34	-3,98	-1,31	-0,26	3,68	-6,06	-4,43	10,84	-36,3	-11,83	-14,26	3,19	2,36
MB	-0,84	-1,55	0,90	-1,70	-2,40	-7,15	-2,73	-5,26	0,85	-44,89	10,91	-1,85	-0,98
CE	3,08	2,21	-1,07	1,45	3,38	-6,06	9,55	12,13	-7,34	15,17	-28,72	3,34	0,57
FP	0,45	1,49	1,14	-0,62	0,56	0,97	4,43	-3,09	-4,73	-5,66	3,29	-9,83	-1,67
CZ	-0,07	-0,29	0,25	0,02	0,49	-1,73	0,68	-0,33	1,90	2,29	1,13	-1,50	-19,27
Xo	191,08	106,60	59,17	17,34	13,94	1,67	2,49	1,97	464,39	372,41	817,60	237,97	90,32
Xs	-	-	-	-	14,50	-	-	2,86	266,8	170,89	493,42	166,91	51,64

[‡]: AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); FM: florescimento masculino (dias); PQ: número de plantas quebradas; AC: número de plantas acamadas; PG: produtividade de grãos (t ha⁻¹); HT: reação de resistência *Exserohilum turcicum* (AACPD), MB: resistência *Pantoea ananatis*(AACPD), CE: resistência complexo de enfezamento (AACPD), FP: resistência *Puccinia polysora* (AACPD) e CZ: resistência *Cercospora zea-maydis*(AACPD).

TABELA 24. Estimativas de ganho genético em porcentagem (GS%), pelo método de seleção direta para PG, HT, MB, CE, FP e CZ, média da população (Xo) e média das vinte famílias selecionadas (Xs) na população exótica de milho NAP-7. Jataí e Uberlândia, 2015

^f Caracteres	PG	HT	MB	CE	FP	CZ
NAP7 – Jataí						
GS%	29,40	-40,61	-38,57	-28,31	-15,67	-24,81
Xo	4,45	365,81	248,74	709,23	295,95	142,63
Xs	5,91	186,95	122,53	448,97	206,62	86,02
NAP7 – Uberlândia						
GS%	31,17	-18,48	-22,11	-18,33	-17,78	-19,78
Xo	3,75	658,41	464,92	616,44	286,21	115,59
Xs	5,03	469,93	301,38	411,02	182,70	66,27

^f: PG: produtividade de grãos ($t\ ha^{-1}$); HT: reação de resistência *Exserohilum turcicum* (AACPD), MB: resistência *Pantoea ananatis*(AACPD), CE: resistência complexo de enfezamento (AACPD), FP: resistência *Puccinia polysora* (AACPD) e CZ: resistência *Cercospora zea-maydis*(AACPD).

Na população NAP5 das várias famílias selecionadas, dezessete famílias apresentaram superioridade em três ou mais caracteres avaliados simultaneamente, e as famílias 1, 7, 13, 20, 24 e 57 se destacaram por serem superiores nos dois ambientes avaliados. Para a população NAP7 o número de famílias com estas características foram vinte e as que apresentaram superioridade nos dois locais foram às famílias 18, 22, 45, 77 e 95.

TABELA 25. Progêneres de irmãos germanos selecionadas pelo método de seleção direta das variáveis PG, HT, MB, CE, FP e CZ em duas populações exóticas de milho.

^f Caracteres	NAP5 – Jataí
NE	5, 6, 8, 13, 14, 16, 23, 26, 38, 39, 49, 50, 57, 59 e 73
PG	1, 5, 6, 7, 8, 16, 23, 26, 27, 39, 49, 50, 57, 58 e 73
HT	1, 3, 5, 7, 16, 18, 20, 23, 24, 25, 38, 49, 53, 57 e 59
MB	1, 5, 9, 12, 13, 20, 22, 24, 42, 50, 55, 65, 73, 74 e 75
CE	1, 3, 5, 7, 13, 19, 23, 28, 30, 38, 41, 45, 57, 59 e 73
FP	4, 14, 18, 20, 24, 34, 41, 42, 46, 49, 52, 55, 59, 71 e 72
CZ	1, 2, 4, 5, 13, 21, 24, 31, 34, 37, 39, 41, 44, 49 e 68
NAP5 – Uberlândia	
NE	1, 6, 13, 14, 23, 24, 38, 39, 41, 45, 49, 54, 57, 63 e 72
PG	11, 23, 24, 27, 30, 34, 43, 45, 46, 54, 57, 69, 72, 73 e 74
HT	1, 3, 5, 11, 20, 23, 24, 27, 36, 39, 43, 49, 57, 68 e 69
MB	1, 2, 4, 9, 13, 20, 22, 24, 29, 42, 50, 54, 62, 69 e 75
CE	16, 18, 19, 27, 33, 36, 38, 43, 45, 48, 50, 57, 65, 70 e 73
FP	1, 6, 8, 12, 13, 14, 18, 20, 22, 26, 37, 44, 51, 54 e 70
CZ	3, 8, 9, 13, 14, 16, 21, 24, 29, 43, 44, 55, 66, 70 e 74
NAP7 – Jataí	
PG	3, 10, 15, 19, 23, 25, 29, 30, 37, 45, 47, 51, 52, 58, 60, 67, 69, 77, 92 e 95
HT	3, 7, 10, 18, 26, 27, 28, 29, 44, 55, 58, 61, 74, 78, 82, 87, 88, 93, 95 e 96
MB	3, 5, 9, 17, 21, 22, 28, 30, 38, 44, 45, 58, 63, 69, 77, 82, 83, 88, 95 e 98
CE	1, 2, 4, 7, 19, 22, 23, 34, 38, 44, 45, 51, 55, 57, 75, 77, 80, 82, 93 e 95
FP	1, 9, 12, 17, 18, 21, 22, 26, 28, 37, 40, 43, 46, 58, 62, 64, 67, 82, 83 e 99
CZ	3, 5, 12, 18, 19, 21, 22, 27, 43, 46, 47, 52, 59, 61, 62, 74, 76, 84, 86 e 93
NAP7 – Uberlândia	
PG	2, 4, 18, 20, 27, 28, 29, 31, 33, 35, 38, 56, 60, 62, 67, 69, 70, 77, 79 e 95
HT	3, 7, 11, 17, 18, 22, 27, 29, 38, 44, 58, 63, 66, 69, 70, 74, 85, 87, 88 e 95
MB	5, 15, 22, 28, 29, 38, 44, 45, 51, 61, 63, 67, 69, 73, 75, 77, 82, 83, 84 e 88
CE	7, 11, 19, 20, 23, 26, 29, 36, 39, 45, 55, 57, 59, 60, 65, 66, 77, 82, 85 e 95
FP	3, 4, 7, 21, 22, 25, 27, 30, 37, 40, 43, 49, 57, 62, 64, 65, 71, 73, 74 e 92
CZ	1, 4, 7, 8, 12, 14, 18, 22, 41, 45, 46, 47, 52, 59, 68, 72, 73, 84, 87 e 93

^f: NE: número de espigas; PG: produtividade de grãos; HT: resistência a *Exserohilum turcicum*, MB: resistência *Pantoea ananatis*, CE: resistência Complexo de enfezamento, FP: resistência *Puccinia polysora* e CZ: resistência *Cercospora zea-maydis*.

4. CONCLUSÕES

Para todos os ensaios avaliados a influência do ambiente foi baixa devido à predominância de correlações genotípicas em relação às correlações fenotípicas.

As correlações fenotípicas, genotípicas e análise de trilha na população NAP5 indicaram o número de espigas de maior efeito favorável sobre a produção de grãos em milho.

Para a população NAP5 a seleção indireta para produtividade através da seleção do número de espigas pode ser útil e o ganho genético satisfatório.

A população NAP7 apresentou baixas correlações fenotípicas e genotípicas entre as variáveis avaliadas e a produtividade de grãos.

Com a utilização do método de seleção direta é possível obter ganhos de até 31% na produtividade de grãos de milho nas populações avaliadas.

