**ANÁLISE GENÉTICA E SÍNTESE DE POPULAÇÕES
VISANDO RESISTÊNCIA À FERRUGEM (*Puccinia
polysora* Underw.) EM MILHO (*Zea mays* L.)**

JOSUÉ MALDONADO FERREIRA

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura
“Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, para
obtenção do título de Doutor em Agronomia, Área de
Concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA

Estado de São Paulo – Brasil

Abril – 1999

ERRATA

Página	Onde se lê	Leia-se
33	$N_{co}=2^n-(n-1)$	$NC=2^n - (n+1)$
45	PREP	PRE
47	$ds = m_o - m_s$	$ds = m_s - m_o$
48	Y_{ijk} = observação relativa à progênie i, no bloco j;	Y_{ijk} = observação relativa à progênie i, no bloco j e local k;
51	SS(Var)	SQ(Var)
124	1276 acessos	1273 acessos
151	SILVA, S.O. .... Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.	SILVA, S.O. .... Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - Campus "Luiz de Queiroz"/USP

Ferreira, Josué Maldonado

Análise genética e síntese de populações visando resistência à ferrugem (*Puccinia polysora* Underw.) em milho (*Zea mays* L.) / Josué Maldonado Ferreira. - - Piracicaba, 1999.
230 p.

Tese (doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1999.
Bibliografia.

1. Cruzamento dialélico 2. Divergência genética 3. Doença de planta 4. Ferrugem-do-milho 5. Fungo fitopatogênico 6. Melhoramento genético vegetal 7. População genética 8. Resistência à doença 9. Seleção genética 10. Variabilidade genética I. Título

CDD 633.15

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte - O Autor"

Ao Grande e Amorável Deus.

À minha querida esposa Lessandra.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao Deus Eterno em quem tenho posto a minha confiança, pois tem me sustentado com braço forte em todo o tempo.

Ao Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, pelo privilégio do convívio amigo e profissional.

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ/USP), pela oportunidade de participar dessa maravilhosa experiência.

À Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pelo auxílio financeiro destinado a realização deste projeto.

Ao Dr. Guido De Sordi e Dr. José Carlos Vila Nova Alves Pereira da Estação Experimental do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) em Ribeirão Preto, pelo apoio e concessão da área experimental para realização de parte dos experimentos.

Aos docentes do Departamento de Genética da ESALQ/USP, que durante este aprendizado contribuíram de alguma forma para meu crescimento profissional.

Ao Departamento de Biologia Geral da Universidade Estadual de Londrina (UEL), pelo apoio concedido durante a fase final deste trabalho.

Ao Prof. Dr. Lázaro José Chaves pelas sugestões valiosas à este trabalho.

A todos os membros da Comissão Julgadora, pela disponibilidade e pelas valiosas contribuições transmitidas.

Ao amigo Marcelo Akira Naime Nishikawa pelo auxílio na elaboração das versões em inglês do summary e dos trabalhos para publicação.

A todos os amigos do Curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelo presença marcante durante toda esta jornada.

Aos amigos Marcelo, Flávio, Luciano, Amadeu, Dirceu, Leandro, Gilberto, Janai, Luciana, Laila, Alexandre, Chirlei, Rosângela, Ismael, Dario, Luiz Claudio, Rhainer, Marcos, Elizabete, Sílvia, Dodô, Vagner, Cláudia e demais companheiros, que sem a compreensão e apoio, talvez não tivesse chegado ao final desta obra.

A todos os funcionários do Departamento de Genética, pelo convívio amigo e atenção. Particularmente, Marcos Cella, Pipo, Sebastião, Márcio, Cláudio Segatelli e Aparecido, pela expressiva ajuda na condução dos experimentos.

Aos companheiros Miro, Ciro, Sebastião e Leomar que colaboraram nas atividades experimentais realizadas em Rio Verde (GO).

À bibliotecária Silvana Marchizelli Gregório pela revisão das referências bibliográficas.

À minha querida esposa Lessandra Heck Paes Leme Ferreira por ter colaborado de forma decisiva em todas as etapas de mais esta realização profissional.

Aos meus pais Valdomiro Ferreira e Antônia Maldonado Ferreira, por todo esforço e dedicação em minha formação.

Aos meus irmãos e sobrinhos pelo apoio em todos os momentos.

E a todos aqueles que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	viii
SUMMARY	xi
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 Situação atual das doenças foliares em milho	5
2.2 Principais doenças foliares, patógenos, sintomas e danos econômicos	7
2.2.1 Ferrugens	7
2.2.1.1 Ferrugem comum	7
2.2.1.2 Ferrugem polysora	9
2.2.1.3 Ferrugem tropical	10
2.2.2 Mancha foliar de <i>Phaeosphaeria</i>	11
2.2.3 Mancha foliar de <i>Exserohilum turcicum</i>	12
2.3 Genes de resistência, herança e parâmetros genéticos para resistência a doenças foliares	13
2.3.1 Resistência à ferrugens	13
2.3.1.1 Resistência à ferrugem comum	14
2.3.1.2 Resistência à ferrugem polysora	18
2.3.1.3 Resistência à ferrugem tropical	20
2.3.2 Resistência à mancha foliar de <i>Phaeosphaeria</i>	21
2.3.3 Resistência à mancha foliar de <i>Exserohilum turcicum</i>	22
2.4 Métodos de melhoramento utilizados para resistência às doenças foliares	25
2.5 Utilização de cruzamentos dialélicos no melhoramento de plantas	29
2.6 Utilização de cruzamentos “top-crosses” no melhoramento de plantas	31
2.7 Predição de médias para síntese de compostos	32
2.8 Variabilidade em populações	34

3 MATERIAL E MÉTODOS	37
3.1 Material	37
3.1.1 Identificação das populações	38
3.1.2 Obtenção das progênes de irmãos germanos	39
3.1.3 Obtenção dos cruzamentos dialélicos com recíprocos	39
3.1.4 Obtenção dos cruzamentos “top-crosses”	39
3.1.5 Testemunhas	40
3.2 Métodos	41
3.2.1 Execução experimental	41
3.2.1.1 Progênes de irmãos germanos	41
3.2.1.2 Dialelo 10 x 10 com recíprocos	42
3.2.1.3 Cruzamentos “top-crosses” envolvendo 35 populações	42
3.2.2 Caracteres avaliados	43
3.2.3 Análises de variância	45
3.2.3.1 Ensaios de progênes de irmãos germanos e estimação dos componentes de variância	46
3.2.3.2 Ensaios de cruzamentos dialélicos com recíprocos e estimação de parâmetros	49
3.2.3.3 Ensaios de cruzamentos “top-crosses” e estimação de parâmetros	51
3.3.4 Predição de médias de compostos	53
3.3.5 Teste t (Student) e intervalo de confiança da média	55
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	57
4.1 Ensaios de progênes de irmãos germanos de dez populações NAP	57
4.1.1 Avaliações de sanidade	57
4.1.2 - Avaliação da produção das progênes de IG de dez populações NAP	67
4.1.3 – Avaliação de caracteres vegetativos em progênes de IG de 10 populações	74
4.2 Dialélico	80
4.2.1 Médias das populações e cruzamentos intervartais	80
4.2.2 Análises de variância das tabelas dialélicas com recíprocos	83
4.2.3 Análise conjunta dos ensaios dialélicos	86

4.2.4 Estimativas dos parâmetros do modelo de Gardner & Eberhart	87
4.2.4.1 Estimativas de parâmetros de sanidade	88
4.2.4.2 Estimativas de parâmetros de produção	92
4.2.4.3 Estimativas de parâmetros dos caracteres vegetativos	96
4.2.5 Efeitos de cruzamentos recíprocos	99
4.3 Ensaio de cruzamentos “top-crosses”	100
4.3.1 Médias das populações e cruzamentos “top-crosses”	100
4.3.2 Análises de variância dos ensaios “top-crosses”	104
4.3.3 Análise conjunta dos ensaios de cruzamentos “top-crosses”	106
4.3.4 Estimativas dos parâmetros do modelo reduzido de Gardner & Eberhart adaptados para avaliação de “top-crosses” por Miranda Filho & Chaves	106
4.3.4.1 Estimativas de parâmetros de sanidade	106
4.3.4.2 Estimativas de parâmetros de produção	110
4.3.4.3 Estimativas de parâmetros dos caracteres vegetativos	113
4.4 Predição de médias de compostos	116
4.4.1 Baseada nas médias dos cruzamentos dialélico 10 x 10 com recíprocos	116
4.4.2 Baseada na média dos ensaios de cruzamentos “top-crosses”	120
4.5 Considerações finais	124
5 CONCLUSÃO	129
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	132
ANEXO	155
APÊNDICE	226

ANÁLISE GENÉTICA E SÍNTESE DE POPULAÇÕES VISANDO RESISTÊNCIA À FERRUGEM (*Puccinia polysora* UNDERW.) EM MILHO (*Zea mays* L.)

Autor: JOSUÉ MALDONADO FERREIRA

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

RESUMO

Nos anos 90, as doenças foliares em milho passaram a receber maior atenção devido aos danos causados à cultura e prejuízos econômicos. A ferrugem polysora é uma das doenças foliares mais importantes, sendo a mais agressiva e destrutiva entre as ferrugens. Os objetivos deste trabalho foram: a) selecionar populações resistentes dentre 140 variedades melhoradas e previamente avaliadas no Projeto NAP-MILHO (Núcleo de Apoio a Pesquisa em Milho); b) avaliar cruzamentos das populações selecionadas, visando sintetizar compostos de variedades com elevado padrão de resistência e valor agrônômico aceitável; c) estudar os padrões de herança e componentes genéticos relacionados a resistência à *P. polysora* em populações de milho.

Foram selecionadas trinta e seis populações, que foram separadas em dois grupos: Grupo-I - dez populações selecionadas com maior ênfase para resistência à *P. polysora* e produção; e Grupo-II - vinte e seis populações selecionadas para resistência à *P. polysora* e demais doenças, com menor enfoque para produção.

As populações do Grupo-I foram avaliadas em ensaios de progêies de irmãos germanos (IG) e em cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos. As

populações do Grupo-II e mais nove do Grupo-I foram avaliadas em um esquema de cruzamentos “top-crosses”, utilizando o mesmo conjunto de populações como testador. Os experimentos de avaliação foram em blocos casualizados e conduzidos em Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO) em 1996/97. Como testemunhas utilizaram-se dois híbridos (T_1 e T_2) com padrões divergentes para resistência a *P. polysora*. Os caracteres avaliados foram: resistência à *P. polysora* (POLY), *Physopella zae* (PHYS), *Phaeosphaeria maydis* (PHAE), *Exserohilum turcicum* (ET), complexo enfezamento (CSTUN) e porcentagem de espigas doentes (%ED); estande (ST); número de espigas por planta (NE/P); porcentagem de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE); peso de espiga corrigido (PEC); peso de grãos corrigido (PGC); altura de planta (AP) e de espiga (AE); posição relativa da espiga (PRE) e dias para o florescimento após o plantio (FLOR). Nas avaliações de resistência utilizaram-se escalas de notas de severidade de 1 a 9 para POLY, PHYS e PHAE, onde a menor nota representa maior resistência.

As populações avaliadas por ensaios de progênes de IG apresentaram excelente padrão de resistência à *P. polysora* (2,1 a 2,9), comparadas a T_1 (2,4 a 3,1) e T_2 (4,4 a 6,7). Para PHYS e PHAE as notas médias observadas nas populações oscilaram entre resistente (3,1) e medianamente resistente (5,4). Entretanto, obtiveram-se estimativas de variância aditiva (σ^2_A), herdabilidade (h^2), coeficientes de variação genético (CVg%) e índice de variação (b), indicando suficiente variabilidade genética, grande potencial para melhoramento em geral e particularmente para resistência a PHYS e PHAE. As populações apresentaram médias de progênes com bons níveis de produção para PEC, quando comparado às testemunhas T_1 e T_2 .

Nos ensaios de cruzamentos dialélicos e de “top-crosses”, os tratamentos foram resistentes para POLY e resistentes a medianamente resistentes para PHYS e PHAE. As análises para PHYS e PHAE indicam que efeitos aditivos foram as fontes de variação mais importantes no controle genético da resistência. Os efeitos de dominância foram importantes para %ED e, em menor proporção, para PHAE.

Observaram-se efeitos significativos de heterose nas análises de cruzamentos dialélicos e “top-crosses” para os caracteres de produção. Isto revela existência de divergência genética entre populações.

Dentre as populações avaliadas no dialélo, cinco foram selecionadas para síntese de um novo composto: NAP21 (BR105), NAP48 (CMS 58 ND), NAP49 (CMS 59 Sintético Elite), NAP97 (IAPAR 51) e NAP114 (PMI 9401). A partir dos ensaios de cruzamentos “top-crosses”, as cinco populações selecionadas para formação de um novo composto foram: NAP07 (CMS 14C), NAP22 (BR 106), NAP44 (CMS 54), NAP97 (IAPAR 51) e NAP114 (PMI 9401). Após a recombinação das populações e formação dos compostos, estes serão utilizados no programa de seleção recorrente para produção e resistência à doenças.

**GENETIC ANALYSIS AND SYNTHESIS OF MAIZE (*Zea mays* L.)
POPULATIONS FOR SOUTHERN CORN RUST
(*Puccinia polysora* Underw.) RESISTANCE**

Autor: JOSUÉ MALDONADO FERREIRA

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

SUMMARY

The importance of leaf diseases in maize increased in the 90 th decade in Brazil, as a consequence of economical losses. The southern corn rust is considered the most important leaf disease in Brazil, in comparison with others rusts, concerning its high potential of attack and damage. The objectives of this work were: a) to screen resistant populations from 140 improved varieties formerly evaluated in the NAP Project and supported by NAP-MILHO (“Núcleo de Apoio à Pesquisa do Milho”) of ESALQ/USP; b) to evaluate selected populations in crosses and to synthesize composites of varieties with high standard for disease resistance and acceptable agronomic values; c) to study the patterns of inheritance and genetic values related to resistance to the southern corn rust in maize populations.

From NAP-MILHO results, thirty six populations were selected and divided in two groups: Group I – ten populations selected for *P. polysora* resistance and yield; and Group II – twenty six populations selected for *P. polysora* resistance and other leaf diseases with lower emphasis to grain yield.

Fifty full-sib families from each of the ten populations in Group I were evaluated in two locations (Ribeirão Preto, SP; Rio Verde, GO). The same populations were crossed in a diallel scheme. Populations from Group II plus nine populations of Group I were crossed in the topcross scheme, using the whole set of the parent populations as tester. In both experiments representing diallel and topcrosses the parent varieties were included and the experiments were evaluated in the mentioned locations in 1996/97. Two commercial hybrids (T_1 and T_2) with divergent patterns of resistance to *P. polysora* (POLY) were used as checks. The evaluated traits were: resistance to *P. polysora* (POLY), *Physopella zea* (PHYS), *Phaeosphaeria maydis* (PHAE), *Exserohilum turcicum* (ET), corn stunt complex (CSTUN) and percentage of damaged ears (%ED), stand (ST), number of ears per plant (NE/P), stalk and root lodging (%QUE and %AC), corrected ear weight (PEC), corrected grain weight (PGC), plant height (AP), ear height (AE), ear placement in the stalk (PRE) and flowering dates (FLOR). The patterns of resistance for POLY, PHYS and PHAE were based on a rating scale for damages varying from 1 to 9, where the lower rate represented the highest resistance.