5. REFERÊNCIAS

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

BRITO, A. H.; VON PINHO, R. G.; POZZA, E. A.; PEREIRA, J. L. A. R.; FARIA FILHO, E. M. Efeito da cercosporiose no rendimento de híbridos comerciais de milho. **Fitopatologia brasileira.** v. 32, p. 472-479. 2007. <https://doi.org/10.1590/S0100-41582007000600004>

CABRAL, P. D. S. et al. Relação causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. **Revista Ciência Agronômica.** v. 47, n.1, p. 108-117, 2016.

CHURATA, B. G. M.; AYALA-OSUNA, J. T. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente e análise de trilha em caracteres avaliados no composto de milho (*Zea mays*) Arquitetura. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 43, p. 628-636, 1996.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Brasil). **Acompanhamento de safra brasileira:** grãos, oitavo levantamento, maio 2018. Brasília, 2018. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 15 maio 2018.

COTA, L. V.; COSTA, R. V.; SILVA, D. D. Manejo de doenças. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. **Milho:** do plantio à colheita. 1. ed. Viçosa: UFV, 2015. cap.13, p. 294-322.

CRUZ, J. C.; SILVA, G. H.; PEREIRA FILHO, I. A.; GONTIJO NETO, M. M. MAGALHÃES, P. C. **Sistema de produção de milho safrinha de alta produtividade: Safras 2008 e 2009.** Sete Lagoas, Embrapa, 2011. 10 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4. ed. Viçosa: Imprensa Universitária, v. 1, 2012. 514 p.

CRUZ, C. D. Genes Software extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

DAROS, M. et al. Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milho de pipoca. **Ciência Rural.** v. 34, p. 1389-1394, 2004. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782004000500010>

DUDIENAS, C. et al. Severidade de ferrugem polissora em cultivares de milho e seu efeito na produtividade. **Summa Phytopathologica.** v. 39, n. 1,p. 16-23, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0100-54052013000100003>

ENTRINGER, G. C.; SANTOS, P. H. A. D.; VETTORAZZI, J. C. F.; CUNHA, K. S.; PEREIRA, M. G. Correlação e análise de trilha para componentes de produção de milho superdoce. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 61, n. 3, p. 356-361, 2014.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Editora UFV, Imprensa Universitária. 1987. 279 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de Milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360 p.

FERREIRA, A.; CRUZ, C. D.; VASCONCELOS, E. S.; NASCIMENTO, M.; RIBEIRO, M. F.; SILVA, M. F. Utilização de *bootstrap* não-paramétrico para avaliação de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. **Acta Science Agronomy**, Maringá, v. 30, p. 657-663, 2008.

LAZAROTO, A.; SANTOS, I.; KONFLANZ, V. A.; MALAGI, G.; CAMOCHENA, R. C. Escala diagramática para avaliação de severidade da helmintosporiose comum em milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 12, p. 2131-2137, 2012.

<https://doi.org/10.1590/S0103-84782012005000112>

LI, C. C. **Path analysis**: a primer. Boxwood: Pacific Grove, 1975. 346 p.

MALAGI, G.; SANTOS, I.; CAMOCHENA, R. C.; MOCCELLIN, R. Elaboração e validação da escala diagramática para avaliação da mancha branca do milho. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 3, p. 797-804, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000300028>

MENDES, U. C.; MIRANDA FILHO, J. B.; OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F. Heterosis and combining ability in crosses between two groups of open-pollinated maize populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.15, p. 235-243, 2015. <https://doi.org/10.1590/1984-70332015v15n4a40>

MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: J. Wiley, 1982. 504 p.

OLIVEIRA, E.; FERNANDES, F. T.; CASELA, C. R. PINTO, N. F. J. A.; FERREIRA, A. S. Diagnose e Controle de Doenças na Cultura do Milho. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. **Tecnologia de Produção do milho**: economia, cultivares, biotecnologia, safrinha, adubação, quimigação, doenças, plantas daninhas e pragas. Viçosa: UFV, 2004. cap. 7.

OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F.; MIRANDA FILHO, J. B.; MENDES, U. C. RODRIGUES, L. O. Genetic variability and yield potential of three semiexotic maize (*Zea mays* L.) Populations variabilidade genética e potencial produtivo em três populações semiexóticas de milho (*Zea mays* L.). **Bioscience Journal**. v. 31, n. 6, p. 1609-1617, 2015. <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-28783>

SHANER, G.; FINEY, R. F. The effects of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildew resistance in Knox wheat. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 67, p. 1051-1056, 1977. <https://doi.org/10.1094/Phyto-67-1051>

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

SOUZA, A. R. R.; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M. G.; FERREIRA, P. L. Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. **Revista Caatinga**. v. 21, n. 4, p. 183-190, 2008.

SOUZA, A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. OLIVEIRA, A. S.; PINTO, J. F. N.; SILVA, C. M.; REIS, E. F. Genetic variability and expected gain in three maize populations. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. v. 17, n. 1, p. 135-146, 2018. <https://doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v17n1p135-146>

TOEBE, M.; CARGNELUTTI FILHO, A. Não normalidade multivariada e multicolinearidade na análise de trilha em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 5, p. 466-477, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013000500002>

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

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v. 20, n. 7, p. 557-585, 1921.

WRIGTH, S. Theory of path coefficients. **Genetics**, New York, v. 8, p. 239-285, 1923.

CAPÍTULO 5: DEPRESSÃO ENDOGÂMICA E VARIABILIDADE GENÉTICA EM CARACTERES AGRONÔMICOS E DE RESISTÊNCIA A DOENÇAS FOLIARES EM DUAS POPULAÇÕES EXÓTICAS DE MILHO

Resumo

O efeito denominado depressão por endogamia refere-se à redução do valor médio dos caracteres quantitativos, relacionados com a reprodução e a fisiologia da planta, devido ao estado de homozigose dos alelos deletérios. O objetivo deste trabalho foi avaliar a depressão por endogamia e a variabilidade genética de caracteres agronômicos e caracteres de resistência às doenças foliares em famílias endogâmicas de duas populações exóticas de milho. Os experimentos foram realizados na área experimental da Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, na safra 2015. Foram avaliadas 50 e 40 S₁ das populações NAP5 e NAP7, respectivamente, intercalando a cada dez parcelas uma linha com a mistura da população base (família de irmãos germanos) para estimar a depressão por endogamia dos caracteres avaliados. Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados os seguintes caracteres: AP – altura de planta (cm), AE – altura de espiga (cm), FM – florescimento masculino (dias), PQ – número de plantas quebradas, AC – número de plantas acamadas, PG – produção de grãos (kg parcela⁻¹). As maiores estimativas de depressão por endogamia nos caracteres agronômicos foram observadas para produção de grãos, com valores de 51,2 e 38,9% para as populações NAP5 e NAP7, respectivamente. Nos caracteres de resistência a doenças, a maior estimativa foi observada para o complexo de enfezamento, com valores de -58,9% na NAP5 e -74,2% na NAP7. As duas populações em estudo apresentaram potencial genético para serem utilizadas em programas de melhoramento com seleção recorrente e após alguns ciclos de seleção extrair linhagens com padrão agronômico e resistentes a fitopatógenos.

Palavras-chave: Doenças foliares, famílias endogâmicas, parâmetros genéticos, *Zea mays*.

CHAPTER 5: ENDOGAMIC DEPRESSION AND GENETIC VARIABILITY IN AGRONOMIC CHARACTERS AND RESISTANCE TO FOLIARY DISEASES IN TWO EXOTIC MAIZE POPULATIONS

Abstract

The effect called inbreeding depression refers to the reduction of the mean value of the quantitative traits, related to plant reproduction and physiology, due to the homozygous state of the deleterious alleles. The objective of this work was to evaluate the inbreeding depression and the genetic variability of agronomic traits and resistance characters to foliar diseases in endogamous families of two exotic maize populations. The experiments were carried out in the experimental area of the Federal University of Goiás, Jataí Regional, in the 2015 second crop. 50 and 40 S₁ of the NAP5 and NAP7 populations, respectively, were evaluated by inserting a line with the base population mix (family of Germanic siblings) to estimate the inbreeding depression of the evaluated characters. The experiments were installed in a randomized complete block design with three replicates. The following characters were evaluated: PH - plant height (cm), CH - cob height (cm), MF - male flowering (days), BP - number of broken plants, BD - number of bedded plants, GP – grains production (kg plot⁻¹). The highest estimates of inbreeding depression in agronomic traits were observed for grain yield, with values of 51.2 and 38.9% for the NAP5 and NAP7 populations, respectively. In the disease resistance characters, the highest estimate was observed for the enrichment complex, with values of -58.9% in NAP5 and -74.2% in NAP7. The two populations studied presented genetic potential to be used in breeding programs with recurrent selection and after some selection cycles to extract agronomic and phytopathogen resistant strains.

Keywords: Leaf diseases, endogamous families, genetic parameters, *Zea mays*.

1. INTRODUÇÃO

A endogamia é definida como fenômeno que ocorre em decorrência do acasalamento entre indivíduos parentados (CRUZ, 2005). Em populações panmíticas como no milho, em muitos casos a endogamia é indesejável, isto porque este tipo de cruzamento conduz à homozigose e, nestas populações, existem genes recessivos deletérios que, quando em homozigose, causam prejuízos à fisiologia da planta, diminuindo o seu valor fenotípico (MIRANDA FILHO, 2001).

As causas genéticas que controlam a depressão por endogamia não são completamente conhecidas, porém existem algumas hipóteses para explicá-las. Uma dessas hipóteses está ligada ao fato de que os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominantes, e a segunda hipótese é o fato do heterozigoto ter um valor fenotípico maior que o homozigoto (CROW; KIMURA, 1970). Na primeira hipótese, a depressão por endogamia resultaria, então, da quebra da combinação ideal dos alelos que governam o caráter em estudo.

A autofecundação é o mecanismo que promove a endogamia, pois permite que alelos comuns por ascendência se encontrem num mesmo indivíduo, tendo grande importância na produção de linhagens. O valor de uma população como fonte de linhagens é altamente dependente da depressão por endogamia em relação às várias características, o que limita a obtenção de linhagens vigorosas para a posterior obtenção de híbridos (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Quanto à obtenção de linhagens com probabilidade aceitável, deve-se partir de populações que apresentem alta frequência de alelos favoráveis em relação aos diversos caracteres de interesse e baixa frequência de alelos desfavoráveis (VENCovsky; BARRIGA, 1992). Em consequência disso, quando uma população melhorada é submetida à autofecundação, poucos alelos deletérios são expressos para determinado caráter quantitativo, refletindo em estimativas menores de depressão por endogamia ao longo dos ciclos de seleção, quando comparadas às populações originais não melhoradas.

Estudo realizado com três populações semiexóticas demonstrou que a população CRE-01, obtida a partir do cruzamento de linhagens exóticas com um híbrido comercial que já tinha passado por seleções eliminando genes deletérios, apresentou menores depressões por endogamia para os caracteres avaliados em relação as outras duas populações (OLIVEIRA et al., 2015).

Para caracteres que apresentam baixa herdabilidade, a utilização de progêneres endogâmicas pode ser uma boa estratégia, devido a endogamia disponibilizar uma maior variabilidade genética em função do sistema de cruzamento, possibilitando obter estimativas de parâmetros genéticos favoráveis no processo de seleção. Sob o ponto de vista do melhoramento genético, a endogamia pode ser potencialmente aproveitada para o desenvolvimento de linhagens com alelos de interesse que, posteriormente sejam utilizadas, no caso do milho, na composição de híbridos simples, triplos, duplos ou mesmo em seleção recorrente envolvendo progêneres parcialmente endogâmicas (S_1 , S_2 e S_3), para o desenvolvimento de populações melhoradas (HALLAUER et al., 2010).

Além do melhoramento de características agronômicas desejáveis, a busca por fontes de resistência a fitopatógenos têm sido um dos focos principais nos programas de melhoramento genético de milho. As doenças constituem na atualidade um dos principais fatores limitantes da produtividade e o principal método de controle é o uso de genótipos resistentes. No entanto, com a busca por genótipos mais produtivos e uniformes, tem ocorrido o estreitamento da base genética resultando em vulnerabilidade aos estresses bióticos e abióticos (COTA et al., 2015).

O Germoplasma exótico pode ser utilizado tanto para obtenção de genótipos com características agronômicas superiores, como fonte de resistência a doenças de importância para a cultura do milho, promovendo um aumento na variabilidade genética deste cereal. No entanto, sua utilização nos programas de melhoramento de milho ao redor do mundo têm sido inexpressiva (GOODMAN, 2005). O potencial de populações exóticas e semiexóticas utilizados em programas de melhoramento de milho têm sido relatados por diversos autores (OLIVEIRA et al., 2015; MENDES et al., 2015; SILVA et al., 2017; SOUZA et al., 2018).

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a depressão por endogamia e o potencial genético para caracteres agronômicos e de resistência aos fitopatógenos (*Exserohilum turcicum* Leonard e Suggs, *Pantoea ananatis*, fitoplasma, espiroplasma, *Puccinia polysora* Underw e *Cercospora zae* Tehon e Daniels) em famílias endogâmicas de duas populações exóticas de milho.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos no período de fevereiro a julho de 2015, (safrinha) em Jataí/GO, na área experimental da Universidade Federal de Goiás, em Jataí, à latitude 17° 52' 53" sul e à longitude 51° 42' 52" oeste, estando à altitude de 676m.

2.1. Material genético

As populações de milho NAP5 (resistente à *Exerohilum turcicum*) e NAP7 (resistente à *Physopella zae*) foram originadas de um projeto de cooperação técnico-científico NAP-Milho (Núcleo de Apoio a Pesquisa Milho), criado pelo departamento de genética da ESALQ/USP com o objetivo de identificar fontes confiáveis de resistência às principais doenças foliares do milho. Para esse fim, foram envolvidas diversas instituições públicas (CNPMS/EMBRAPA, IAC - Instituto Agronômico de Campinas, IAPAR - Instituto Agronômico do Paraná, ESALQ-USP, CENARGEM/EMBRAPA) e privadas (empresas Zêneca Sementes, Sementes Colorado, FT Sementes, Sementes Agroceres).

No ano agrícola de 1994/1995 foram avaliados 1273 acessos do BAG (Banco Ativo de Germoplasma, CENARGEM/EMBRAPA) em treze locais nos estados de Goiás, Mato Grosso, São Paulo e Paraná. Foram realizadas avaliações visuais para resistência a cinco doenças foliares e feito à seleção exclusiva para cada fitopatógeno, sendo excluídos alguns acessos com padrão baixo de produtividade e arquitetura da planta. O número de acessos que entraram na composição de cada população foram 41 (NAP5) e 34 (NAP7). Na formação de cada população foi tomada uma amostra isonumérica de sementes de cada acesso selecionado.

Os lotes foram semeados com isolamento na Estação Experimental de Anhembi, com polinização ao acaso. Depois da colheita uma amostra aleatória de mil sementes foi tomada de cada população para semeadura do ciclo de recombinação. Dos lotes de recombinação foram selecionadas cerca de 200 plantas de cada lote, que deram origem para as progêneres de meios-irmãos, assim iniciando o programa de seleção recorrente intrapopulacional. Essas populações são exóticas, originadas de vários países (Anexo A) e informações mais detalhadas sobre essas populações foram relatadas por Mendes et al. (2015).

Para obtenção das famílias endogâmicas de cada população foram semeadas dois campos de cruzamento, constituído cada um por 500 sementes. A partir dos cruzamentos de autofecundação foram obtidas 50 e 40 famílias endogâmicas (FS₁) das populações NAP5 e NAP7, respectivamente, para realizar os experimentos em Jataí-GO.

2.2. Avaliação experimental

Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Cada parcela experimental foi constituída de uma fileira de plantas de milho com 2 metros de comprimento espaçada de 0,9 metros. Após a realização do desbaste as parcelas ficaram com 10 plantas. Em cada parcela amostraram-se 3 plantas, nas quais determinaram-se a severidade para os cinco patógenos. As avaliações de severidade foram realizadas a partir do surgimento dos primeiros sintomas das doenças, realizando-se três avaliações com intervalo de 14 dias entre as mesmas.