Populations represented in the full-sib progeny experiments showed an excellent pattern of resistance to *P. polysora* (2.1 to 2.9), in comparison with T_1 (2.4 to 3.1) and T_2 (4.4 and 6.7). For PHYS and PHAE, the average rates observed in the populations were in the range of resistant (3.1) to median resistant (5,4). Estimates of the additive genetic variance (σ^2_A), heritability (h^2), genetic coefficient of variation (CVg%) and index of variation (b) were obtained and indicated sufficient genetic variability and a good potential to be used in breeding programs in general and particularly for resistance to PHYS and PHAE. Progeny means indicated good yielding potential for most of the populations in the study, as compared to T_1 and T_2 .

In the topcrosses and diallel trials treatments were resistant to POLY and in the range of resistant to median resistant for PHYS and PHAE. The analysis of variance for PHYS and PHAE indicated the additive effects as the most important source of variation in the control of genetic resistance. The dominance effects were important to %ED and, in lower proportion, to PHAE.

Significant heterosis effects were observed for yield traits in the diallel and topcross analysis, indicating the existence of genetic divergence among populations.

Among the populations evaluated in diallel cross, five were selected for synthesis of a new composite: NAP21 (BR105), NAP48 (CMS 58 ND), NAP49 (CMS 59 Sintético Elite), NAP97 (IAPAR 51) e NAP114 (PMI 9401). In the same way, five populations were selected among those evaluated in topcrosses: NAP07 (CMS 14C), NAP22 (BR 106), NAP44 (CMS 54), NAP97 (IAPAR 51) e NAP114 (PMI 9401). After recombination of the newly formed composites, they will be used in recurrent selection programs for yield and disease resistance.

1 INTRODUÇÃO

Desde o início do melhoramento do milho no Brasil, pouca ou quase nenhuma atenção foi dada aos estudos de resistência genética a doenças. Os esforços de melhoramento limitaram-se principalmente à capacidade produtiva dos materiais. Por muito tempo o milho vinha sendo considerado como uma cultura rústica e resistente às adversidades do ambiente.

O primeiro alerta para a necessidade de atentar para fatores de resistência genética a doenças de milho se deu no início dos anos 70, quando a ocorrência do patógeno *Helminthosporium maydis*, raça T, promoveu apreciáveis danos econômicos, principalmente para empresas produtoras de sementes que usavam o citoplasma T como elemento indutor de esterelidade masculina, que dispensa a emasculação (despendoamento) no processo de produção de sementes. A partir desta ocorrência, pesquisas envolvendo resistência a doenças começaram a ser realizadas por empresas públicas e privadas. Após ter sido contornado este problema, houve uma nova fase de negligência em relação às pesquisas para resistência a doenças. Entretanto, no início dos anos 90, as doenças foliares como a *Puccinia polysora*, *Physopella zea* e *Phaeosphaeria maydis*, passaram a ocorrer com uma severidade intensa, principalmente na região central do Brasil. No segundo semestre de 1993, diversas instituições públicas e privadas do Brasil reuniram-se para discutir a situação da cultura do milho no país, sendo o enfoque desta iniciativa avaliar a ocorrência de doenças em diversas regiões produtoras e definir estratégias para enfrentar este problema. Posteriormente a esta iniciativa foi criado o NAP-MILHO (Núcleo de Apoio a Pesquisa em Milho) junto a ESALQ-USP (Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - Universidade de São Paulo). Dentro desta organização foi desenvolvido o Projeto NAP-MILHO, com o

objetivo de avaliar e selecionar diversos germoplasmas para utilização como fonte de resistência à doenças nos programas de melhoramento genético desenvolvidos no país.

A ferrugem causada por *Puccinia polysora* tem sido uma das maiores preocupações, ao nível de doenças, para produtores, melhoristas e empresas de melhoramento de milho, devido a sua elevada agressividade e os severos danos na produção, quando as condições ambientais são favoráveis ao patógeno. A resistência genética representa uma forma alternativa eficiente e econômica para solucionar esse problema.

Segundo Pereira (1995), a importância dos estudos de resistência a doenças em milho cresceu devido ao: i) surgimento de novas doenças; ii) maior tecnificação da cultura, onde as perdas antes consideradas pouco expressivas passaram a ter papel fundamental na rentabilidade; iii) erosão dos genes de resistência ocorrida em trabalhos de melhoramento de cultivares realizados em regiões onde as doenças não estão presentes; iv) plantio contínuo do milho durante o ano inteiro; e, v) possivelmente, surgimento de novas raças dos patógenos que levaram cultivares tidos como tolerantes a serem considerados atualmente suscetíveis.

Trabalhos ao nível de populações, tanto para caracteres agronômicos como para resistência a doenças, têm contribuído muito para o desenvolvimento de material genético promissor. O melhoramento de populações para caracteres específicos se processa via seleção recorrente, que é um procedimento cíclico onde se procura, gradativamente, elevar a concentração de genes favoráveis para um ou vários caracteres. No caso particular de doenças, procura-se elevar a concentração de alelos de resistência (quantitativa) para conduzir a população a um padrão aceitável de tolerância às raças predominantes do patógeno.

Um aspecto importante, neste contexto, é a escolha da população base, a qual deve ter características tais que ofereçam oportunidade, com um certo grau de confiabilidade, de elevar a sua performance para os padrões desejados. Neste aspecto, a síntese de novas populações com características específicas, representa uma estratégia de fundamental importância, pois permite iniciar um programa sobre uma base genética apropriada para os objetivos desejados. No entanto, o interesse crescente pela introdução de germoplasma de outras áreas, principalmente de regiões subtropicais e temperadas,

tem levado à obtenção de materiais com valor adaptativo mais baixo, principalmente no que diz respeito às doenças locais.

No Brasil existe uma ampla variabilidade de germoplasmas que podem ser muito úteis para o desenvolvimento de populações com elevado padrão de resistência e produtividade. Entretanto, pouco se conhece a respeito dos diferentes materiais genéticos (raças, populações, híbridos e linhagens) como fonte de resistência. No geral, tem sido dada ênfase à seleção para resistência de campo, sendo em poucos casos determinados os padrões de herança e o potencial genético de resistência. A eficiência da seleção para resistência a doenças depende fundamentalmente da natureza da resistência e da sua herdabilidade. Desta forma, os objetivos desse trabalho foram: a) selecionar populações resistentes dentro de um conjunto de 140 variedades melhoradas e previamente avaliadas para este fim; b) avaliar cruzamentos das populações selecionadas, visando sintetizar compostos de variedades com elevado padrão de resistência e valor agrônomo aceitável, para serem utilizadas em programas de melhoramento; c) estudar os padrões de herança e componentes genéticos relacionados a resistência à *P. polysora* nas populações de milho utilizadas nesse projeto.

2 REVISÃO DE LITERATURA

Os trabalhos para desenvolvimento de híbridos comerciais de milho no Brasil iniciaram-se nos anos 30, marco do melhoramento do milho sob base científica (Krug et al., 1943). No período de 1940-1950 predominaram as variedades antigas como Cateto e Dente Paulista juntamente com os novos híbridos (como exemplo: H-3531). Neste período, foi dada ênfase para seleção visando alta produção, vigor, resistência ao acamamento e resistência a doenças (Viegas & Peeten, 1987). Posteriormente, foram introduzidos germoplasmas exóticos do México e América Central (Tuxpeño e raças relacionadas), que foram utilizados para a obtenção de híbridos semi-dentados de alta produção (Miranda Filho & Viegas, 1987).

Brieger et al. (1958) apresentaram uma descrição do germoplasma de milho no Brasil e de países adjacentes. Foram descritas 52 raças representadas por cerca de 3.000 coleções. Todo o germoplasma disponível naquela época foi mantido no "Banco de Germoplasma do Brasil", inicialmente sediado no Instituto de Genética (ESALQ-USP), posteriormente transferido para o CENARGEN-EMBRAPA (Centro Nacional de Pesquisa de Recursos Genéticos e Biotecnológicos - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária). Nos períodos subsequentes, diversas introduções foram realizadas, incluindo germoplasma de origem tropical, subtropical e temperada (Môro et al., 1981; Lima et al., 1982; Miranda Filho, 1985; Miranda Filho & Viegas, 1987; Hallauer & Miranda Filho, 1995).

Apesar da grande variabilidade do germoplasma de milho disponível no Brasil, pouco se conhece sobre o seu potencial como fonte de resistência à doenças. As instituições públicas e privadas têm dado maior ênfase para seleção da resistência ao nível de campo (Viegas & Peeten, 1987), sendo em poucas ocasiões bem determinados os padrões de herança e o potencial genético da resistência. A eficiência da seleção para resistência a doenças

depende fundamentalmente da natureza da resistência e da sua herdabilidade. Informações adicionais sobre a ocorrência e importância das doenças de milho no Brasil, bem como sobre a base genética da resistência, podem ser encontradas em Miranda Filho (1985) e Balmer & Pereira (1987).

No segundo semestre de 1993, diversas instituições públicas e privadas brasileiras reuniram-se na Fundação Instituto de Pesquisa Econômicas da Universidade de São Paulo para discutir a situação da cultura do milho no país, sendo que o principal enfoque desta iniciativa foi avaliar a ocorrência de doenças nas diversas regiões produtoras de milho e definir algumas estratégias para enfrentar o problema. No início de 1994, a Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” da Universidade de São Paulo, tomou a iniciativa de reunir as várias instituições de pesquisa públicas e privadas, voltadas para a cultura do milho, em um Núcleo de Apoio a Pesquisa em Milho (NAP-MILHO). O NAP-MILHO desenvolveu um projeto de avaliação da resistência aos principais patógenos no Banco Ativo de Germoplasma do CNPMS (Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo) da EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária), objetivando fornecer fontes de resistência para os programas de melhoramento genético desenvolvidos no país. Este primeiro esforço serve para indicar a dimensão da importância que as doenças foliares assumiram para a cultura do milho.

2.1 Situação atual das doenças foliares em milho

O milho deixou de ser considerado uma planta rústica que suporta bem as condições de estresse. Isto ocorreu devido, principalmente, ao aumento da importância de certas doenças em algumas regiões, onde as condições são favoráveis ao desenvolvimento de tais doenças, podendo estas serem um fator limitante de produtividade para a cultura. Segundo Pereira (1995) a importância de doenças de milho pode ser dividida em três fases: a) antes de 1971: período caracterizado pelo total descaso da pesquisa em relação às doenças; b) de 1971 a 1990: no ano de 1971, foi constatada a ocorrência de *Helminthosporium maydis*, raça T, que é um patógeno

altamente destrutivo para plantas de milho contendo citoplasma Texas para macho-esterilidade. A doença provocou apreciáveis danos econômicos, principalmente para empresas produtoras de sementes que usavam esta fonte de esterilidade em seu processo produtivo. A partir desta ocorrência, pesquisas com resistência a doenças começaram a ser realizadas por algumas empresas privadas e públicas; c) a partir de 1990, as doenças foliares como a *Puccinia polysora*, *Physopella zae* e *Phaeosphaeria maydis*, passaram a ocorrer com uma severidade bastante intensa, principalmente na região central do Brasil. A falta de informação básica em relação a métodos de controle das doenças chegou a levar alguns técnicos a temerem pelo futuro da cultura em algumas regiões.

As principais causas apontadas por Pereira (1995), para o aumento da importância das doenças em milho são: a) o surgimento de novas doenças, como exemplo a ferrugem tropical *Physopella zae*, que é uma doença recente na região Centro-Oeste, embora o fungo já tenha sido observado no Espírito Santo há muitos anos atrás; b) com a tecnificação da cultura, e portanto com maior investimento feito pelos agricultores, perdas antes consideradas pouco expressivas passaram a ter papel fundamental na rentabilidade; c) trabalhos de desenvolvimento de cultivares realizados em regiões onde as doenças não estão presentes, podem levar a uma perda de genes de resistência aos principais patógenos (erosão da resistência); d) o plantio de milho vem sendo realizado em épocas que anteriormente não era praticado. Atualmente, em várias regiões pode-se observar o plantio contínuo de milho durante o ano inteiro, o que contribui para o aumento da concentração de inóculo no campo; e) embora não tenham sido comprovadas, existem evidências de que novas raças dos patógenos possam estar surgindo e cultivares tidos como tolerantes estão perdendo as suas qualidades, pois a resistência pode estar sendo vencida. O aumento da concentração de inóculo no campo pode estar levando a um confundimento com a ocorrência de novas raças dos patógenos.

2.2 Principais doenças foliares, patógenos, sintomas e danos econômicos

2.2.1 Ferrugens

As ferrugens são assim denominadas devido as lesões amareladas, de aspecto ferruginoso, que causam nos hospedeiros atacados. Essas lesões, também referidas como pústulas, são constituídas, na maior parte, por estruturas reprodutivas dos fungos, que emergem do tecido vegetal atacado através do rompimento da epiderme do hospedeiro. As pústulas são geralmente salientes em relação à superfície vegetal e liberam facilmente os propágulos do fungo. As plantas doentes têm seu processo fotossintético afetado tanto pela retirada de nutrientes como pela destruição da área foliar, decorrente da formação de pústulas.

Os patógenos responsáveis pelas ferrugens são fungos basidiomicetos pertencentes a ordem Uredinales. Estes organismos atuam como parasitas obrigatórios e não apresentam fase saprofítica em seu ciclo vital. São parasitas evoluídos capazes de colonizar intercelularmente os tecidos vegetais e produzir haustórios, que retiram nutrientes diretamente do interior das células vivas. A relação patógeno-hospedeiro é específica (Bedendo, 1995).

Segundo De Léon (1994), as três principais doenças causadas por ferrugem em milho são: ferrugem comum (“common corn rust”); ferrugem polysora (“southern corn rust”) e ferrugem tropical (“tropical corn rust”).

2.2.1.1 Ferrugem comum

O agente causal da ferrugem comum do milho é *Puccinia sorghi* Schw. O aspecto pulverulento e ferruginoso apresentado pelas plantas atacadas é dado pelos uredosporos produzido nas pústulas, quando expostos após o rompimento da superfície do hospedeiro. Os uredosporos, produzidos em urédias, são de formato esférico ou elipsóides, de coloração cor de canela, apresentando equínolas em sua superfície. Os

teliosporos são marrom escuro, com ligeira constrição no septo, que se apresentam ligados a pedicelos com um comprimento variando de 1 a 2 vezes o tamanho do esporo (Balmer, 1980).

A ferrugem comum torna-se mais visível quando as plantas se aproximam da fase do florescimento. Pode ser reconhecida pelas pequenas pústulas de formato circular para alongado que aparecem na bainha e na lâmina foliar. As pústulas são formadas em ambas as faces das folhas. As pústulas têm cor marrom escuro nos primeiros estágios da infecção; mais tarde, rompe-se a epiderme e, à medida que a planta amadurece, as lesões adquirem uma coloração preta (De Léon, 1994).