As avaliações de severidade para mancha branca e helmintosporiose foram feitas com auxílio das escalas desenvolvidas para as respectivas doenças e estão apresentadas no Anexo 1D e 2D (MALAGI et al., 2011; LAZAROTO et al., 2012). Para as doenças cercospora, ferrugem polisora e complexo de enfezamento as avaliações de severidade foram realizadas com auxílio da escala desenvolvida pela Agroceres (1996), utilizada para avaliar a maioria das doenças foliares no milho (Anexo 3D).

A cada dez parcelas de FS₁ foi inserida uma parcela da mistura da população base de cada população. Para evitar o efeito de influência competitiva da parcela da população base com as parcelas das linhas endogâmicas utilizou-se uma bordadura interna, de forma que cada parcela da população base plantada, duas linhas da mesma população faziam a proteção e externamente a essas duas linhas foram inseridas duas linhas, também como bordadura, de uma mistura das linhas endogâmicas. O manejo agronômico dos experimentos nos dois ensaios foi feito conforme recomendações para a cultura do milho (FANCELLI; DOURADO-NETO, 2000).

As variáveis avaliadas foram: altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), plantas quebradas (PQ), plantas acamadas (AC), peso de grãos (PG), número de plantas (NP), resistência à *Exserohilum turcicum* (HT), resistência à *Pantoea ananatis* (MB), resistência ao complexo de enfezamento (CE), resistência à *Puccinia polysora* (FP) e resistência à *Cercospora zeae-maydis* (CZ).

Porém, o número de plantas só foi utilizado para fazer correção no caráter peso de grãos para o número de plantas ideal (10 plantas), através da metodologia de correção por covariância, sugerida por Miranda Filho (VENCovsky; BARRIGA, 1992). A partir das análises de variância e covariância para número de planta e peso de grãos em blocos casualizados, estimou-se o coeficiente de regressão linear (b), obtido por $b = SP_{xy}/SQ_x$ sendo x o número de planta e y o peso de grãos; SP_{xy} a soma de produtos residual de análise de covariância (número de planta x peso de grãos); SQ_x é a soma de quadrados residual da análise de variância para número de plantas.

A correção foi efetuada ao nível de totais de parcelas, ao invés de médias de tratamentos. Assim, o peso de campo corrigido (P_c) foi obtido do seguinte modo:

$$P_c = P - b(x - 10), \text{ onde}$$

P_c : peso corrigido de grãos;

P : peso observado de grãos;

b : coeficiente de regressão linear da produção de grãos em relação às variações do número de plantas;

x : número de planta observado.

A análise para cada doença foi realizada através da área abaixo da curva de progresso de doença (AACPD), sendo utilizada para descrever a epidemia. Neste caso, baseando-se em avaliações de severidade, pode-se estabelecer uma curva da doença quantificada “versus” tempo. Segundo Shanner e Finley (1977), a AACPD pode ser calculada pela fórmula:

$$AACPD = \sum[(Y_i + Y_{i-1})/2 \times (T_{i+1} - T_i)], \text{ onde:}$$

Y_i = severidade da doença na i -ésima observação;

$T_{i+1} - T_i$ = é o intervalo de tempo entre duas avaliações consecutivas.

2.3. Análise de variância

A fim de avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres nas duas populações exóticas de milho avaliadas em Jataí-Goiás, realizaram-se as análises de variâncias conforme o modelo abaixo:

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

Em que:

Y_{ij} : observação da progénie “ i ”, no bloco “ j ”;

μ : média geral do caráter;

G_i : efeito aleatório da progênie “i”;

B_j : efeito aleatório do bloco “j”;

ϵ_{ij} : erro experimental associado à progênie “i” no bloco “j”.

O esquema da análise de variância para cada variável, com as respectivas esperanças dos quadrados médios e teste F, está apresentado na tabela 1.

TABELA 1. Esquema do resultado de análise de variância individual e esperanças de quadrado médio para modelos em blocos ao acaso.

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)	F
Progêneres	g-1	QMG	$\sigma^2 + r\sigma^2_{\epsilon}$	QMG/QME
Blocos	b-1	QMB	$\sigma^2 + g\sigma^2_b$	
Erro	(g-1)(b-1)	QME	σ^2	
Total	(gb)-1			

GL: graus de liberdade; QM:quadrado médio; E(QM): esperança do quadrado médio

As análises foram realizadas com o auxílio do Programa Computacional em Genética e Estatística- Programa Genes (CRUZ, 2016).

2.4. Estimativa dos parâmetros genéticos

As estimativas de parâmetros estatísticos-genéticos foi realizada para as variáveis avaliadas de acordo com a metodologia descrita por Vencovsky e Barriga (1992), Nass et al. (2001) e Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), apresentado no Anexo B.

2.5. Dados meteorológicos

Os dados meteorológicos da área experimental da UFG durante o período de fevereiro a julho de 2015 estão apresentados na figura 1. No Anexo D está apresentado mais detalhes dos dados meteorológicos.

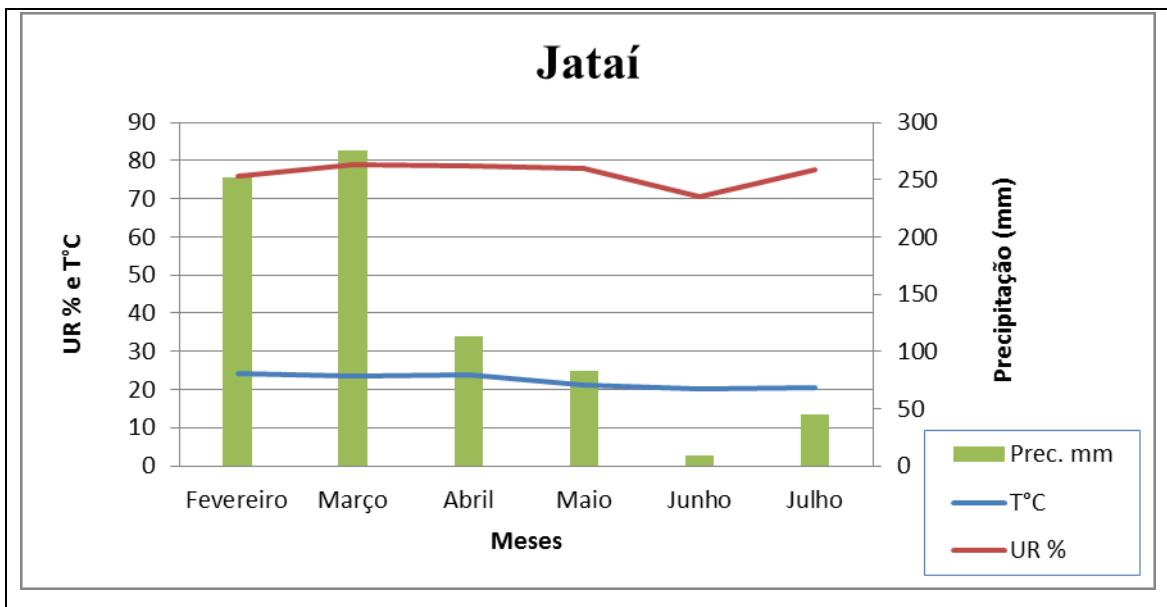


FIGURA 2: Temperatura média ($T^{\circ}\text{C}$), umidade relativa (UR%) e precipitação (Prec. mm) na área experimental da UFG/Regional Jataí na safrinha 2015. Fontes: Estação Meteorológica da UFG/Jataí.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Médias e coeficientes de variação experimental (CV_e%)

As médias e os coeficientes de variação experimental para os caracteres agronômicos e resistência a doenças avaliadas estão apresentados nas tabelas 26 e 27.

Para os caracteres agronômicos avaliados a população NAP7 apresentou médias superiores para a maioria das variáveis em relação às médias apresentadas pela população NAP5, com exceção do PQ que foi observado média 1 para as duas populações. As médias observadas de AP e PG para as duas populações exóticas são consideradas baixas. Em consequência da endogamia, normalmente as plantas sofrem redução da altura, do tamanho, da espiga e consequentemente ocorre uma redução na produtividade (BORÉM; MIRANDA, 2017). Os valores de PG foram 2,01 e 2,09 t ha⁻¹ para as populações NAP5 e NAP7, respectivamente. Apesar da média de PG das duas populações serem baixas foram observadas famílias S₁ com produtividades superiores a quatro toneladas, indicando o potencial produtivo dessas populações para serem utilizadas em programas de seleção recorrente.

TABELA 26. Médias da população (m_0), valor superior (m_s), valor inferior (m_I) e coeficiente de variação (CV%) para seis caracteres em progêneres S₁ de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015

Estimativas	^f Caracteres					
	AP	AE	FM	PQ	AC	PG
	População NAP5					
m_0	162,7	92,7	61	1	3	2,01
m_s	230,0	143,0	65	0	0	4,16
m_I	90,0	35,0	56	7	8	0,57
CV %	11,0	14,7	1,8	79,1	51,3	28,1
População NAP7						
m_0	182,2	96,2	62	1	5	2,09
m_s	248,0	155,0	71	4	10	4,37
m_I	108,0	58,0	56	0	0	0,61
CV %	10,1	13,2	1,9	108,8	41,1	24,3

^f AP – altura de planta (cm), AE – altura de espiga (cm), FM – florescimento masculino (dias), PQ – número de plantas quebradas, AC – número de plantas acamadas, PG – peso de grãos (t ha⁻¹).

TABELA 27. Médias da população (m_0), valor superior (m_s), valor inferior (m_I) e coeficiente de variação (CV%) para AACPD de cinco doenças em famílias S_1 de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015

Estimativas	^f Doenças (AACPD)				
	HT	MB	CE	FP	CZ
População NAP5					
m_0	396,8	292,6	902,1	255,9	201,1
m_s	971,0	749,0	2320,0	660,0	695,0
m_I	12,0	8,0	210,0	65,0	35,0
CV %	35,7	32,6	37,6	35,3	40,6
População NAP7					
m_0	471,7	302,8	1034,8	309,6	223,1
m_s	1159,0	672,0	2130,0	740,0	770,0
m_I	93,0	11,0	210,0	65,0	50,0
CV %	31,8	31,5	28,1	38,6	40,9

^f HT – *Exserohilum turcicum* , MB – *Pantoea ananatis* , CE – Complexo de enfezamento , FP - *Puccinia polysora* e CZ- *Cercospora zea-maydis*.

As médias observadas para AP, AE e PG nas duas populações avaliadas foram inferiores às médias observadas em outros estudos com populações exóticas e semiexóticas de milho sob endogamia (RODRIGUES, 2013; OLIVEIRA; MIRANDA FILHO; REIS, 2015).

Em relação à resistência às doenças a população NAP 5 foi a que apresentou as menores médias de AACPD para as cinco doenças avaliadas, indicando maior resistência quando comparada a NAP7. Algumas famílias S_1 das duas populações apresentaram alta resistência à HT, MB, CE, FP e CZ. Este resultado demonstra o potencial das populações exóticas para serem utilizadas como fontes de resistência à fitopatógenos em programas de melhoramento.

De acordo com a classificação para coeficientes de variação experimental para a cultura do milho proposta por Scapim, Carvalho e Cruz (1995), os ensaios apresentaram valores que indicam uma boa precisão experimental para a maioria dos caracteres avaliados, com exceção dos valores estimados para PQ, AC e os caracteres de resistência a doenças, que apresentaram valores superiores a 28,1%. Estes resultados são devido a estes caracteres sofrerem muita influência ambiental e são fatores que não podem ser controlados. Portanto, altos valores de coeficiente de variação para esses caracteres são aceitos e não comprometem a precisão experimental. Brito et al. (2011)

estudando a resistência de híbridos de milho à cercosporiose e mancha branca encontraram valores de 37,0 e 48,2% para as respectivas doenças.

Nas tabelas 28 e 29, estão apresentados os valores médios para as FIG (m_0) e famílias S_1 (m_1), depressão por endogamia em porcentagem (DP%) em relação a FIG, contribuição relativa dos homozigotos ($\mu + a^*$) e a contribuição relativa dos heterozigotos (d^*) para os caracteres agronômicos e para resistência à doenças nas populações exóticas de milho.

A população NAP5 apresentou estimativas de depressão por endogamia (DP%) superior para a maioria dos caracteres agronômicos avaliados em relação a população NAP7 com exceção do caráter AC. As estimativas de DP% para as duas populações nos caracteres AP, AE, FM e AC são consideradas baixas, evidenciando que os efeitos de dominância são menos importantes para essas características. Bernini et al. (2013) em estudos de famílias endogâmicas obtidas a partir de autofecundações de híbridos relataram valores baixos de DP% para AP, AE e FM.

Para a variável PG as duas populações apresentaram alta estimativa de DP%, indicando que ambas as populações são sensíveis a endogamia para esse caráter. Assim faz-se necessário novos ciclos de seleção recorrente com as duas populações, com intuito de reduzir a carga genética das populações e a partir da seleção de genótipos superiores obter linhagens com excelentes padrões agronômicos. Valores altos de DP% em PG em populações exóticas e semiexóticas também foram observados por Rodrigues (2013) e Oliveira, Miranda Filho e Reis (2015). Os autores Good e Hallauer (1977) constataram que a produção é bastante afetada pela endogamia em qualquer grau de homozigose.

A contribuição relativa dos heterozigotos (d^*) foi superior em relação aos homozigotos para PG nas duas populações e para PQ na população NAP5. Esse resultado implica indiretamente na existência de heterogeneidade genética nas populações. Levando em consideração os efeitos genéticos, as estimativas da depressão por endogamia são menores para AP e AE em relação ao caráter produção de grãos, porque os efeitos gênicos de dominância são menos importantes para estas características (LIMA; MIRANDA FILHO; BOLLER, 1984). Valores elevados da contribuição dos homozigotos ($\mu + a^*$) são indicativos do potencial das populações como fonte de linhagens com alto potencial produtivo. Para as variáveis AP, AE, FM e

AC a contribuição dos locos em homozigose foi maior do que a contribuição dos locos em heterozigose.

As estimativas de $\mu + a^*$ nas duas populações para PG são baixas, portanto, para que a extração de linhagens seja feita de forma eficiente é necessário selecionar as melhores famílias endogâmicas e recombiná-las para novas avaliações, assim as populações irão concentrar um número maior de alelos favoráveis, possibilitando a obtenção de linhagens com bom potencial produtivo. Maldonado e Miranda Filho (2002) apresentaram resultados similares aos observados neste estudo para produção de grãos.

TABELA 28. Médias da população base (m_0), médias das famílias endogâmicas (m_1), estimativas da depressão por endogamia (DP%), contribuição dos homozigotos ($\mu + a^*$) e dos heterozigotos (d^*) para seis caracteres avaliados em duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015

Estimativas	* Caracteres					
	AP	AE	FM	PQ	AC	PG
População NAP5						
m_0	187,4	104,3	59	2	3	4,12
m_1	162,7	92,7	61	1	3	2,01
DP%	13,2	11,1	-3,4	50,0	0	51,2
$(\mu+a^*)$	138,0	81,1	63	0	3	-0,10
d^*	49,4	23,2	-4	2	0	4,22
População NAP7						
m_0	204,1	107,1	60	1	6	3,42
m_1	182,2	96,2	62	1	5	2,09
DP%	10,7	10,2	-3,3	0	16,7	38,9
$(\mu+a^*)$	160,3	85,3	64	1	3	0,76
d^*	43,8	21,8	-4	0	0	2,66

* Caracteres – AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); FM: florescimento masculino (dias); PQ: número de plantas quebradas; AC: número de plantas acamadas; PG: produtividade de grãos ($t\ ha^{-1}$);

Para os caracteres de resistência às doenças observou-se acréscimo na severidade de HT, CE e CZ com uma geração de autofecundação, indicando efeito negativo da endogamia, tornando as duas populações exótica mais sensível a estas três doenças. As estimativas de DP% variaram de -58,9 a 8,9 para NAP5 e de -74,2 a 20,4 para NAP7. A AACPD do CE foi a variável que apresentou a maior DP% nas duas populações avaliadas. Para as variáveis MB e FP o efeito da endogamia reduziu a severidade, conferindo maior resistência a esses fitopatógenos. Valores de DP% entre 14,6 e 26,8 para CE foram observados por Oliveira et al. (2015) em três populações semiexóticas de milho selecionadas como fonte de resistência aos patógenos causadores do complexo de enfezamento.