As plantas do hospedeiro intermediário (*Oxalis* spp) com frequência são infectadas e apresentam pústulas de cor alaranjada. Este é outro estágio do ciclo do fungo, o sexual (Smith & White, 1988; De Léon, 1994). O patógeno possui um grande número de raças fisiológicas que podem ser diferenciadas através de suas reações em linhagens diferenciadas.

Esta moléstia acha-se amplamente distribuída por todo o mundo. No Brasil está generalizada, sendo mais encontrada na região Sul (temperaturas mais amenas). Geralmente, a infecção já aparece em um período tardio e raramente provocando perdas severas. A doença é favorecida em temperatura entre 17 a 25°C e elevada umidade relativa, o mesmo ocorrendo com dias quentes e noites frias e úmidas. O desenvolvimento da doença é reduzido abaixo de 8°C e quase não esporula acima de 32°C (Headrick & Pataky, 1986). Atmosfera saturada aumenta a germinação, com 100% de germinação ocorrendo em condições completamente saturadas, mas somente 3% de germinação ocorrendo para 97,5% de umidade relativa (Smith & White, 1988).

As epidemias de ferrugem comum podem reduzir drasticamente a produtividade do milho. Vários estudos tem comparado a produtividade dos genótipos que possuem ou não resistência à raças específicas de ferrugem. Hooker (1962) observou uma redução de aproximadamente 6% quando a severidade da doença foi ao redor de 30% nos campos de produção de híbridos B14 x Oh41 (possuindo o gene de resistência $Rp1^d$) comparada com o mesmo material na ausência de ferrugem. Russell (1965) relatou

uma redução na produtividade de 15 a 24%, quando a severidade da ferrugem variou de 50 a 75%. Kim & Brewbaker (1977) observaram reduções variando de 6 a 75% e uma média de 35% para a comparação entre 10 pares de híbridos duplos que foram genotipicamente similares exceto para o gene Rp1^d. Pataky (1987a) estimou uma redução de 6% na produtividade para cada 10% de severidade da ferrugem uma semana antes da colheita em Illinois, Estados Unidos. Groth et al. (1983) apresentam reduções variando de 0 a 50% e foram relacionados ao nível de resistência parcial à ferrugem apresentada pelo genótipo. Segundo Pataky & Eastburn (1993) as perdas em milho doce podem atingir 50% em híbridos altamente suscetíveis incluindo-se aqui alguns híbridos sh₂ e su₁. Um agravante para milho doce é que a maioria dos seus híbridos são altamente suscetíveis (Pataky, 1987a). Segundo Balmer (1980), no Estado de São Paulo, existem regiões onde as condições são extremamente favoráveis para a ferrugem, embora não se tenha dados sobre a redução na produção causada por essa doença.

2.2.1.2 Ferrugem polysora

O agente causal desta ferrugem é a *Puccinia polysora* Underw. Os uredosporos são amarelo-dourados sendo principalmente de forma elipsóide ou ovóide composto por 4-5 poros equatoriais. Teliosporos são angulares para elipsóides ou oblongo, bicelulado e a parede celular sobre o ápice não é espessada como em *P. sorghi*. A contínua propagação do patógeno depende da repetição do estágio de urédia na entressafra ou da dispersão pelo vento de esporos de outras áreas. Não se conhece hospedeiro alternativo do fungo (Balmer, 1980). Doze raças fisiológicas de *P. polysora* são conhecidas (Robert, 1962; Ullstrup, 1965; Lallmahomed & Craig, 1968). Apresentam pústulas menores e mais arredondadas que as produzidas pela *Puccinia sorghi*. Encontram-se, também em ambas as faces das folhas. As pústulas tem coloração amarela a dourada, podendo ocorrer na bainha foliar, nas brácteas das espigas e em condições de alta severidade, no pendão. As pústulas adquirem coloração marrom escuro à medida que as plantas se aproximam da maturação. A doença é mais severa em regiões quentes e

úmidas, sendo que maiores perdas ocorreram no oeste da África nos anos 50 (Melching, 1975). Está amplamente distribuída nas Américas, Ásia, África e Austrália. A ferrugem polysora é mais agressiva, matando com frequência a planta, o que raras vezes ocorre com *P. Sorghi*. É a mais agressiva e destrutiva das ferrugens podendo ser encontrada nas regiões Centro Oeste e Sudeste do Brasil, em razão da temperatura média mais elevada em relação a região Sul. A ocorrência de epidemias se dá em condições de noites quentes e elevada umidade relativa (De Léon, 1994).

Rodriguez-Arodon et al. (1980) estudaram as perdas na produtividade causadas pela ferrugem polysora em milho. Para isso, foram utilizadas linhagens isogênicas para determinar a extensão das perdas causadas por esta doença. Os híbridos suscetíveis, plantados em três intervalos de duas semanas um do outro, apresentaram uma redução média na produtividade de 4, 23 e 45%. Raid et al. (1988) relataram reduções de 18 a 39% na produção, devido a ocorrência de *P. polysora* em campos da Pensilvânia e Maryland, respectivamente. Segundo Rezende et al. (1994), a ferrugem polysora reduziu a produtividade em até 56%, promovendo ainda um aumento na porcentagem de plantas quebradas.

2.2.1.3 Ferrugem tropical

O patógeno causador da ferrugem tropical é a *Physopella zae* (Mains) Cummins & Ramachar, sendo inicialmente classificada como *Angiopsora zae* Mains. Os uredosporos são hialinos ou amarelo pálidos e geralmente de formato elíptico ou oval. Teliosporos são de coloração marrom, sésseis, unicelulados e produzidos em cadeias curtas de teliosporos. Não se conhece o estágio de aécio deste patógeno. Examinando a esporulação de urédias de ferrugem tropical, Health & Bonde (1983) relataram que este fungo possui características distintas dos demais Uredinales. Ele difere na produção repetida de uredosporos originários do mesmo local da célula do esporângio e localização intracelular da maior parte do micélio. A matriz da parede celular do hospedeiro fica mais fina quando próxima da haustória que da hifa intracelular, o que sugere que o haustório

deve inibir a formação da matriz na célula invadida.

Este patógeno promove o aparecimento de pequenas pústulas de formato arredondado a oval, em grupo, de coloração amarela a castanha, podendo apresentar um bordo escuro envolvendo o grupo de pústulas. No centro da pústula a lesão é branca a amarelo pálido. As pústulas são maiores que as de *P. polysora* e alongadas paralelamente às nervuras das folhas, podendo causar morte prematura da folha. Não se conhece hospedeiro intermediário para este fungo (De León, 1994).

Segundo Bonde et al. (1982), água na superfície da folha por 1 ou 2 horas sob temperatura de 22° C, induz a germinação de urediosporos de *P. zae*. Por 5 horas nessas condições, já estarão desenvolvidos numerosos e grandes opressórios, sendo que a penetração na folha é direta através da cutícula. Além do milho, este patógeno pode infectar diversas espécies de *Euchlaena* e *Tripsacum*, sendo que para milho foram identificadas duas raças (Robert, 1962).

Esta doença está restrita às zonas quentes e úmidas do continente americano, Índia e regiões da África. No Brasil, ganha importância à medida que a cultura se expande para a região Centro Oeste. Tem sido utilizada para estudos básicos de relação entre parasita e hospedeiro (Mc Gee, 1990).

Segundo Lima et al. (1996, 1998) a ferrugem tropical representa a mais recente e preocupante das ferrugens, uma vez que possui uma grande capacidade adaptativa em relação às condições ambientais, ampla disseminação e alta agressividade.

2.2.2 Mancha foliar de *Phaeosphaeria*

O agente causal desta doença é a *Phaeosphaeria maydis*. Os peritécios são esféricos, possuindo ostíolos. As ascas são hialinas, clavadas ou cilíndricas, retas ou curvadas, com oito esporos. Os ascosporos são hialinos, retos ou ligeiramente curvos com 3 septos. Os picnídios são esféricos ou globosos, escuros, possuindo ostíolo arredondado e contendo esporos hialinos, alongados ou arredondados (Balmer & Pereira, 1987).

Inicialmente as lesões são pequenas, cloróticas, tornando-se maiores, com até 2 cm, arredondadas e oblongas, com coloração esbranquiçada e bordas escuras. Uma infecção severa confere à planta um aspecto de requeima bastante intenso.

Seu desenvolvimento é favorecido por alta umidade relativa e temperaturas noturnas moderadas, à semelhança de *E. turcicum*. Esta moléstia é de ocorrência restrita a algumas áreas da Índia e América Latina como: Brasil, Colômbia, Equador e México (Mc Gee, 1990). Até poucos anos atrás, considerava-se que esta doença não causava maiores danos econômicos devido ocorrer no final do ciclo da planta. No entanto, segundo Menten et al. (1996) recentemente vem ocupando lugar de destaque em algumas regiões do Brasil, devido estar se iniciando cada vez mais cedo. Entretanto, ainda não se dispõe de muitas informações a respeito dos prejuízos causados por este patógeno, formas de resistência e métodos de seleção.

2.2.3 Mancha foliar de *Exserohilum turcicum*

O agente causal da doença é o *Exserohilum turcicum*, anteriormente classificado como *Helminthosporium turcicum*, sendo *Setosphaeria turcica* (Luttrell) Leonard & Suggs a fase sexuada. Os esporos apresentam coloração marrom escuro, formato fusiforme ligeiramente curvos com três a oito septos, hilo saliente e germinam freqüentemente de uma ou ambas células polares (Balmer, 1980). Na fase sexuada, o patógeno produz ascosporos em peritécios. *E. turcicum* ocorre sobre sorgo, capim maçambará e teosinte. Porém, isolados do sorgo, não colonizam o milho. Três raças são conhecidas em milho, existindo variabilidade dentro destas raças (Pedersen & Brandenburg, 1986). Outras raças ocorrem em outros hospedeiros (Jordan et al., 1983).

As lesões são necróticas, alongadas e de formato elíptico, podendo variar de 2,5 a 15 cm de comprimento, com coloração verde-cinza à marron. Elas começam a aparecer nas folhas inferiores das plantas, passando para as superiores de acordo com a suscetibilidade do cultivar. Em casos severos da doença, as plantas apresentam um grande número de lesões podendo resultar na morte prematura da planta. A incidência da

doença aumenta em condições de temperatura moderada e umidade elevada.

No Brasil, Pereira (1995) relatou que os maiores prejuízos ocorrem nos plantios de safrinha do sul e sudeste ou nos plantios normais da região Centro Oeste. Ocorrências severas antes do florescimento podem resultar em prejuízos elevados. Esta doença normalmente causa pequenas perdas, mas Leonard & Leath (1986) relataram danos de 75% nas folhas. Ullstrup (1970) verificaram que híbridos com resistência produziram cerca de 21,4 a 35,4 % a mais que híbridos suscetíveis. Ocorrências severas antes do florescimento podem resultar em prejuízos elevados. Bleicher et al. (1993) estimaram correlações fenotípicas negativas de - 0,995 e - 0,999 entre peso médio de grãos e porcentagem da área foliar infectada e com a porcentagem de folhas infectadas por *E. turcicum*, respectivamente.

A queima causada por *E. turcicum* deve ser considerada como uma doença importante, pois além da redução que causa na área fotossintética da planta, predispõe as mesmas às podridões do colmo causadas por outros patógenos (Raymundo et al., 1981 e Balmer, 1980).

2.3 Genes de resistência, herança e parâmetros genéticos para resistência a doenças foliares

2.3.1 Resistência à ferrugens

Os genes de efeito principal para resistência a ferrugem seguem o modelo clássico gene a gene (Flor, 1956). Um produto do gene de resistência genética do hospedeiro reconhece direta ou indiretamente o gene de virulência da ferrugem. Estes mutantes para virulência na ferrugem podem ocorrer como uma simples perda de função no gene de avirulência. Deleção de DNA para o correspondente loco de virulência tem mostrado estar associada com mutações para virulência (Richter, 1995). Contudo, a aquisição de novas resistências nas plantas hospedeiras requer a criação de uma nova especificidade. Como com outros locos de resistência gene a gene, a proteção que estes

genes conferem apresentam geralmente uma vida curta devida ao aparecimento de novas raças de patógenos que são virulentos ao hospedeiro que era anteriormente resistente. O exame do modo de ação gene a gene dos locos de resistência não tem sido determinado, apesar da genética deste sistema (Bennetzen & Hulbert, 1992) e a clonagem dos primeiros genes de resistência deste tipo sugerirem que eles são moléculas de reconhecimento em um processo de transdução sinal.

2.3.1.1 Resistência à ferrugem comum

Segundo Smith & White (1988) a resistência à ferrugem comum pode ser do tipo específica ou geral. Davis et al. (1990) relataram que a ênfase na seleção tem sido no sentido de aumentar a resistência parcial como complemento da resistência hipersensitiva da série Rp para obter maior durabilidade da resistência.

A resistência específica é do tipo raça específica e é caracterizada pela reação de hipersensibilidade do hospedeiro resultando numa redução do desenvolvimento das pústulas. Este tipo de resistência é expressa no estágio de plântula na forma de pequenos pontos cloróticos acompanhando a infecção do patógeno, sendo específica para uma ou poucas raças do patógeno. A herança é freqüentemente monogênica com resistência dominante.

Em ferrugem comum raças específicas tem sido denominadas como Rp (Mains, 1931; Hooker, 1978). Os locos Rp tem sido particularmente bem caracterizados (Chang & Peterson, 1993; Sanz-Alferez et al., 1995). Gingera & Davis (1995) citam que mais de 20 genes de resistência (Rp) envolvendo a reação de hipersensibilidade têm sido identificados contra a ferrugem comum em germoplasmas de milho. Hooker e colaboradores utilizaram vários genes Rp e introduziram 14 alelos de Rp1, seis alelos de Rp3, dois alelos de Rp4, e Rp5 em algumas linhagens (Hooker & Russell, 1962; Lee et al., 1963; Hagan & Hooker, 1965; Wilkinson & Hooker, 1968; Hooker & Kim, 1973).

Os genes Rp estão localizados em três áreas do mapa do genoma do milho: um agrupamento de loci no cromossomo dez (Rp1, Rp5 e Rp6) e os dois outros

loci complexos no cromossomo três (Rp3) e quatro (Rp4) (Rhoades, 1935; Hooker & Saxema, 1971; Saxema & Hooker, 1974; Sanz-Alferez et al. 1995).