A contribuição dos locos em homozigose (efeitos aditivos) foi maior do que a contribuição dos locos em heterozigose (desvios devidos à dominância) para a redução na severidade das doenças MB e FP nas duas populações, enquanto que nos caracteres HT, CE e CZ, a contribuição dos locos em heterozigose são mais expressivos na reação de resistência a esses fitopatógenos. Portanto, as famílias endogâmicas das duas populações se apresentaram mais resistentes a MB e FP, em relação a população base, enquanto que a para os fitopatógenos HT, CE e CZ a população base se mostrou mais resistentes, devido as contribuições dos locos em heterozigose serem maior em relação aos locos em homozigose para a resistência dos três fitopatógenos.

TABELA 29. Médias da população base (m_0), médias das famílias endogâmicas (m_1), estimativas da depressão por endogamia (DP%), contribuição dos homozigotos ($\mu + a^*$) e dos heterozigotos (d^*) para de resistência a fitopatógenos em duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015

Estimativas	Doenças (AACPD)				
	HT	MB	CE	FP	CZ
				População NAP5	
m_0	277,8	309,1	567,9	280,8	175,8
m_1	396,8	292,6	902,1	255,9	201,1
DP%	-42,8	5,3	-58,9	8,9	-14,4
$(\mu + a^*)$	515,8	276,1	1236,3	231,0	226,4
d^*	-238,0	33,0	-668,4	49,8	-50,6
População NAP7					
m_0	398,1	380,4	594,2	329,0	183,3
m_1	471,7	302,8	1034,8	309,6	223,1
DP%	-18,5	20,4	-74,2	5,9	-21,7
$(\mu + a^*)$	545,3	225,2	1475,4	290,2	262,9
d^*	-147,2	155,2	-881,2	38,8	-79,6

¹: HT – *Exserohilum turcicum* , MB – *Pantoea ananatis* , CE – Complexo de enfezamento , FP - *Puccinia polysora* e CZ- *Cercospora zea-maydis*.

3.2. Análise de variância

O sucesso no processo seletivo depende da existência de variância genética para os caracteres agronômicos e de resistência aos fitopatógenos nos programas de melhoramento com foco na resistência genética a doenças. Com base nos resultados das análises de variâncias das variáveis agronômicas para as duas populações de milho

(Tabelas 30 e 31), foi constatada diferença significativa entre as famílias S₁ para todos os caracteres estudados, exceto para e para o caráter CE na população NAP5 e para os caracteres PQ, AC e CZ na NAP7 que não foram significativas. Consequentemente, há variabilidade genética para os caracteres agronômicos e para a expressão da resistência às doenças avaliadas nas duas populações exóticas de milho, sendo possível obter ganhos a partir do melhoramento genético e assim produzir populações de milho mais adaptadas e resistentes a fitopatógenos para a produção de linhagens.

TABELA 30. Quadrados médios da análise da variância de caracteres da planta em famílias endogâmicas (FS₁) de duas populações exóticas de milho. Jataí (GO), 2015

Fonte	⁽¹⁾ g.l.	^{£, (2)} AP	^{£, (2)} AE	[£] FM	[£] PQ	[£] AC	^{£, (2)} PG
População NAP-5							
Repetições	2	19,448	10,790	0,050	0,010	0,124	0,490
Progêneres	49	11,934**	7,531**	0,041**	0,028**	0,043*	3,453**
Erro	98	3,184	1,856	0,012	0,011	0,027	1,039
População NAP-7							
Repetições	2	38,039	10,232	0,001	0,014	0,068	0,253
Progêneres	39	9,995**	5,897**	0,156**	0,017 ^{NS}	0,053 ^{NS}	6,807**
Erro	78	3,370	1,611	0,014	0,011	0,041	0,833

[£]: AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); FM: florescimento masculino (dias); PQ: plantas quebradas; AC: plantas acamadas; PG: produtividade de grãos (g planta⁻¹) corrigidos para número de plantas;

⁽¹⁾: graus de liberdade.

⁽²⁾: valores de variâncias divididos por 10².

**, *, ^{NS}: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

TABELA 31. Quadrados médios da análise da variância de caracteres de resistência a fitopatógenos em famílias S₁ de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015

Fonte	⁽¹⁾ g.l.	^{£, (2)} HT	^{£, (2)} MB	^{£, (2)} CE	^{£, (2)} FP	^{£, (2)} CZ
População NAP-5						
Repetições	2	51,734	27,965	318,808	4,427	28,062
Progêneres	49	62,219**	59,985**	168,165 ^{NS}	25,549**	17,085**
Erro	98	20,109	9,090	114,949	8,151	6,670
População NAP-7						
Repetições	2	226,352	3,196	247,603	73,527	4,286
Progêneres	39	105,734**	49,939**	226,589**	31,741**	12,014 ^{NS}
Erro	78	22,502	9,120	84,437	14,246	8,341

[£] HT – *Exserohilum turcicum* , MB – *Pantoea ananatis* , CE – Complexo de enfezamento , FP - *Puccinia polysora* e CZ- *Cercospora zea-maydis*.

⁽¹⁾: graus de liberdade.

⁽²⁾: valores de variâncias divididos por 10³.

*, ^{NS}: significativo a 1% e não significativo, respectivamente.

3.3. Parâmetros genéticos

Apesar dos resultados da análise de variância serem importantes como indicadores da potencialidade da população e da precisão experimental, ainda é deficiente para o melhorista por não dar a magnitude da variabilidade genotípica disponível (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Portanto, a estimativa da variância genética e outros componentes se torna imprescindível para os estudos de melhoramento genético.

3.3.1. Potencial genético de populações exóticas de milho

Para os caracteres AP, AE, PQ, AC, MB e CZ a população NAP5 apresentou maior variabilidade genética em relação a NAP7 e para as variáveis FM, PG, HT e CE as estimativas de variância genética da população NAP7 foi maior em relação a NAP5. Para o caráter PG, a população NAP7 apresenta maior potencial genético, pois a apesar da média de produtividade entre as duas populações serem similares, a NAP7 apresentou uma variabilidade genética superior em relação a NAP5 e com isso os ganhos genéticos serão mais promissores na população de maior variabilidade. Em relação a expressão da resistência aos fitopatógenos, a seleção de famílias mais resistentes a CZ é promissora na população NAP5, no entanto, a mesma seleção na NAP7 para este caráter não será efetiva devido a esta população não apresentar variabilidade genética para promover o ganho genético. Para o caráter CE a população NAP5 não apresentou variabilidade genética, sendo a população NAP7 mais promissora para seleção de famílias mais resistentes.

Em estudos com famílias endogâmicas em quatro populações exóticas de milho Rodrigues (2013) relatou valores de variância genética para AP entre 88,69 e 326,01 e para AE valores de 90,82 a 112,53. Oliveira, Miranda Filho e Reis (2015) relataram estimativas de variância genética para PG em famílias endogâmicas de três populações semiexóticas entre 190,2 e 227,5.

TABELA 32. Estimativas da variância genotípica (σ_G^2), da herdabilidade com base em média de progênies (h_m^2), do coeficiente de variação genética (CVg%) e do índice de variação (θ) para seis variáveis em progênies S₁ de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015

Estimativas	* Caracteres					
	AP	AE	FM	PQ	AC	PG
População NAP5						
σ_G^2	291,69	189,15	0,94	0,66	0,52	80,47
h_m^2	0,73	0,75	0,70	0,64	0,36	0,70
CVg%	10,50	14,84	1,60	60,51	22,39	24,77
θ	0,96	1,01	0,87	0,77	0,44	0,88
População NAP7						
σ_G^2	220,85	142,88	4,74	-	-	199,10
h_m^2	0,66	0,73	0,91	-	-	0,88
CVg%	8,16	12,43	3,54	-	-	37,46
θ	0,81	0,94	1,84	-	-	1,55

* Caracteres – AP: altura de planta (cm); AE: altura de espiga (cm); FM: florescimento masculino (dias); PQ: número de plantas quebradas; AC: número de plantas acamadas; PG: produtividade de grãos (g planta⁻¹);

TABELA 33. Estimativas da variância genotípica (σ_G^2), da herdabilidade com base em média de progênies (h_m^2), do coeficiente de variação genética (CVg%) e do índice de variação (θ) para resistência a fitopatógenos em progênies S₁ de duas populações exóticas de milho. Jataí, 2015

Estimativas	* Doenças (AACPD)				
	⁽¹⁾ HT	⁽¹⁾ MB	⁽¹⁾ CE	⁽¹⁾ FP	⁽¹⁾ CZ
População NAP5					
σ_G^2	14,037	16,965	-	5,799	3,472
h_m^2	0,68	0,85	-	0,68	0,61
CVg%	29,86	44,51	-	29,76	29,30
θ	0,84	1,37	-	0,84	0,72
População NAP7					
σ_G^2	27,744	13,606	47,384	5,832	-
h_m^2	0,79	0,82	0,63	0,55	-
CVg%	35,31	38,53	21,04	24,67	-
θ	1,11	1,22	0,75	0,64	-

*: HT – *Exserohilum turcicum* , MB – *Pantoea ananatis* , CE – Complexo de enfezamento , FP - *Puccinia polysora* e CZ- *Cercospora zea-maydis*.

⁽¹⁾: valores de variâncias divididos por 10³.

3.3.2. Herdabilidade e índice variação

As estimativas do coeficiente de herdabilidade no sentido amplo para médias de famílias dos caracteres agronômicos foi igual ou superior a 0,7 para AP, AE, FM e PG na população NAP5 e para AE, FM e PG na NAP7. A estimativa de herdabilidade igual ou superior a 0,7 favorece o processo de seleção com maiores ganhos genético. Para os

caracteres relacionados à resistência a fitopatógenos as estimativas de herdabilidade ficaram compreendidas entre os valores 0,55(FP-NAP7) e 0,85 (MB-NAP5). Estas magnitudes de herdabilidade indicam que a principal causa da variabilidade apresentada pelas populações é devido aos efeitos genéticos, podendo obter ganhos genéticos satisfatórios com o processo seletivo de progênies mais resistentes aos fitopatógenos.

Os valores de coeficiente de herdabilidade para o caráter AP e AE observados no presente trabalho foram similares aos encontrados pelos autores Oliveira, Miranda Filho e Reis (2015) em famílias endogâmicas de populações semiexóticas de milho. Para o caráter PG a população NAP5 apresentou valores inferiores aos observados por Rodrigues (2013) e a população NAP7 apresentou valores similares aos relatados pela mesma autora em famílias S₁ de populações exóticas de milho.

A relação entre CVg e CVe (índice θ) representa uma informação a mais para o melhorista com relação à seleção de progênies (VENCovsky, 1987). Como exemplo, pode-se mencionar a utilização do índice em estudos com progênies de meios irmãos onde Vencovsky e Barriga (1992) sugerem que valores acima de 1,0 indicam uma situação muito favorável para seleção.

A população NAP5 apresentou valores de índice superior a 1 para o caráter AE e MB. Na população NAP7 os caracteres FM, PG, HT e MB apresentaram valores de índice superiores a 1. Estes resultados indicam condição favorável para a seleção de progênies com características agronômicas desejáveis e seleção de fontes de resistência a estas doenças.

Apesar das comparações dos índices deste estudo com os valores relatados por Vencovsky e Barriga (1992) é importante ressaltar que neste trabalho foram avaliadas famílias S₁ e que a variância genética entre essas famílias tende a ser maior do que quando se utiliza famílias de meios-irmãos, afetando o índice de variação.

A partir da seleção de progênies superiores nas duas populações exóticas é possível obter populações de ciclo precoce, com boa produtividade de grãos e que apresentam resistência aos principais fitopatógenos na cultura do milho, pois as populações apresentaram um excelente potencial genético para serem exploradas em programas de seleção recorrente.

4. CONCLUSÕES

As populações exóticas apresentaram altas depressões por endogamia, não sendo possível utilizá-las para extração de linhagens antes de realizar ciclos de seleção recorrente.

As duas populações exóticas apresentam potencial genético para serem exploradas em programas de melhoramento com seleção recorrente.

5. REFERENCIAS

BERNINI, C. S. et al. Depressão endogâmica e heterose de híbridos de populações F2 de milho no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 3, p. 217-223, 2013. <https://doi.org/10.1590/brag.2013.038>

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: UFV, 2017. 543 p.

BRITO, A. H.; VON PINHO, R. G.; SANTOS, A. O.; SANTOS, S. Reação de híbridos de milho e comparação de métodos para avaliação da Cercosporiose e Mancha Branca. **Tropical Plant Pathology**. v. 36, n. 1, p. 35-41, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1982-56762011000100005>

COTA, L. V.; COSTA, R. V.; SILVA, D. D. Manejo de doenças. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. **Milho: do plantio à colheita**. 1. ed. Viçosa: UFV, 2015. cap. 13, p. 294-322.

CROW, J. F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics theory**. Minneapolis: Alpha Editions, 1970, 591p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Imprensa Universitária, v. 2, 2012. 514 p.

CRUZ, C. D. Genes Software extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa : Editora UFV, Imprensa Universitária. 1987. 279 p.

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de Milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360 p.

GOOD, R. L.; HALLAUER, A. R. Inbreeding depression in maize by selfing an full-sibbing. **Crop Science**, Madison, v. 17, p. 935-940, 1977. <https://doi.org/10.2135/cropsci1977.0011183X001700060030x>

GOODMAN, M. M. Broadening the U.S. maize germplasm base. **Maydica**, v. 50, p. 203-214. 2005.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p.

LAZAROTO, A.; DOS SANTOS, I.; KONFLANZ, V. A.; MALAGI, G.; CAMOCHENA, R. C. Escala diagramática para avaliação de severidade da helmintosporiose comum em milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 12, p. 2131-2137, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782012005000112>

LIMA, M.; MIRANDA FILHO J. B.; BOLLER G. P. Inbreeding depression in Brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**. v. 29, n. 3, p. 203-215, 1984.

MALAGI, G.; SANTOS, I.; CAMOCHENA, R. C.; MOCCELLIN, R. Elaboração e validação da escala diagramática para avaliação da mancha branca do milho. **Revista Ciência Agronômica**. v. 42, n. 3, p. 797-804, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000300028>

MALDONADO, F. A. A.; MIRANDA FILHO, J. B. Inbreeding depression in maize populations of reduced size. **Scientia agrícola**, Piracicaba, v. 59, n. 2, p. 335-340, 2002.

MENDES, U. C.; MIRANDA FILHO, J. B.; OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F. Heterosis and combining ability in crosses between two groups of open-pollinated maize populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 235-243, 2015. <https://doi.org/10.1590/1984-70332015v15n4a40>

MIRANDA FILHO, J. B. Endogamia ou consanguinidade. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos & Melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 629-647.

NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos Genéticos e Melhoramento: Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183p.

OLIVEIRA, A. S.; REIS, E. F.; MIRANDA FILHO, J. B.; MENDES, U. C. RODRIGUES, L. O. Genetic variability and yield potential of three semiexotic maize (*Zea mays* L.) Populations variabilidade genética e potencial produtivo em três populações semiexóticas de milho (*Zea mays* L.). **Bioscience Journal**. v. 31, n. 6, p. 1609-1617, 2015. <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-28783>

OLIVEIRA, A. S.; MIRANDA FILHO, J. B.; REIS, E. F. Variability and inbreeding in semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 1, p. 1184-1199, 2015. <https://doi.org/10.4238/2015.February.6.21>

RODRIGUES, L.O. **Variabilidade genética em quatro populações semiexóticas de milho**. 2013. 57 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Goiás, Jataí, 2013.

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SHANER, G.; FINLEY, R. F. The effects of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 67, p. 1051-1056, 1977. <https://doi.org/10.1094/Phyto-67-1051>

SILVA, C. M.; MIRANDA FILHO, J. B.; MENDES, U. C.; REIS, E. F. Partial diallel crosses for predicting yield of semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 1-16, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16019544>

SOUZA, A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. OLIVEIRA, A. S.; PINTO, J. F. N.; SILVA,

C. M.; REIS, E. F. Genetic variability and expected gain in three maize populations. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo.** v. 17, n. 1, p. 135-146, 2018.
<https://doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v17n1p135-146>

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho.** 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. p. 137-214.