Estudos subsequentes indicaram que Rp1 não é considerado atualmente como um único gene, mas contém uma série de genes ligados e distintos de Rp1 com diferentes especificidades (Hooker & Russell, 1962; Hagan & Hooker, 1965; Saxena & Hooker, 1968; Wilkinson & Hooker, 1968; Shepherd & Mayo, 1972; Pryor, 1987; Bennetzen et al., 1988a; Hulbert & Bennetzen, 1991a). Portanto, o gene Rp1 representa um loco complexo de resistência à ferrugem comum, com pelo menos 14 alelos. Este complexo de genes exibe instabilidade alelo específica associada com permuta desigual entre sequências repetidas de DNA em tandem nas regiões de Rp1 (Bennetzen et al., 1988b; Hong et al., 1993; Hulbert & Bennetzen, 1991a; Pryor, 1987; Sudupak et al., 1993). Uma outra causa possível para a instabilidade do Rp1 está na origem recombinante de elementos transposon, que são responsáveis por várias mutações naturais em milho (Peterson, 1985; Peterson, 1986; Döring, 1989; Chang & Peterson, 1993; Sudupak & Hulbert, 1992). Richter et al. (1995) obtiveram resultados indicando que permuta dentro da região do complexo Rp1 está associada ao aparecimento de novas formas de resistências específicas. Segundo Hu & Hulbert (1996), raros eventos recombinantes entre os genes ou alelos de Rp1 podem produzir dois ou mais genes ligados e detectáveis na fase de pareamento. Tais genes compostos podem então ser manipulados como um gene simples em programas de melhoramento. Pataky (1987b) avaliou isolados de *Puccinia sorghi* de várias origens na América do Norte e verificou que Rp1^d, Rp1^e, Rp1^f, Rp1^g, Rp1ⁱ, Rp1^k e Rp3^c foram resistentes para todos os isolados. Hulbert & Bennetzen (1991b) obtiveram resultados indicando que Rp1^c e Rp1ⁿ ou Rp1^f e Rp1^a não devem ser alelos distintos. Entretanto, para Rp3 não se têm informações detalhadas sobre a instabilidade e a correspondente análise de sua estrutura fina (Sanz-Alferez et al., 1995).

Bergquist (1981) realizou um trabalho de transferência de um gene de efeito principal de *Tripsacum dactyloides* para o milho, que confere resistência à *Puccinia sorghi*, onde verificou-se que, o novo gene dominante designado como Rp1^{Td},

ocorre dentro de uma distância de 0,3 unidades de mapa do gene $Rp1^d$.

Muitos destes genes são dominantes e a virulência contra estes genes pode ser encontrada em campo nas populações de ferrugem comum. Groth et al. (1992) fizeram um levantamento de 24 alelos Rp nos Estados Unidos e estabeleceram que somente $Rp1^d$ e $Rp3^c$, foram completamente resistentes às populações de ferrugem comum; vários outros genes ($Rp1^l$, $Rp1^k$, $Rp1^e$, $Rp1^g$, $Rp1^f$ e $Rp1^i$) permitiram níveis muito pequenos de infecção. O potencial para virulência do patógeno pode ser desenvolvido contra os genes Rp que vêm sendo eficientes, podendo assim a longo prazo quebrar esta resistência (Gingera & Davis, 1995).

Mais de 100 fontes de resistência à ferrugem comum do milho foram identificadas em linhagens durante os anos 50 e 60 (Hagan & Hooker, 1965; Hooker & Leroux, 1957; Hooker & Russell, 1962; Lee et al., 1963; Wilkinson & Hooker, 1968). Entre as várias introduções avaliadas por Davis et al. (1988), os autores verificaram que as linhagens PI 163597, 163597, 193903 e 198896 foram promissoras para resistência parcial. Em muitas destas linhagens, a resistência foi expressa no estágio de plântula, do tipo raça específica.

Um segundo tipo de resistência é conhecido como resistência não específica ou geral, que é expressa na fase de planta madura, não podendo ser detectada convenientemente na fase de plântula. Esta é uma resistência generalizada e é condicionada por um grande número de genes e parece ser dependente do ambiente no qual o material está sendo avaliado. A resistência geral para *P. sorghi* conduz à uma redução no número e tamanho das lesões e da clorose e necrose foliares, bem como a pressão na população do patógeno para desenvolver novas formas de virulência (Robinson, 1973; Kim, 1974; Parlevliet, 1993). Desta forma, a resistência é relativamente consistente de ano para ano, uma vez que a inoculação natural dos campos é feita com mistura de esporos de muitas raças. Segundo Pataky & Eastburn (1993), este tipo de resistência reduz a severidade da doença mas não previne contra infecção e esporulação. É no entanto uma alternativa ao uso de genes Rp .

Uma medida a nível de campo envolvendo a resistência parcial é o atraso

no aparecimento das primeiras pústulas (FPA), influenciada pelo período de latência e eficiência de infecção. Gingera & Davis (1995) realizaram o primeiro trabalho envolvendo FPA contra ferrugem comum em milho doce. Estes autores tinham por objetivo determinar se as diferenças do FPA poderiam ser avaliadas em diferentes ambientes; a correlação entre atraso no FPA e severidade da doença, e a herança do atraso do PFA. Os resultados por eles obtidos indicaram que não existe correlação entre severidade da doença e o atraso do PFA ($r^2 = 0,00$ a $0,21$) para as linhagens ou híbridos comerciais de milho doce, mostrando que a seleção para atraso do PFA pode ser conduzida independentemente da severidade da doença. Estes autores concluíram que a demora no aparecimento das primeiras pústulas (FPA) em milho doce é predominantemente devida aos efeitos aditivos, seguidos dos efeitos dominantes, sendo os efeitos epistáticos considerados desprezíveis. Sugeriram que uma estratégia eficiente para aumentar a resistência parcial é combinar genótipos que têm diferentes componentes de resistência com efeitos aditivos herdados independentemente.

Alguns trabalhos envolvendo a herança da resistência parcial ou generalizada para ferrugem tem sido realizados em milho. Hooker (1969) apresenta que a herdabilidade média estimada foi de 84% para 64 cruzamentos. Kim & Brewbaker (1977) estimaram a herdabilidade no sentido amplo e restrito com valores respectivos de 83,4 e 47,0 %, e sugeriram que poucos pares de genes controlam a resistência parcial. Randle et al. (1984) verificaram que a herança da resistência depende dos pais utilizados sendo que em geral, efeitos dominantes e aditivos tiveram grande importância na expressão do caráter. Foi verificado também que o efeito de dominância às vezes ocorre no sentido da resistência e outras vezes no sentido da suscetibilidade, dependendo das linhas utilizadas. A herdabilidade no sentido amplo variou de 65,4 a 89,7%, o que indica que ganhos de seleção podem ser expressivos. Davis et al. (1990) relataram que o nível médio de resistência a ferrugem decresceu em uma população composta (tropical x temperada) durante o melhoramento pela seleção estratificada para caracteres diferentes de resistência a ferrugem. Foram avaliados três conjuntos de linhagens S_1 ao acaso desenvolvidas após 5, 10 e 15 anos de seleção a partir do composto citado anteriormente.

Verificou-se que as linhagens mais resistentes foram perdidas no início do programa de seleção.

2.3.1.2 Resistência à ferrugem polysora

A resistência genética à ferrugem polysora tem sido um meio efetivo de controle. Foram identificados genes de efeito dominante, parcialmente dominante e com ausência de dominância (Futrell, 1975; Futrell et al. 1975; Scott et al., 1984). Fantin et al. (1993) estudaram o padrão de resistência a *P. polysora* no cruzamento de duas linhagens contrastantes; detectaram efeitos expressivos e significativos com dominância parcial no sentido da resistência.

Smith & White (1988) apresentaram que a resistência específica em milho para *P. polysora* tem sido identificada como sendo controlada por 11 genes de resistência, que são designadas como Rpp₁ até Rpp₁₁. O gene Rpp₉ ocorre no cromossomo 10 (Ullstrup, 1965) e pode conter vários alelos. Este gene está intimamente ligado ao Rp1^d, que confere resistência à algumas raças de *P. sorghi*. Futrell et al. (1975) relataram que a resistência à raça 9 de *P. polysora* em uma linhagem designada B1138TRpp foi também condicionada por um único gene dominante, mas a correlação deste gene com o loco Rpp₉ não foi estudada. Renfro (1985) apresenta que o gene Rpp₁₀ foi dominante e Rpp₁₁ foi parcialmente dominante, sendo estes dois genes descritos no Quênia.

Segundo Smith & White (1988) deve existir resistência geral ou não específica, embora esta não tenha sido comprovada experimentalmente. Entretanto, alguns trabalhos como os de Scott et al. (1984), Bailey et al. (1987), Zummo (1988) e Scott & Zummo (1989), dão fortes indicativos da existência da resistência geral. Scott et al. (1984) estudaram a herança da resistência para ferrugem polysora, tipo de ação gênica e número de genes envolvidos na resistência em progênies F₂ de populações de milho. Verificaram que um ou dois genes podem explicar as taxas de resistência obtidas no F₂ e que o tipo de ação gênica envolvida inclui completa, parcial, ou não dominância. Todos

os selecionados avaliados foram estabelecidos como tendo um gene de resistência para, ou muito próximo, do loco Rpp9. Estes autores também propõem um possível mecanismo de resistência à doença, que envolveria genes que atuam promovendo falhas no desenvolvimento da pústula do patógeno.

Os mecanismos de resistência podem ser controlados por diferentes sistemas genéticos e, desta forma, o número de genes e tipo de ação gênica podem diferir, dependendo de qual mecanismo de resistência está sendo avaliado. Bailey et al. (1987), também identificaram genótipos de milho com resistência parcial à *P. polysora* usando como parâmetros de mensuração a área sob a curva de progressão da doença AUDPC (“Area Under the Disease Progress Curve”) e a densidade de pústulas individual. Zummo (1988) avaliou quatro características de uredinia (incidência, tamanho, tumescência e esporulação). Estas características foram avaliadas em casa de vegetação e em condições de campo para determinar sua utilidade na diferenciação entre genótipos de milho para resistência parcial. Os resultados mostraram que plantas do genótipo suscetível (Pioneer Brand 3369A) apresentavam consistentemente maior número de uredinias, as quais foram significativamente maiores e com esporulação mais rápida que os genótipos com resistência parcial. Houve também uma consistente correlação entre os dados de campo e de casa de vegetação, indicando que estas características podem ser utilizadas para a avaliação de genótipos de milho com relação à resistência parcial para *P. polysora*. Com base nessas mesmas características, Scott & Zummo (1989) selecionaram 8 linhagens experimentais com resistência parcial, cruzando-as com as linhagens suscetível C121 e também com algumas linhagens resistentes. Comparados com os híbridos suscetíveis, os cruzamentos entre linhagens resistentes apresentaram número menor de pústulas com menor tamanho e com ruptura mais tardia. O efeito direto disto foi menor área foliar afetada e conseqüentemente menor produção de urediosporos e dispersão mais tardia deste.

2.3.1.3 Resistência à ferrugem tropical

Em função de pequena atenção dada a esta doença até o momento, quase não existem informações a respeito da base genética ou formas de manifestação de resistência. Entretanto, a resistência genética é apresentada como a forma mais eficiente e econômica para controlar ou evitar epidemias de ferrugens (Lima et al., 1996).

A quase ausência de publicações para resistência à ferrugem tropical (*P. zea*) em milho, talvez seja devida à doença ainda não ter atingido proporções alarmantes à nível mundial. Entretanto, trata-se de uma doença com grande potencial de danos. Seria adequado que estudos genéticos de resistência fossem iniciados, para que esta doença não venha a surpreender os produtores e melhoristas de milho.

Informações a respeito de germoplasma resistente também são restritas. Scheiber & Dickson (1963) relataram que de 139 materiais avaliados na Guatemala, 7 foram resistentes. Lima et al. (1996) relataram que dentre 440 linhagens endogâmicas originárias de diversas populações e avaliadas no Estado de São Paulo foi identificada ampla variabilidade para o caráter. As linhagens mais resistentes tiveram notas semelhantes à testemunha resistente e da mesma forma, as linhagens suscetíveis tiveram notas semelhantes à testemunha suscetível. A população IAC-Taiuba foi a que apresentou o maior número de linhagens resistentes.

A reação de resistência do milho à ferrugem tropical, observada por Robert (1962), caracterizou-se por formar pequenas pústulas com pouca produção de esporos, enquanto na reação de susceptibilidade, houve formação de pústulas grandes com abundante produção de esporos. Mais recentemente, Carvalho (1995) estudou o desenvolvimento de lesões de *P. zea* em progênies S_1 da população Composto Amplo, caracterizando diferentes tipos de reação de resistência em milho. O autor verificou que a maior resistência de genótipos está relacionada com a redução nas seguintes variáveis: número, comprimento e desenvolvimento de lesões, número de pústulas secundárias e severidade da doença. Todas estas variáveis foram eficientes para identificar genótipos resistentes a *P. zea*.

Estudando a herança da resistência à ferrugem tropical, Lima et al. (1998) concluíram que os efeitos aditivos são a fonte de variação mais importante no controle da resistência genética da *P. zea*. Os efeitos de dominância foram menos expressivos e não significativos estatisticamente. A ampla expressão dos efeitos aditivos sugeriram que em programas de melhoramento para desenvolvimentos de híbridos, cruzamentos de linhagens contrastantes tenderão a apresentar comportamento intermediário ao dos pais para resistência à *P. zea*. A utilização de populações bases com elevados níveis de resistência poderiam assegurar a obtenção de linhagens com desempenho superior para produção de híbridos resistentes.

2.3.2 Resistência à mancha foliar de *Phaeosphaeria*

Com relação à herança da resistência à mancha de foliar de *Phaeosphaeria* uns dos poucos relatos disponíveis são os de Das et al. (1989a) e Das et al. (1989b). Os autores analisaram cruzamentos dialélicos entre 8 e 9 populações, respectivamente. Os resultados obtidos foram semelhantes, levando à conclusão de que a variância dominante teve maior importância que a variância aditiva na expressão da resistência. Em função disso, sugerem seleção recorrente para capacidade específica de combinação como forma de aumentar a resistência nas populações. Estudando o comportamento de linhagens elite de milho, Parentoni et al. (1994) observaram uma relação de 278 plantas suscetíveis para 82 tolerantes, sugerindo que um gene maior recessivo para tolerância à *P. maydis* pode estar presente em uma das linhagens avaliadas.

Sawazaki et al. (1997) avaliaram trinta cultivares de milho para resistência à *Phaeosphaeria maydis* em três locais do Estado de São Paulo, a cerca de 90-100 dias após a semeadura. Os cultivares foram avaliados por uma escala de notas de severidade variando de 1 (0% de área foliar afetada) até 9 (>75% da área foliar afetada). Foi observado que os materiais CO42, IAC Taiuba, P3041, AGM2007, C805, P3051, C425, Dina 70, C701, Dina 170 e XL380 foram considerados resistentes, com notas iguais ou menores que 3, para o local onde foi observada epidemia mais severa. Os resultados

indicaram que a ocorrência de infecções promoveu a redução na produção. Observou-se ainda, que a ocorrência de precipitação uniforme foi o fator mais importante contribuindo para o desenvolvimento da doença. Zoccoli et al. (1996) verificaram bons níveis de resistência para mancha de *Phaeosphaeria* nas variedades CMS 04C, CMS 28 e CMS 50.

2.3.3 Resistência à mancha foliar de *Exserohilum turcicum*

Para resistência a mancha foliar de *Exserohilum turcicum* podem ser encontrados genes tanto para resistência qualitativa como quantitativa. A resistência qualitativa ou vertical é determinada pelos genes Ht₁, Ht₂, Ht₃ e Ht_n sendo que somente o gene Ht_n mostra resistência universal. Segundo Hooker & Perkins (1980), genes de resistência podem ser incorporados nos híbridos. O gene Ht_n foi recentemente localizado no braço longo do cromossomo 8 (Freymark et al., 1994). Este gene apresenta resistência principalmente dominante. É provável que este gene apresente um mecanismo de herança similar aos genes herdados quantitativamente (Freymark et al., 1994). O sistema de gene para gene, parece existir para este sistema de patógeno-hospedeiro (Jordan et al., 1983).

Segundo Coe et al. (1977) o gene Ht₃ foi transferido para milho a partir de *Tripsacum floridanum*, Ht₁ veio da linhagem GE 440 e de uma população de milho pipoca e Ht₂ foi introduzido da linhagem australiana NN14. Outro fator clorótico de resistência, o Ht*-N tem sido mencionado como derivado das linhagens mexicanas Gto 59-272-1-7 originária da população “Pepitilla”. Ainda demonstrando a importância da introgressão de genes de germoplasma exótico ou mesmo espécies afins, Hooker (1963a, b) relatou que o gene Ht foi identificado em material introduzido do Peru e Pratt et al. (1993) relataram que o sintético Ohs10 foi sintetizado com 50% de germoplasma tropical e 50% de germoplasma temperado. Este sintético tem sido amplamente utilizado nos programas de melhoramento de milho como fonte de resistência à raça O do fungo *E. turcicum*.

A reação de resistência de Ht₁, Ht₂ e Ht₃ é expressa por lesão clorótica com marcada diminuição da esporulação do fungo. A reação de Ht_n é expressa atrasando

o desenvolvimento das lesões em plantas adultas (Gevers, 1975). A resistência a *E. turcicum*, determinado pelo gene Ht, está associada com a produção de fitoalexinas, sendo a susceptibilidade associada com a deficiência na produção desta substância. Os isolados com maior patogenicidade induzem a formação de fitoalexinas mais concentradas, o que indica que a reação de resistência ao fungo está relacionada com a produção de fitoalexinas, porém a quantidade produzida e a concentração podem variar com a patogenicidade do fungo. Também foi mostrado que as propriedades químicas da fitoalexina é determinada pelo genótipo do patógeno (Lim et al., 1970).

Freymark et al. (1994) observaram que locos controlando caracteres quantitativos (QTL) como número de lesões de manchas de *Helminthosporium* atuam na fase inicial da patogênese em relação aos locos herdados qualitativamente. Diferentes mecanismos também estão envolvidos pelo fato de a resistência quantitativa ser efetiva para todas as raças conhecidas do patógeno, em contraste com um determinado número de raças do fungo (Smith & White, 1988). Outro fator é que a resistência qualitativa conferida por lesão clorótica pode ser identificada no estágio de plântula. Já resistência quantitativa pode ser identificada com maior precisão no estágio de planta adulta (Hilu & Hooker, 1963).

A região próxima ao gene Ht na linhagem Mo17, localizado no braço longo do cromossomo 2 parece contribuir com 3,2 a 6,5 % da variação fenotípica do tamanho de lesões e com 0,4 a 0,7% da variação fenotípica da severidade da doença. O tamanho de lesão está associado com os marcadores UMC98 e VMC88. Estima-se que a região cromossômica próxima ao gene Ht₂ no cromossomo 8 na linhagem Mo17 contribui com 3,0% da variação fenotípica do tamanho de lesão, 2,3 % da variação do número de lesões e 3,7% da severidade da doença, sendo que a localização do gene Ht₃ ainda não é conhecida. Estudos com marcadores detectaram que o marcador UMC 123 está ligado ao gene bx1 no braço curto do cromossomo 4. Estimou-se que a região próxima a bx1 na linhagem MO17 contribua com 5% da variação fenotípica do tamanho da lesão, além de uma pequena contribuição para número de lesões e severidade da doença (Freymark et al., 1993; Lee, 1993).

Hughes & Hooker (1971), analisando médias de cruzamentos entre linhagens suscetíveis e resistentes, verificaram que os efeitos gênicos aditivos contribuíram com 46,5 a 98,5% da variabilidade genética, enquanto que os efeitos de dominância contribuíram com 0,3 a 47%. Por outro lado, Freymark et al. (1994) relataram que o número de lesões e severidade são controlados principalmente por ação gênica dominante e sobredominante enquanto que o tamanho de lesões é controlado principalmente por ação gênica sobredominante. Também Jenkins et al. (1952), relataram que a resistência a *E. turcicum* teve natureza dominante em sete de nove cruzamentos testados sendo que a dominância foi influenciada pelo genótipo que participou nos cruzamentos.

Baseados em médias de gerações Hughes & Hooker (1971) estimaram valores de herdabilidade no sentido amplo variando entre 40 a 70%. Freymark et al. (1993) e Freymark et al. (1994) estimaram a herdabilidade para número de lesões, severidade da doença e tamanho de lesões obtendo valores de 69,6; 62,8 e 31,9% respectivamente. Regitano Neto (1993) estimou a herdabilidade no sentido amplo para um local com progênies S₁ e com progênies de irmãos germanos, obtendo valores de 82,3 e 93,2%. Ceballos et al. (1991) avaliaram oito populações de milho e deduziram que a herdabilidade da resistência à esta doença foi elevada com base no progresso significativo obtido em quatro ciclos de seleção. Narro Leon (1996) obteve valores de herdabilidades com base em médias de progênies de 12 locais de 62,4; 58,8; 54,2 e 50,2% para CEX-1, CEX-3, CEX-4 e CEX-2 respectivamente.

Freymark et al. (1993) e Freymark et al. (1994) estimaram correlação fenotípica de 0,95 entre número de lesões e severidade da doença. Não foi observada correlação entre tamanho de lesões e severidade da doença. A severidade de doença apresentou correlação fenotípica positiva com número de lesões e período latente.

Estudos envolvendo resistência a outras doenças do milho foram realizados. O potencial genético da resistência a *Colletotrichum graminicola* em seis linhas endogâmicas e o padrão de resistência em seus cruzamentos foram determinados por Pereira et al. (1989). Esses autores apresentaram que os efeitos aditivos foram mais importantes para

o controle da resistência, mas os efeitos de dominância foram significativos no sentido de maior suscetibilidade em alguns cruzamentos. O padrão de resistência e os efeitos da seleção fenotípica para resistência ao míldio (*Peronosclerospora sorghi*) foram estudados por Lima et al. (1982) através do híbrido do cruzamento Suwan x Thai, onde verificou-se que os efeitos de heterose e de endogamia por autofecundação levaram a concluir que a resistência é basicamente devida a ação gênica aditiva com pouca expressão de dominância parcial.

2.4 Métodos de melhoramento utilizados para resistência às doenças foliares

O controle através de cultivares resistentes tem representado a medida mais eficiente e econômica para solucionar os problemas de doenças que causam danos na produção da cultura do milho (Sanz-Aferenz et al., 1995).

Trabalhos ao nível de populações, tanto para caracteres agronômicos como para resistência a doenças, têm contribuído muito para o desenvolvimento de materiais genéticos promissores (Paterniani & Miranda Filho, 1987; Hallauer & Miranda Filho, 1995). Esses trabalhos ampliam grandemente as oportunidades de seleção por atuarem sobre uma ampla variabilidade genética. O melhoramento de populações para caracteres específicos é realizado através da seleção recorrente, que é um procedimento cíclico onde se procura, gradativamente, elevar a concentração de genes favoráveis para um ou vários caracteres. No caso particular de doenças, procura-se elevar a concentração de alelos de resistência. Neste contexto, um aspecto importante é a escolha da população base, a qual deve apresentar características tais que ofereçam oportunidade, com um certo grau de confiabilidade, de elevar a sua performance para os padrões desejados. Desta forma, a síntese de novas populações com características específicas é de fundamental importância, pois permite iniciar um programa de melhoramento sobre uma base genética apropriada para os objetivos desejados. O melhoramento de populações através de seleção recorrente tem sido conduzido em diversas populações, utilizando-se diferentes metodologias.

Davis et al. (1990) relataram a utilização de milhos tropicais no melhoramento de milho doce desde a década de 70, na Universidade de Minnesota. A

ênfase na seleção tem sido no sentido de aumentar a resistência parcial como complemento da resistência hipersensitiva da série Rp para obter maior durabilidade da resistência. Nesse trabalho foram utilizados 17 populações locais do México e Peru e 11 linhagens americanas. Eagles & Lothrop (1994) relataram que raças de milho de terras altas (acima de 2000 m) da parte central do México incluem “Palomero Toluqueño, Cónico, Arrocilo Amarillo, Chalqueño e Cacahuacintle”. Este complexo de raças é de origem antiga e suas plantas têm morfologia, frequência de isoenzimas e cariótipo distinto dos demais tipos de milho, com exceção possivelmente à algumas raças de terras altas da Guatemala. Segundo os autores, estas raças apresentavam alta resistência à *P. sorghi*, caracterizando-se esta por pequeno número de pústulas. O hospedeiro alternativo do fungo, *Oxalis* spp é uma planta daninha comum nas culturas de milho dessas regiões, tendo assim, grande importância na epidemiologia da doença. Dessa forma, essas raças de milho devem ter sido expostas a um amplo espectro de virulência através de sua história evolutiva, o que as tornou altamente resistentes à essa doença. Nessas regiões, outros tipos de milho são suscetíveis. Como não se tem registro de apífitas de ferrugem comum em terras altas do México, este é um indício de que a resistência pode ser devida a um sistema durável. Everett et al. (1995) averiguaram a capacidade de combinação entre populações para extração de linhagens para zonas tropicais de média altitude. Relataram que as populações do CIMMYT 21, 43 e 49 (Tuxpeño), 32 (ETO) e 34 (subtropical) mais Kytale Synthetic II e Ecuador 573 conferiram resistência à *P. sorghi* e *E. turcicum*.

Segundo Renfro (1985), os métodos de melhoramento utilizados para obter resistência a doenças de milho são semelhantes aos utilizados para rendimento, exceção feita à necessidade de se considerar não só a variabilidade genética do milho como também a plasticidade do agente causal da doença. Jenkins et al. (1954) relataram sobre a eficiência da seleção recorrente fenotípica para resistência a *E. turcicum*. Por outro lado, Bojanowsky (1967) relatou sobre a não eficiência da seleção para resistência ao carvão (*Ustilago maydis*). Lima et al. (1982) apresentaram resultados de dois ciclos de seleção para produção e caracteres agrônômicos em duas populações (Suwan-DMR e Thai-DMR) introduzidas como fontes de resistência ao míldio; uma avaliação global das variedades e

cruzamentos levaram à conclusão que a base genética da resistência é predominantemente aditiva e que ambas as populações podem ser usadas como fonte de resistência. Randle et al. (1984) realizaram melhoramento para resistência parcial à ferrugem comum em milho doce através da seleção de progênies S1 e S2. Renfro (1985) refere-se a alguns resultados positivos de seleção para resistência ao míldio, onde a porcentagem de plantas infectadas decresceu de um patamar de 75% e 50% para “Suwan-1” e “Suwan-2”, para níveis inferiores a 5% depois de sete e seis ciclos de seleção recorrente (progênies S1), respectivamente. Das et al. (1989a) e Das et al. (1989b) sugerem seleção recorrente para capacidade específica de combinação como forma de aumentar a resistência nas populações. Davis et al. (1990) trabalhando com introgressão de populações do México e Peru em milho doce na Universidade de Minnesota, relataram ganhos significativos para resistência parcial à ferrugem comum, praticando seleção em progênies S₁ por 10 ciclos. Ceballos et al. (1991) praticaram seleção para resistência à *E. turcicum* em 8 populações de milho subtropicais do CIMMYT. Foram realizados 4 ciclos de seleção usando-se progênies de irmãos germanos e S₁. Os autores relataram valores médios de 19% de ganho de seleção por ciclo, concluindo assim que a seleção recorrente com progênies S₁ foi altamente efetiva. Estudos realizados por Ginger et al. (1994) indicam que o método de pedigree foi eficiente para melhorar a resistência parcial para resistência à ferrugem comum. Segundo Lima et al. (1996), a ampla variabilidade verificada nas linhagens obtidas das populações estudadas, permite concluir que os métodos de seleção recorrente podem ser eficientes no melhoramento de populações visando resistência à *P. zea*.

A literatura tem mostrado alguns trabalhos onde o método de seleção recorrente de famílias S₁ foi utilizado para melhorar a resistência a doenças (Narro, 1996). Renfro (1985) considera que a vantagem do método de avaliação de famílias S₁ está relacionado ao controle dos genitores, não havendo interferência ou mascaramento pelo testador. Através da autofecundação, uma elevada frequência de genes deletérios recessivos para suscetibilidade são manifestos fenotipicamente, podendo ser eliminados da população. Este é um meio eficiente para aumentar a frequência de genes de resistência, o que permite explorar melhor a variância genética aditiva. Entretanto, a

principal desvantagem do método está relacionada à depressão por endogamia, pois o vigor das plantas apresenta uma forte influência sobre o desenvolvimento de algumas doenças.

Segundo Osler (1976), no CIMMYT os métodos utilizados para melhoramento para resistência estão relacionados à piramidação e acúmulo de genes com efeitos aditivos para resistência. Isto geralmente através de um longo programa envolvendo algum tipo de seleção recorrente, em adição as seleções e subsequentes recombinações dos genótipos mais resistentes.

A identificação de genes responsáveis por características quantitativas por meio de marcadores moleculares permitirá a manipulação individual de cada um, como se fossem genes mendelianos, segundo a idéia de que características quantitativas podem ser vistas como fruto da presença de vários genes mendelianos, cada qual contribuindo para uma pequena parcela da variação fenotípica. A possibilidade de marcar cada poligene de resistência abre novas perspectivas no controle genético de doenças. O efeito fenotípico de cada um pode ser determinado sob diversas condições ambientais e genéticas. A transferência de genes recessivos de resistência durante o retrocruzamento também pode ser grandemente facilitada pela eliminação da necessidade de testar progênes. O mais interessante é a possibilidade de piramidar vários poligenes de resistência para a obtenção de cultivares que sejam resistentes permanentemente (Camargo & Bergamini Filho, 1995).

Através da presente revisão bibliográfica pode-se verificar que, comparativamente, existe uma grande quantidade de informações sobre resistência à ferrugem comum (*Puccinia sorghi*) e mancha foliar de *helminthosporium* (*Exserohilum turcicum*) em milho. Por outro lado, existe um número bem mais restrito de informações envolvendo resistência à *Puccinia polysora*, *Phaeosphaeria maydis* e *Physopella zae*, apesar da crescente importância destas doenças em determinadas regiões produtoras de milho no Brasil. Atualmente, a ferrugem polysora tem se apresentado como uma das doenças mais importantes em milho, sendo um problema maior na região Centro Oeste do Brasil. Este quadro indica a relevância dos estudos realizados na presente tese e

sugerem uma maior intensificação das pesquisas com resistência à doenças foliares em milho, para ampliar os conhecimentos genéticos da resistência e evitar futuros imprevistos.

2.5 Utilização de cruzamentos dialélicos no melhoramento de plantas

A metodologia de cruzamentos dialélicos tem sido amplamente utilizada no melhoramento de plantas, após a introdução dos conceitos de capacidade geral e específicas de combinação por Sprague & Tatum (1942). O esquema de cruzamentos dialélicos é baseado em todos os possíveis cruzamentos entre um grupo de linhagens ou genótipos, incluindo-se ou não os genitores. Griffing (1956) forneceu os procedimentos detalhados para análise de variância e estimação de efeitos em dois modelos (I - fixo e II - aleatório), para quatro métodos, descritos de acordo com a natureza dos tratamentos na análise dialélica: a) pais, F_1 's e recíprocos; b) pais e F_1 's; c) F_1 's e recíprocos; e d) somente os F_1 's.