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

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O milho safrinha tem crescido acentuadamente, tornando-se hoje um dos grandes suportes da produção de milho. Devido a sua importância, os programas de melhoramento genético de milho têm direcionado a atenção para o desenvolvimento de genótipos específicos para o cultivo na safrinha e assim obter híbridos ou variedades mais produtivas, mesmo em condições climáticas adversas.

A parceria realizada entre o departamento de genética da ESALQ/USP e as instituições públicas (CNPMS/EMBRAPA, IAC - Instituto Agronômico de Campinas, IAPAR - Instituto Agronômico do Paraná, ESALQ-USP, CENARGEM/EMBRAPA) e privadas (empresas Zêneca Sementes, Sementes Colorado, FT Sementes, Sementes Agroceres) foi fundamental no desenvolvimento de populações com características importantes para a base genética de um programa de melhoramento.

Com a busca de genótipos superiores e uniformes, tem ocorrido o estreitamento da base genética do milho e as populações desenvolvidas há 23 anos pelo Núcleo de Apoio a Pesquisa Milho que fornece hoje populações com ampla variabilidade genética e fonte de resistência a fitopatógenos que podem ocasionar perdas significativas na produtividade de grãos de milho e assim acarretar grandes problemas aos setores dependentes deste cereal.

A partir dos resultados observados no presente trabalho, pode-se observar o potencial genético e produtivo das populações exóticas avaliadas, podendo ser utilizadas em programas de melhoramento genético com seleção recorrente e assim obter genótipos promissores tanto para caracteres agronômicos, quanto para caracteres de resistência aos principais fitopatógenos na cultura do milho.

As populações exóticas podem ser utilizadas para o melhoramento intra ou interpopulacional com o objetivo de obter populações melhoradas pelo uso adequado de métodos de seleção, possibilitando o aumento gradativo da frequência de alelos favoráveis e/ou na obtenção de linhagens promissoras para a produção de híbridos com características adequadas para o cultivo em safrinha.

ANEXOS

ANEXO A

TABELA 1A. Identificação^k de três populações (NAP) obtidas por recombinação de acessos do banco de germoplasma selecionados para resistência específica a doenças foliares.

População NAP-HT (resistência a <i>Exserohilum turcicum</i>)			
BA 020	BA 032	CMS 49	Honduras Gr. 13 ^A
BA 166	RN 003	WP 33	Matahambre x Guapira
CMS 467	SE 030	MG 060	Templ. X 134M. Cristalino
BA 018	CNPH 1	CMS 27 III	134M. Bajio x Indon 027171
CMS 40	BA 046	BR 427 III	Bolívia I
CMS 35	BA 048	Pipoca Timóteo	Zapalote Chico
SE 004	BA 035	Pipoca Miúdo	CMS 465 x Pool 33 QPM
CMS 44	CMS 47	Comp Cruz Cuzco	---
BA 061	CMS 33	El Salvador Gr. 1 ^A	---
População NAP-PZ (resistência a <i>Physopella zeae</i>)			
AL 001	CMS 44	MEB I	COMITECO
BA 188	CMS 466	CMS 30	San Luiz Potosi 30
CMS 457	CMS 463	BR 105 MI	Rep. Dominicana 287
SC 005	BA 036	BA 019	C, Belt x Rep. Dominicana
CMS 49	SE 028	URG VA	CMS 465 Pool 33 QPM
BA 035	CMS 38	SC 001	Matahambre x Guapira
---	---	---	F36491-F2834T Comp.
População NAP-PM (resistência a <i>Phaeosphaeria maydis</i>)			
SE 028	SE 025	BA 190	Prolífico Japonês
BA 094	PA 068	BA 160	San Luiz Potosi 128
BA 154	PA 083	I 74-6	San Luiz Potosi 127
MG 090	MG 099	Vera Cruz 150	Panamá Gr 86
PR 053	BA 125	Maya XV	San Luiz Potosi 100
MG 104	RR 064	CMP Jaíba II	San Luiz Potosi 118
I 74-5	MG 089	Vera Cruz Gr 20	San Luiz Potosi 114
PA 049	SE 016	Vera Cruz 210	IAC Maya Anão
BA 118	CMS 28	Vera Cruz Gr 22	Drought Tolerant
MEB I	RR 192	Vera Cruz Gr 48	31096 G F2 834 Comp
PA 078	AL 009	Vera Cruz Gr 183	---
PR 050	RR 132	Vera Cruz Gr 119	---

^k Fonte: MIRANDA FILHO et al, (2000)

ANEXO B

TABELA 1B. Formulações para estimação dos parâmetros de interesse no estudo de famílias de irmãos germanos e famílias S₁ de três populações exóticas de milho.

Parâmetro	Estimativa
▪ Média geral das famílias IG (não endógamas)	$m_0 = (1/n) \sum Y_{ij}^0$
▪ Média geral das famílias S ₁ (endógamas)	$m_1 = (1/n) \sum Y_{ij}^1$
▪ Depressão por endogamia	$DP\% = ((m_0 - m_1) / m_0) 100$
▪ Média esperada de linhagens totalmente endogâmicas	$\mu + a^* = 2(m_1 - m_0)$
▪ Efeito geral dos desvios de dominância	$d^* = 2m_0 - m_1$
▪ Componente variância genética entre famílias (IG ou S ₁)	$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{1}{3} (QMG - QMR)$
▪ Componente variância fenotípica entre médias de famílias	$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{1}{3} QMG$
▪ Componente de variância genética entre FIG considerando os dois locais	$\sigma_G^2 = \frac{QMG - QMGA}{ar}$
▪ Componente de variância GxA	$\sigma_{GA}^2 = \frac{QMGA - QMR}{r}$
▪ Variância genética aditiva — hipótese (1): $\sigma_D^2 = 0$	$\hat{\sigma}_{A1}^2 = 2 \hat{\sigma}_p^2$
— hipótese (2): $\sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$	$\hat{\sigma}_{A2}^2 = \frac{8}{5} \hat{\sigma}_p^2$
— hipótese (3): $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$	$\hat{\sigma}_{A3}^2 = \frac{4}{3} \hat{\sigma}_p^2$
▪ Coeficiente de variação experimental	$CVe\% = 100 \cdot \sqrt{QMR} / m_0$
▪ Coeficiente de variação genética	$CVg\% = 100 \cdot \hat{\sigma}_p / m_0$
▪ Índice de variação	$\theta = CVg / CVe$
▪ Coeficiente de herdabilidade — sentido amplo	$h_f^2 = (QMG - QMR) / QMG$
— sentido restrito, hipótese (1): $\sigma_D^2 = 0$	$h_{f1}^2 = h_f^2$
— sentido restrito, hipótese (2): $\sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$	$h_{f2}^2 = 3 \hat{\sigma}_{A2}^2 / 2.QMG$
— sentido restrito, hipótese (3): $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$	$h_{f3}^2 = 3 \hat{\sigma}_{A3}^2 / 2.QMG$
▪ Coeficiente de correlação fenotípica e genotípica	$r = Cov(x, y) / \sqrt{V(x)V(y)}$
▪ Ganho genético	$GS\% = 100(GS/m_0)$
	$GS = ds \cdot h^2$

ANEXO C

TABELA 1C. Temperatura média, umidade relativa média, velocidade média do vento e precipitação em Jataí e Uberlândia no período da safrinha 2015.

Meses	Temperatura °C		Umidade Relativa %		Vento (m s-1)		Precipitação mm	
	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI	Jataí	UDI
Fevereiro	24,2	22,6	76	82	1,6	1,8	251,7	265,0
Março	23,6	21,8	79	87	1,2	1,2	275,2	273,0
Abril	24,0	22,2	78,5	83	0,9	1,1	113,1	78,4
Maio	21,3	19,5	78,0	83	1,1	1,3	83,3	57,8
Junho	20,1	19,0	70,6	78	0,8	1,5	8,9	15,6
Julho	20,4	19,7	77,6	71	0,8	1,8	45,2	7,6

Fontes: Estação Meteorológica da UFG/Jataí e da Estação Meteorológica da UFU/Fazenda Glória,

ANEXOS D