Em todos os métodos envolvendo modelos fixos, a análise de variância é utilizada para teste de hipótese e as estimativas podem ser obtidas para capacidade geral de combinação (g_i) e capacidade específica de combinação ($s_{ii'}$), que são os únicos efeitos com significado genético no modelo estatístico. Entretanto, nos modelos aleatórios pode-se estimar os componentes de variância e a ênfase nos testes de hipótese é menor (Hallauer & Miranda Filho, 1995).

Gardner & Eberhart (1966) e Gardner (1967) apresentam um modelo para análise de cruzamentos dialélicos entre um conjunto fixo de variedades, que é utilizado atualmente para qualquer conjunto fixo de materiais (variedades, compostos, famílias, etc.) que devem estar em equilíbrio de Hardy-Weinberg. As tabelas dialélicas incluem as médias ou totais sob r repetições das variedades parentais (diagonal) e dos F_1 (valores fora da diagonal). Os modelos incluem a média do conjunto de variedades (μ), os efeitos de variedade (v_i), a heterose média ($\bar{h}$), os efeitos de heterose de variedades (h_i), os efeitos de heterose específica ($s_{ii'}$) e o erro ($e_{ii'}$) ajustado à média dos tratamentos. Para os efeitos fixos, a relação entre os métodos de Gardner & Eberhart (1966) e o modelo 4 de Griffing (1956) é dada por:

$g_i = (1/2)v_i + h_i$ e s_{ii} tem o mesmo significado para ambos os procedimentos.

O modelo de Gardner & Eberhart (1966) para cruzamentos dialélicos é baseado no modelo geral dos efeitos genéticos onde, além dos parentais e F_1 , outras gerações (F_2 , retrocruzamentos, populações autofecundadas) podem ser incluídas e a análise geral é realizada de acordo com os procedimentos de quadrados mínimos (Eberhart & Gardner, 1966).

Os estudos sobre cruzamentos dialélicos de variedades em seus aspectos teóricos e aplicados iniciaram-se no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ) com o trabalho de Vencovsky (1970) onde o autor faz uma abordagem teórica detalhada sobre o modelo de Gardner & Eberhart (1966). Dentro desta linha de pesquisa, diversos trabalhos apresentaram contribuições tanto teóricas quanto aplicadas. Miranda Filho (1974) apresentou resultados de dialelos de variedades e sua aplicação para a predição de médias de compostos. Parte deste trabalho foi publicado por Miranda Filho & Vencovsky (1984). Miranda Filho & Geraldi (1984) apresentaram uma metodologia para a análise de cruzamentos dialélicos parciais entre dois grupos de variedades. Geraldi & Miranda Filho (1988) apresentaram interpretação detalhada e comparativa de outros modelos de cruzamento dialélico parcial. A utilização de cruzamentos dialélicos para a predição de médias de compostos foi estudada por Miranda Filho & Chaves (1991). Resultados experimentais utilizando a metodologia de cruzamentos dialélicos parciais circulantes foram apresentados por Gonçalves (1987), Dantas (1988), Sampaio (1989), Dantas (1992). Contribuições recentes nesta linha referem-se a metodologia de análise de cruzamentos dialélicos quando são envolvidos cruzamentos recíprocos (Miranda Filho, 1995), análises da geração F_2 (Miranda Filho & Chaves, 1996) e análises de dialélicos repetidos em vários ambientes (Miranda Filho & Vencovsky, 1995).

Na maioria dos casos, os efeitos de cruzamentos recíprocos para produção de milho ao nível de populações têm-se demonstrado não significativos. No entanto, isto pode não ser o caso de alguns caracteres particulares em milho ou outras culturas. Quando cruzamentos recíprocos são incluídos, seus efeitos podem ser considerados no modelo. Sob a hipótese de não haver efeitos recíprocos, a análise de variância e estimação de efeitos pode ser

realizada tirando a média dos híbridos recíprocos. Entretanto, esta situação é válida somente quando os tratamentos compreendem somente o híbridos e seus recíprocos, tal que a média dos pares de recíprocos implicam em que todos os tratamentos estejam representados um mesmo número de vezes nas parcelas experimentais e consequentemente estando sobre o mesmo erro médio. Em esquemas dialélicos onde os genitores são incluídos, tirar a média dos cruzamentos recíprocos para análise de variância não representa um procedimento correto devido os híbridos serem representados por duas vezes em relação às parcelas dos genitores. Isto pode introduzir desvios nas estimativas e análises de variância (Miranda Filho, 1995).

Os esquemas dialélicos de cruzamentos tem seu lugar no melhoramento e, logicamente, são essenciais quando se deseja conhecer o comportamento de todos os híbridos possíveis, de um conjunto de materiais. Em muitas situações, no entanto, eles são desnecessários e mesmo não compatíveis com o interesse do pesquisador (Vencovsky & Barriga, 1992). Um fator limitante à utilização de cruzamentos dialélicos pode ser o número de genitores avaliados, pois a obtenção e avaliação de todos os possíveis cruzamentos no dialelo pode não ser executável na prática devido ao grande número de materiais (Hallauer & Miranda Filho, 1995).

2.6 Utilização de cruzamentos “top-crosses” no melhoramento de plantas

Davis (1927) introduziu o uso do procedimento denominado “top-cross” ou “test cross”, que consistia em um teste de progênie para avaliar a capacidade de combinação de linhagens S_2 em cruzamentos com uma variedade utilizada como testador, em um programa de melhoramento visando a produção de híbridos. Atualmente, o termo “top-cross”, abrange situações mais amplas, referindo-se a todo procedimento que envolva um teste de progênie, visando avaliar diretamente a capacidade de combinação de um conjunto de materiais em cruzamento com um testador comum. Pesquisas subsequentes mostraram que este procedimento era eficiente, o qual passou a ser amplamente utilizado.

Hallauer & Miranda Filho (1995) apresentam que o uso de “top-crosses”

no melhoramento de milho tem os seguintes objetivos: a) avaliação da capacidade de combinação de linhagens em combinações híbridas e, b) avaliação do valor genético dos genitores para o melhoramento de populações.

É comum o uso de “top-crosses” para auxiliar na seleção e melhoramento do milho. A maior parte dos trabalhos utilizando “top-crosses” envolvem seleção de linhagens para a obtenção de híbridos superiores através de um ou mais testadores de base estreita ou ampla. Sotchenko (1971) avaliou a capacidade de combinação de linhagens de milho em cruzamentos “top-crosses” e dialélicos e verificou que os dois métodos dão resultados semelhantes, variando de ano para ano. Isto permitiu que o autor concluísse que, se houver uma escolha adequada do testador, o método de “top-cross” deve ser preferível devido a sua praticidade.

Em estudos envolvendo populações, o método “top-cross” tem sido utilizado mais intensivamente para melhoramento intrapopulacional que interpopulacional, mas parecem ser igualmente promissores (Hallauer & Miranda Filho, 1995). Mais recentemente, Chaves & Miranda Filho (1997) sugeriram o uso de “top-cross” em vez de cruzamento dialélico para a análise de heterose em cruzamentos e para predição de médias de compostos.

2.7 Predição de médias para síntese de compostos

A predição do desempenho de genótipos ou populações de genótipos tem sido um importante objetivo dos geneticistas, principalmente com respeito aos caracteres econômicos. Wright (1922), Mather (1949) e Mather & Jinks (1971) apresentaram os modelos básicos para a predição de médias de caracteres quantitativos em cruzamentos controlados. Jenkins (1934) sugeriu os procedimentos para predição do desempenho de híbridos duplos e Eberhart et al. (1967) ampliaram os conceitos básicos para predição de compostos de variedades. Vencovsky (1970) estendeu a teoria de predição de médias de compostos quando a contribuição das variedades genitoras é desigual.

Compostos têm sido definidos como uma população obtida pelo

intercruzamento e recombinação de duas ou mais variedades de polinização aberta. A síntese de compostos de variedades para serem utilizados como população base em programas de seleção recorrente tem sido considerado como um procedimento importante para o melhoramento do milho, devido a elevada variabilidade que é esperada nos compostos (Eberhart et al. 1967; Hallauer & Miranda Filho, 1995). Miranda Filho (1974) mostrou uma revisão da aplicabilidade dos procedimentos de predição, e Hallauer & Miranda Filho (1995) apresentaram vários aspectos da predição de médias no melhoramento de milho.

A pré condição básica para predições de médias é que os genitores estejam em equilíbrio de Hardy-Weimberg o que inclui, como genitores: a) variedades de polinização livre ou populações em panmixia (raças, procedências, etc.); e b) linhagens em qualquer grau de endocruzamento: S1, S2,...Sn, até linhagens homozigóticas (puras) (Vencovsky & Barriga, 1992).

O número de possíveis compostos para n variedades genitoras, $N_{co}=2^n-(n-1)$, aumenta rapidamente com o aumento de n. A síntese e avaliação de todos os possíveis compostos não é viável na prática, mas os procedimentos de predição de seus desempenhos tem sido amplamente recomendados e utilizados (Eberhart et al., 1967; Miranda Filho, 1974; Carvalho, 1980; Vencovsky, 1987). Cardoso (1976) apresentou fórmulas algébricas para cálculo de médias e variâncias de compostos do mesmo grupo com tamanho k, assim permitindo uma identificação preliminar dos grupos mais promissores. Miranda Filho & Chaves (1991) enfatizaram o problema do grande número de compostos possíveis de serem obtidos e sugeriram um índice ($I_j=w_1v_j+w_2h_j$) como um critério para seleção entre variedades genitoras para síntese de novas populações; eles também mostraram que $I'_j=(2/k)I_j$ tende para g_i (efeito de capacidade de combinação) pelo aumento do tamanho dos compostos (k).

2.8 Variabilidade em populações

A compreensão da estrutura genética das populações a serem utilizadas no programa de melhoramento é de fundamental importância. A utilização de métodos genético-estatísticos permite obter estimativas de variabilidade genética e a média populacional para caracteres quantitativos de interesse. As médias e componentes de variância genética auxiliam no processo de seleção, escolha da população base e do método de melhoramento mais adequado, permitindo estimar os ganhos a serem obtidos com a seleção.

Vencovsky e Barriga (1992) afirmaram que os componentes de variação fenotípica de um dado caráter podem ser estimados a partir de análises de variância de experimentos com repetições, utilizando-se os valores de quadrados médios obtidos. O processo de estimação consiste em obterem-se os quadrados médios (QM) da análise de variância, estabelecer a esperança matemática destes quadrados médios de acordo com o modelo que rege o delineamento experimental e, por fim, resolver as equações resultantes. A simples resolução das equações fornece as estimativas dos componentes de variância. Dentre os componentes de variação genética, a variância genética aditiva é o componente mais importante, devido ser a principal causa de semelhança entre parentes.

Segundo Souza Júnior (1983), no Brasil predominam os trabalhos envolvendo progênies de meios irmãos, os quais permitem estimar a variância aditiva (σ_A^2), a herdabilidade ($\hat{h}^2$) (no sentido restrito) e, conseqüentemente, o ganho esperado com a seleção (GS). Na Tabela 1 são apresentadas algumas estimativas de variância genética aditiva para os caracteres de produção (g/pl)², altura da planta (AP, em cm²/pl²) e altura da espiga (AE, em cm²/pl²) em populações de milho.

Tabela 1. Estimativas de variância genética aditiva para produção (g/pl)², altura de planta (AP, em cm²/pl²) e altura da espiga (AE, em cm²/pl²) em populações de milho.

População	Produção	AP	AE	Referências
Composto Dentado	440,2	208	275	Miranda Filho et al. (1972, 1974)
Composto Flint	197,6	308	224	Miranda Filho et al. (1972, 1974)
ESALQ- VD2 MI-HSII	665,0	327	216	Lima & Paterniani (1977)
ESALQ-PB1	284,8	258	260	Miranda Filho (1977, 1978)
Composto A	428,0	229	355	Crisóstomo (1978)
Composto B	384,0	436	309	Crisóstomo (1978)
Suwan	254,4	177	224	Souza Júnior et al. (1980)
Piranão-VD2	319,2	307	197	Lordelo (1982)
Piranão-VF1	276,1	440	252	Lordelo (1982)
ESALQ-PB4	424,7	320	194	Sampaio (1986)
ESALQ-PB5	243,3	203	152	Sampaio (1986)
Flint Comp. Nordeste	73,4	---	---	Santos & Naspolini (1986)
BR-105	181,0	260	70	Souza Júnior & Miranda Filho (1989)
Suwan DMR	316,0	---	---	Canton (1988)
Composto Dentado	677,4	289	238	Lemos et al. (1992)
ESALQ PB1 x Entrelaçado 1	406,2	235	224	Nass (1992)
ESALQ PB1 x Cravo 4	235,5	286	245	Nass (1992)
Populações brasileiras (45)	306,1	---	---	Miranda Filho (1985)
Populações brasileiras (58)	309,0	---	---	Vencovsky et al. (1988)
Populações americanas (99)	469,1	213,9	152,7	Hallauer & Miranda Filho (1995)

Ramalho (1977) apresenta um resumo das estimativas de $\hat{\sigma}_A^2$ para produção obtidas em populações de milho, pelo Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, e relata um valor médio de 320 (g/pl)², com um intervalo de variação de 41 a 758 (g/pl)².

Revisando os programas de seleção recorrente no Brasil, Vencovsky et al. (1988) apresentaram os resultados de alguns parâmetros medidos em 58 experimentos com progênies de meios irmãos em milho. A média da $\hat{\sigma}_A^2$ para peso de espigas em milho foi de 309 (g/pl)² com intervalo de variação de 41 a 753 (g/pl)², a $\hat{h}^2$ (no sentido restrito) foi em média igual a 11,0% com uma variação de 1,5 a 29,9%, com ganho médio de seleção de 11,7g e um intervalo de variação de 7,8 a 23,3 g. Nestes 58 experimentos foi observado um intervalo de coeficientes de variação ambiental de 7,8 a 23,3%, sendo em média igual a 16,3%.

O número de estudos envolvendo estimações de componentes de variância e dos demais parâmetros genéticos em resistência a doenças são bastante limitados. É possível encontrar alguns estudos de herança e variabilidade genética para resistência à ferrugem comum e para mancha foliar de *Exserohilum*, os quais já foram apresentados em itens anteriores desta revisão. Entretanto, para resistência à ferrugem polysora, ferrugem tropical e mancha foliar de *Phaeosphaeria*, são quase inexistentes os trabalhos envolvendo estudos genéticos quantitativos para caracterização de populações através da estimação de parâmetros genéticos, como variâncias genéticas, herdabilidade, CVg%, índice de variação, GS e outros.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material

No ano agrícola de 1994/95, o Núcleo de Apoio a Pesquisa em Milho (NAP-MILHO) avaliou 140 populações em 13 locais (Arapongas - PR, Castro - PR, Rio Verde - GO, Barretos - SP, Guaira - SP, Capinópolis - MG, Santa Helena - GO, Jacarezinho - PR, Cristalina - GO, Rondonópolis - MT, Sete Lagoas - MG, Ribeirão Preto - SP, Piracicaba - SP) utilizando delineamentos em blocos ao acaso com 3 repetições. Nestas avaliações foi considerado também o comportamento de cinco testemunhas com vários padrões de resistência, semeadas intercaladamente a cada dez parcelas de tratamentos. Além dos caracteres agronômicos e de produção, foram realizadas avaliações para resistência à *Puccinia polysora*, *Physopella zae*, *Phaeosphaeria maydis*, *Exserohilum turcicum* e complexo enfezamento.

A partir dos resultados obtidos na avaliação das 140 populações foram considerados dois grupos, selecionados segundo dois critérios:

Grupo-I: 10 populações selecionadas com maior ênfase para resistência à *Puccinia polysora* e produtividade. Secundariamente, foi levado em conta o nível de resistência à *Phaeosphaeria maydis*, *Physopella zae*, *Exserohilum turcicum*, complexo enfezamento, acamamento, quebramento e outros caracteres agronômicos favoráveis, sendo descartadas as populações com defeitos sérios para qualquer um destes caracteres.

Grupo-II: 26 populações foram selecionadas fundamentalmente para resistência à *P. polysora*, com menor enfoque para produção. Entretanto, foi levado em conta o nível de resistência à *Phaeosphaeria maydis*, *Physopella zae*, *Exserohilum turcicum*, complexo enfezamento, acamamento, quebramento e outros caracteres agrônômicos favoráveis, sendo eliminadas as populações com defeitos sérios para qualquer destes caracteres.

3.1.1 Identificação das populações

As populações selecionadas para fazer parte do Grupo-I foram:

NAP21	= BR105	NAP75	= Amarillo Dentado DMR
NAP47	= CMS 57 NF	NAP97	= IAPAR 51
NAP48	= CMS 58 ND	NAP105	= PMI 8701
NAP49	= CMS 59 Sintético Elite	NAP114	= PMI 9401
NAP66	= WP12	NAP128	=ESALQ-PB2xESALQ-PB3 branco

As populações selecionadas para fazer parte do Grupo-II foram:

NAP04	= CMS 4N	NAP74	= Caripeño DMR
NAP05	= CMS 4C	NAP76	= Caribbean DMR
NAP07	= CMS 14C	NAP77	= Cupurico DMR
NAP14	= CMS 28	NAP78	= Tuxpeño Crema I
NAP22	= BR 106	NAP79	= Braciat
NAP25	= BR111	NAP87	= GI 041
NAP43	= CMS 53	NAP88	= GI 045
NAP44	= CMS 54	NAP93	= PC 9405
NAP51	= BR473	NAP94	= IAPAR 15
NAP52	= BR451	NAP96	= IAPAR 50
NAP55	= CMS 455CE	NAP108	= PMI 9302
NAP57	= Porangatu	NAP116	= Pichilingue
NAP73	= Suwan-2	NAP134	= Piranão VD2

3.1.2 Obtenção das progênes de irmãos germanos

Em janeiro de 1996 foi semeado o lote para obtenção das progênes de irmãos germanos (IG) das 10 populações selecionadas no Grupo-I. Foram realizadas polinizações planta a planta, dentro e entre duas fileiras de 50 plantas/fileira da mesma população. Realizaram-se de 70 a 100 polinizações manuais para cada população.

Em agosto do mesmo ano, as progênes de IG foram colhidas e no laboratório procedeu-se à seleção das 50 melhores espigas, que produziram quantidade suficiente de semente para formação dos ensaios de progênes de IG em dois locais. As 50 espigas selecionadas constituem as 50 progênes de IG de cada população, que foram estudadas separadamente.

3.1.3 Obtenção dos cruzamentos dialélicos com recíprocos

O lote para obtenção do dialelo 10x10 com recíprocos foi plantado em janeiro de 1996. Os 100 tratamentos (10 populações genitoras, 45 híbridos F_1 's e seus 45 cruzamentos recíprocos) foram obtidos pelo cruzamento manual de pares de fileiras de populações arranjadas lado a lado no campo de polinização. Foram realizadas polinizações de 60 a 80 espigas por par de fileiras. Após a colheita foram amostradas cerca de 25 sementes por espiga, com a finalidade de obter um mínimo de 720 sementes por tratamento, quantidade suficiente para formação dos dois ensaios para avaliação em Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO).

3.1.4 Obtenção dos cruzamentos “top-crosses”

Em fevereiro de 1996 foi plantado um lote com as populações selecionadas no Grupo-I (menos NAP75) e Grupo-II para obtenção do material experimental necessário para os ensaios de cruzamentos “top-crosses” em dois locais. A população NAP75 não participou dos cruzamentos “top-crosses” devido à falta de sementes suficientes.

Os lotes para obtenção dos cruzamentos “top-crosses” foram plantados em três períodos diferentes, com intervalo de uma semana entre plantios, para garantir a coincidência do florescimento das populações no período da realização dos cruzamentos. Desta forma, conseguiu-se que, nas polinizações realizadas, todas as 35 populações participassem na amostragem de pólen com um mesmo número de pendões amostrados por material (3 a 5 pendões/material/dia). Portanto, foi utilizado um testador amplo (mistura de pólen de todas as 35 populações utilizadas) para obtenção dos “top-crosses”, segundo a metodologia sugerida por Chaves & Miranda Filho (1997). Somente o lote plantado no segundo período foi utilizada como fêmea para obtenção dos cruzamentos “top-crosses”. Foi realizada amostragem de pólen das 35 populações semeadas nos três períodos, sendo utilizados os lotes semeados no primeiro e terceiro período apenas como fonte de pólen.

A multiplicação das 35 populações genitoras foi realizada em um lote a parte, através da semeadura de fileiras duplas de cada população. Foram realizadas polinizações planta a planta, dentro e entre duas fileiras da mesma população.

Foram realizadas polinizações de 40 a 50 espigas por tratamento (35 “top-crosses” e 35 respectivas populações genitoras). Após a colheita foram selecionadas de 30 a 45 espigas e amostradas cerca de 20 sementes por espiga, com a finalidade de obter um mínimo de 720 sementes por tratamento, quantidade suficiente para formação de dois ensaios.

3.1.5 Testemunhas

Como testemunhas foram utilizados dois híbridos com padrões distintos de resistência, sendo o híbrido AGX7393 utilizado como resistente (T_1) e o híbrido AG9014 como suscetível (T_2) à *P. polysora*. Estes padrões distintos de resistência tiveram a finalidade de indicar não só a ocorrência da doença, mas também a intensidade da mesma na área experimental. Como bordadura foram utilizadas no mínimo duas fileiras do híbrido AG9014 em Ribeirão Preto e duas do híbrido G85 em Rio Verde. Em todos os casos, o híbrido AG9014 foi utilizado para contribuir no desenvolvimento de epidemias de *P. polysora*.

As parcelas de testemunhas foram intercaladas dentro das repetições a cada 10

fileiras de tratamentos, como referência para comparação de desempenho.

3.2 Métodos

3.2.1 Execução experimental

Na avaliação de resistência à doenças é muito importante se ter uma adequada caracterização do local de avaliação quanto ao clima, latitude e, principalmente, altitude. Os experimentos foram instalados em dois locais: Fazenda Experimental do Instituto Agrônômico (IAC) de Ribeirão Preto (SP) e na Fazenda Rio Doce em Rio Verde (GO). A estação experimental do IAC, em Ribeirão Preto, está localizada à 21°12'25" latitude Sul, 47°52'20" longitude Oeste e altitude de 621 metros em relação ao nível do mar. Para a Fazenda Rio Doce, em Rio Verde, não foi possível obter as coordenadas exatas, mas se estima uma altitude acima de 1000 metros em relação ao nível do mar, região considerada chapada de altitude.

3.2.1.1 Progênie de irmãos germanos

As progênie de IG obtidas foram avaliadas em ensaios individuais em dois locais. Em Rio Verde (GO) os ensaios foram instalados em 23 de outubro de 1996 e em Ribeirão Preto (SP) no dia 16 de dezembro de 1996. Em cada ensaio foram avaliadas 50 progênie de irmãos germanos por população, utilizando-se o delineamento em blocos casualizados com três repetições em cada local. As parcelas foram constituídas por fileira simples de 4,00 m de comprimento, no espaçamento de 0,90 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas. Na semeadura das parcelas foram utilizadas 30 sementes ao longo do sulco de semeadura, com duas e uma sementes por cova, de forma alternada. Após, aproximadamente 30 dias da germinação, foi realizado um desbaste nas parcelas para um estande ideal de 20 plantas por fileira. Dentro dos blocos foram semeadas duas fileiras de testemunhas (T_1 e T_2 , lado a lado) intercaladas a cada 10 fileiras de progênie sorteadas ao acaso.

A adubação de plantio distribuída ao longo do sulco de semeadura foi de 330

kg/ha da fórmula 5-25-25 (NPK) em Rio Verde e 250 kg/ha da fórmula 5-25-25 (NPK) em Ribeirão Preto. O controle de plantas invasoras foi realizado unicamente através da aplicação de 7 litros por hectare do herbicida PRIMESTRA (pós-plantio e pré-emergentes) logo após a semeadura. Foram realizadas adubações de cobertura após cerca de 30 dias da semeadura em ambos locais, após o desbaste. Em Rio Verde foram aplicados 330 kg de uréia/ha e em Ribeirão Preto 180 kg de sulfato de amônio/ha.

3.2.1.2 Dialelo 10 x 10 com recíprocos

Os ensaios dialélicos foram instalados em Rio Verde (GO) no dia 24 de outubro de 1996 e Ribeirão Preto (SP) no dia 17 de dezembro de 1996. Foi utilizado o delineamento em blocos ao acaso, com seis e cinco repetições, respectivamente, em parcelas de fileiras duplas de 4,00 m de comprimento, no espaçamento de 0,90 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas. Em cada fileira foram semeadas 30 sementes distribuídas ao longo do sulco de semeadura, com duas e uma sementes por cova, de forma alternada. Cerca de 30 dias após a germinação, foi realizado o desbaste para estande ideal de 20 plantas por fileira (40 plantas por parcela). Dentro das repetições foram semeadas testemunhas intercalares a cada 10 fileiras, de forma semelhante ao descrito para os ensaios de progênes de IG.

A adubação de plantio, desbaste, adubação de cobertura e controle de plantas invasoras foram iguais ao mencionado para o ensaio de progênes de IG.

3.2.1.3 Cruzamentos “top-crosses” envolvendo 35 populações

Os 70 tratamentos (35 populações + 35 “top-crosses”) foram avaliados em experimentos segundo o delineamento em blocos casualizados com seis repetições em dois locais: Rio Verde (GO) no dia 25 de outubro de 1996 e, na Fazenda Experimental do Instituto Agrônômico (IAC), no dia 16 de dezembro de 1996. O esquema experimental, adubação de semeadura, desbaste, adubação de cobertura e controle de plantas invasoras foram semelhantes aos ensaios do dialélico.

3.2.2 Caracteres avaliados

No dois locais foram realizadas avaliações para diferentes caracteres, os quais encontram-se descritos a seguir:

- **Resistência à *Puccinia polysora* (POLY), *Physopella zae* (PHYS), *Phaeosphaeria maydis* (PHAE):** foram avaliados de acordo com uma escala de notas de intensidade de doenças, com intervalo de 1 a 9. As notas de 1 a 9 equivalem a 0%; 1%; 10%; 20%; 30%; 40%; 60%; 80% e >80% de área foliar afetada, respectivamente;
- **Resistência a *Exserohilum turcicum* (ET):** foi avaliado segundo uma escala de intensidade da doença de 1 a 6. As notas de 1 a 6 representam alta resistência, resistência, mediana resistência, mediana suscetibilidade, suscetibilidade, alta suscetibilidade, em ordem;
- **Complexo enfezamento (CSTUN):** utilizou-se uma escala arbitrária de notas de 1 a 3 (1= ausência de sintomas, 2= presença de sintomas moderados sem dano aparente, e 3= com sintomas e danos aparentes);
- **Número de espigas doentes (NED):** número de espigas com qualquer indício de ataque de patógeno;
- **Número de espigas por parcela (NE):** número total de espigas na parcela;
- **Porcentagem de espigas doentes (%ED):** $(NED/NE).100$;
- **Estande observado de plantas (ST), número de plantas acamadas (AC) e quebradas (QUE) por parcela:** avaliado uma semana antes da colheita através da contagem de número de plantas por parcela e do número de plantas acamadas e/ou quebradas. Consideraram-se plantas acamadas aquelas com tombamento devido a problemas de enraizamento e quebradas aquelas com colmos quebrados, devido a sua fragilidade às ações do tempo;
- **Número de espigas por planta (NE/P):** razão NE/ST ;
- **Porcentagem de plantas acamadas (%AC):** $(AC/ST).100$;

- **Porcentagem de plantas quebradas (%QUE):** $(QUE/ST).100$;
- **Porcentagem de plantas acamadas ou quebradas (%AC+QUE):** $((AC+QUE)/ST).100$;
- **Peso de espigas despalhadas por parcela (PE):** após a colheita as espigas despalhadas de cada parcela foram pesadas em balanças eletrônicas com etiquetas, em g/parcela;
- **Peso de grãos por parcela (PG):** cada parcela foi debulhada individualmente e os grãos pesados em balanças eletrônicas com etiquetas, em g/parcela;
- **Altura de plantas (AP) e de espigas (AE):** foram medias em amostras de 5 plantas competitivas da parcela, através de réguas graduadas, de 5 em 5 centímetros (cm), onde AP corresponde à distância do solo até a inserção da última folha (folha bandeira) e AE à distância do solo até a inserção da espiga mais alta em relação a superfície. Para as condições de Ribeirão Preto (RP) foram realizadas avaliações de AP e AE em apenas duas repetições;
- **Posição relativa da espiga na planta (PRE):** razão AE/AP;
- **Dias para o florescimento após o plantio (FLOR):** observações ao nível de parcelas, considerando como florescidas somente aquelas com metade do seu estande observado possuindo 50% das plantas tendo espigas com 1,0 centímetros de “barba” (estiloestigma) e com 50% dos pendões com 1/3 de suas anteras abertas.

As avaliações de resistência à doenças foram realizadas ao redor de 30 dias após o florescimento, em Rio Verde (22 a 27/01/97) e Ribeirão Preto (24 a 28/03/97). Foi atribuída uma nota média para cada parcela.

O teor de umidade de grãos foi obtido através da amostragem da mistura de grãos de várias parcelas, acondicionados em sacos de 50 kg de grãos, utilizando um aparelho chamado “Steinlite”. Foram extraídas amostras de vinte sacos de milho. Os valores médio, máximo e mínimo de umidade de grãos nas amostras foram 12,5%, 13,0% e 12,0%, respectivamente. Desta forma, não foram realizadas correções para umidade de grãos.

Foram realizadas correções nos caracteres PE e PG para o estande ideal (STi) de 20 plantas para as progênies de IG e de 40 plantas para os dialélicos e “top-crosses”,

através da metodologia de correção por covariância modificada por Miranda Filho, J.B. (Vencovsky & Barriga, 1992). A partir das análises de variância e covariância para estande e produção em blocos casualizados, estimou-se o coeficiente de regressão linear (b), obtido por: $b = SP_{x,y}/SQ_x$, sendo x o estande observado (ST) e y a produção (PE ou PG); $SP_{x,y}$ a soma de produtos residual da análise de covariância entre estande x produção; SQ_x a soma de quadrados residual da análise de variância para estande.

A correção foram efetuada ao nível de total de parcelas, e os pesos (PEC e PGC, em gramas) foram obtidos como se segue:

$$PC = P - b.(ST - ST_i), \text{ onde:}$$

PC = peso corrigido de espigas (PEC) ou de grãos (PGC);

P = peso de espigas (PE) ou de grãos (PG);

b = coeficiente de regressão linear do peso de espigas ou de grãos, em relação às variações de estande;

ST = estande observado;

ST_i = estande ideal.

A partir dos PEC e PGC foi estimada a produtividade em toneladas por hectare, obtendo-se PEC/ha e PGC/ha, para um estande efetivo de 55.555 plantas/ha.

3.2.3 Análises de variância

Com base nas avaliações de Ribeirão Preto (RP) e Rio Verde (RV), foram analisados individualmente no esquema de blocos casualizados ao nível de total ou médias de parcelas, os seguintes caracteres:

1) POLY, PHYS, PHAE, %ED, PEC, PGC, NE/P, AP, AE, PREP, %AC, %QUE e FLOR para os ensaios de progênies de IG, cruzamentos dialélicos e de cruzamentos “top-crosses” em Ribeirão Preto (RP).

2) PHAE, CSTUN, ET, PEC, AP, AE, PREP e %AC+QUE para os ensaios de progênies de IG e de cruzamentos dialélicos em Rio Verde (RV). Para os ensaios de cruzamentos “top-crosses” foram realizadas análises apenas para PHAE, CSTUN, ET, PE, devido não ter sido possível realizar avaliações para ST, AP, AE, PREP, AC e QUE em RV.

Para análise dos dados obtidos na avaliação de POLY, PHYS, PHAE, CSTUN, ET e %ED não foi realizada transformação.

3.2.3.1 Ensaios de progênies de irmãos germanos e estimação dos componentes de variância

As análises de variância dos dados para cada caráter foram realizadas com base na média ou totais de progênies, de acordo com o delineamento experimental de blocos casualizados, atendendo ao seguinte modelo matemático:

$$Y_{ij} = \mu + p_i + b_j + e_{ij}, \text{ onde:}$$

Y_{ij} = observação relativa à progênie i no bloco j ;

μ = média geral das progênies no experimentos;

p_i = efeito da progênie i ($i=1, 2, \dots, I$), aleatório; $E(p_i)=0$; $E(p_i^2)=\sigma_p^2$;

b_j = efeito de bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$), aleatório; $E(b_j)=0$; $E(b_j^2)=\sigma_b^2$;

e_{ij} = erro experimental associado à progênie i no bloco j , sendo $e_{ij} \cap N(0, \sigma_e^2)$.

As análises de variância dos ensaios de progênies de irmãos germanos (IG) das 10 populações do Grupo-I foram realizadas segundo o esquema para experimentos em blocos ao acaso com três repetições (Tabela 2).

Tabela 2. Esquema de análise da variância para avaliação de progênes em blocos casualizados com três repetições.

Fontes de variação	G.L	QM	E(QM)
Repetições	2	----	----
Progênes	49	Q ₁	$\sigma^2_E + 3\sigma^2_P$
Erro	98	Q ₂	σ^2_E

A partir das análises de variância foram obtidas as estimativas de variância genética entre progênes (σ^2_P); estimativas de variância aditiva sob duas hipóteses: σ^2_{A1} (para $\sigma^2_D = 0$) e σ^2_{A2} (para $\sigma^2_D = \sigma^2_A$); coeficiente de herdabilidade no sentido amplo (h^2); coeficientes de variação ambiental (CVe%) e genético (CVg%); índice de variação (b); porcentagem do ganhos de seleção considerando a hipótese de $\sigma^2_D = 0$ (GS₁%) e de $\sigma^2_D = \sigma^2_A$ (GS₂%), para cada população em cada local, separadamente:

$$\sigma^2_P = (Q_1 - Q_2)/3$$

$$CVg\% = (\sigma_P/m_O).100$$

$$\sigma^2_{A1} = 2.\sigma^2_P$$

$$b = CVg\%/Cve\%$$

$$\sigma^2_{A2} = (4/3).\sigma^2_P$$

$$ds = m_O - m_S$$

$$h^2 = (Q_1 - Q_2)/Q_1$$

$$GS_1\% = \{[ds.(\sigma^2_{A1}/2)/(Q_1/3)]/m_O\}.100$$

$$Cve\% = (\sigma_E/m_O).100$$

$$GS_2\% = \{[ds.(\sigma^2_{A2}/2)/(Q_1/3)]/m_O\}.100$$

onde:

m_O = média da população original;

m_S = média da população selecionada;

ds = diferencial de seleção;

As hipótese de $\sigma^2_D = 0$ e $\sigma^2_D = \sigma^2_A$ foi utilizada com base nos padrões das estimativas observadas na literatura para os diferentes caracteres e não em algum modelo específico.

A partir dos resultados obtidos nos dois locais, foram realizadas análises conjuntas de experimentos para avaliar a existência de possíveis interações de progênies e locais. A análise da variância conjunta para os caracteres avaliados em RP e RV foi realizada segundo o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + p_i + l_k + (pl)_{ik} + b_{j(k)} + e_{ijk}, \text{ onde:}$$

Y_{ijk} = observação relativa à progênie i , no bloco j ;

μ = média geral das progênies no experimento;

p_i = efeito da progênie i ($i=1, 2, \dots, I$), aleatório; $E(p_i) = 0$; $E(p_i^2) = \sigma_p^2$;

l_k = efeito de local k ($k = 1, 2, \dots, K$), fixo, por representar ambientes contratantes;

$(pl)_{ik}$ = é o efeito da interação do local k com a progênie i , aleatório;

$b_{j(k)}$ = efeito de bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$) dentro de local k ($k = 1, 2, \dots, K$), aleatório;

e_{ijk} = erro experimental associado à progênie i no bloco j dentro do local k , sendo $e_{ij} \cap N(0, \sigma_e^2)$.

O esquema da análise da variância conjunta para a avaliação de 50 progênies de irmãos germanos dentro de populações, utilizando experimentos em blocos ao acaso com três repetições em dois locais, está apresentado na Tabela 3.

Tabela 3. Esquema de análise de variância conjunta em dois locais.

Fontes de variação	G.L	QM	E(QM)
Repetições/Local	4	Q_3	---
Local	1	Q_4	---
Progênies	49	Q_5	$\sigma^2 + 6\sigma_p^2$
Progênies x Local	49	Q_6	$\sigma^2 + 6\sigma_{pxl}^2$
Erro	196	Q_7	σ^2

As análises conjuntas não foram utilizadas para estimação de parâmetros genéticos devido representar apenas uma média dos ambientes contrastantes.

3.2.3.2 Ensaios de cruzamentos dialélicos com recíprocos e estimação de parâmetros

Para a análise de variância e estimação dos efeitos no dialélico com recíproco utilizou-se uma extensão do modelo de Gardner & Eberhart (1966) apresentada por Miranda Filho (1995) para cruzamentos dialélicos com recíprocos:

$$Y_{ii'k} = \mu + 1/2(v_i + v_{i'}) + \theta(\bar{h} + h_i + h_{i'} + s_{ii'} + r_{ii'k}) + \bar{e}_{ii'k}, \text{ onde:}$$

onde,

θ = coeficiente condicional, se $i=i'$ então $\theta = 0$, se $i \neq i'$ então $\theta = 1$;

$Y_{ii'k}$ = o cruzamento entre variedades i e i' , onde k é utilizado para diferenciar entre qualquer cruzamento específico e seu recíproco;

μ = a média das n variedades parentais;

v_i = efeito de variedades;

$\bar{h}$ = heterose média;

h_i = heterose de variedade;

$s_{ii'}$ = heterose específica no cruzamento entre as variedades i e i' ;

$r_{ii'k}$ = efeito do cruzamento recíproco;

$\bar{e}_{ii'k}$ = erro ajustado para média de tratamento;

sub-índice k = aplica-se apenas para híbridos;

As fórmulas para estimação de parâmetro para o esquema de cruzamentos dialélicos, quando são incluídos os recíprocos, foram apresentadas por Miranda Filho (1995) e podem ser observadas na Tabela 4.

Tabela 4. Fórmulas para estimação de efeitos em esquemas de cruzamento dialélico com recíprocos.

Efeitos	Estimadores
Média	$\hat{\mu} = \frac{Y_v}{n} = \bar{Y}_v$
Variedades	$\hat{v}_i = Y_{ii} - \bar{Y}_v$
Heterose	$\hat{h}_{ii'} = \frac{1}{2} [Y_{ii'} - Y_{ii} - Y_{i'i}]$
Heterose média	$\bar{h} = \bar{Y}_H - \bar{Y}_v$
Heterose de variedade	$\hat{h}_i = \frac{n-1}{n-2} (\bar{Y}_{i_H} - \bar{Y}_H) - \frac{1}{2} (Y_{ii} - \bar{Y}_v)$
Heterose específica	$\hat{s}_{ii'} = \frac{1}{2} Y_{ii'} + \frac{n}{n-2} \bar{Y}_H - \frac{n-1}{n-2} (\bar{Y}_{i_H} + \bar{Y}_{i'_H})$
Capacidade geral de combinação	$\hat{g}_i = \frac{1}{2} \hat{v}_i + \hat{h}_i$

As fórmulas para análise de variância para cruzamentos dialélicos quando são incluídos os recíprocos foram apresentadas por Miranda Filho (1995) e podem ser observadas na Tabela 5.

A notação utilizada para as fórmulas apresentadas nas Tabelas 4 e 5 foi a seguinte:

Y_{ii} = variedade i ; $Y_{ii'} = Y_{ii'1} + Y_{ii'2}$ = soma dos cruzamentos recíprocos; $Y_v = \sum_i Y_{ii} =$ soma de variedades; $Y_H = \sum_{i < i'} Y_{ii'}$ = soma de todos os cruzamentos e recíprocos; $Y_{..} = Y_v + Y_H$; $Y_{i.} = \sum_i Y_{ii} + \sum_{i \neq i'} Y_{ii'} = Y_{11} + Y_{12} + Y_{21} + Y_{13} + Y_{31} + \dots$; $Y_{i_H} = \sum_{i \neq i'} Y_{ii'} = Y_{12} + Y_{21} + Y_{13} + Y_{31} + \dots$; * e ** representam a notação de acordo com o modelo operacional e modelo básico, respectivamente.

Tabela 5. Fórmulas para análise de variância para cruzamentos dialélicos com recíprocos

Fontes de variação	G.L	Soma de quadrados
Tratamento	$n^2 - 1$	$\sum_i Y_{ii}^2 + \sum_{i < i'} Y_{ii'}^2 - \frac{Y_{..}^2}{n^2}$
Variedade	$n - 1$	$\frac{1}{n} \left[\frac{1}{2} \sum_i (Y_{ii} + Y_{i.})^2 - \frac{2}{n} Y_{..}^2 \right]$
Heterose	$\frac{n(n-1)}{2}$	$\sum_i Y_{ii}^2 + \frac{1}{2} \sum_{i < i'} Y_{ii'}^2 - \frac{1}{2n} \sum_i (Y_{ii} + Y_{i.})^2 + \frac{1}{n^2} Y_{..}^2$
Heterose média	1	$\frac{1}{n} Y_v^2 + \frac{1}{n(n-1)} Y_H^2 - \frac{1}{n^2} Y_{..}^2$
Heterose de variedades	$(n-1)$	$\sum_i Y_{ii}^2 - \frac{1}{n} Y_v^2 + \frac{1}{n-2} \left[\frac{1}{2} \sum_i Y_{i.}^2 - \frac{2}{n} Y_H^2 \right] - SS(Var)$
Heterose específica	$\frac{n(n-3)}{2}$	$\frac{1}{2} \sum_{i < i'} Y_{ii'}^2 - \frac{1}{n-2} \left[\frac{1}{2} \sum_i Y_{i.}^2 - \frac{1}{n-1} Y_H^2 \right]$
Desvios	$\frac{n(n-1)}{2}$	$\left[\sum_{i \neq i'} Y_{ii'}^2 - \frac{1}{2} \sum_{i < i'} Y_{ii'}^2 \right]^* = \left[\sum_{ii'k} Y_{ii'k}^2 - \frac{1}{2} \sum_{i < i'} Y_{ii'}^2 \right]^* *$

3.2.3.3 Ensaios de cruzamentos “top-crosses” e estimação de parâmetros

Para a estimação dos parâmetros e para análise de variância (médias de tratamentos sobre r repetições) baseada nas populações e seus cruzamentos “top-crosses” foram utilizadas as fórmulas apresentadas por Chaves & Miranda Filho (1997), as quais foram obtidas com base no modelo reduzido de Gardner (1967):

$$Y_{jij'} = \mu + 1/2(v_j + v_{j'}) + \theta(\bar{h} + h_j + h_{j'}) + \bar{e}_{jij'}, \text{ onde:}$$

θ = coeficiente condicional, se $j=j'$ então $\theta = 0$, se $j \neq j'$ então $\theta = 1$;

μ = média das n variedades parentais;

v_j = efeito de variedades;

$\bar{h}$ = heterose média;

h_j = heterose de variedade;

$\bar{e}_{ijk}$ = erro ajustado para média de tratamento.

As fórmulas para a estimação de parâmetros no estudo de cruzamentos “top-crosses”, segundo o modelo reduzido apresentado por Chaves & Miranda Filho (1997) são apresentados na Tabela 6.

Tabela 6. Fórmulas para a estimação de parâmetros genéticos em cruzamentos “top-crosses”.

Efeitos	Estimadores
Média	$\hat{\mu} = \bar{V}$
Variedade	$\hat{v}_j = V_j - \bar{V}$
Heterose média	$\bar{h} = \frac{n}{n-1}(\bar{T} - \bar{V})$
Heterose de variedade	$\hat{h}_j = \frac{n}{n-2}[(T_j - \bar{T}) - \frac{1}{2}(V_j - \bar{V})]$

Uma notação mais simplificada foi utilizada nas fórmulas acima, tais que:

$V_j = Y_{jj}$; $\bar{V} = \frac{1}{n} \sum V_j$; $T_j = \frac{1}{n} \sum Y_{jj}$; $\bar{T} = \frac{1}{n} \sum T_j$, com as restrições: $\sum v_j = \sum h_j = 0$, em que os valores observados (médias) são V_j e T_j .

O esquema e as fórmulas para análise de variância com base nas médias de variedades e “top-crosses”, de acordo com o modelo reduzido de cruzamento dialélico são mostrados na Tabela 7.

Tabela 7. Fórmulas para análise de variância com base nas médias de variedades e “top-crosses”.

Fontes de variação	G.L	Soma de quadrados
Tratamentos	$2n - 1$	$\sum_{j=1}^n V_j^2 + \sum_{j=1}^n T_j^2 - \frac{(V.+T.)^2}{2n}$
Variedades	$n - 1$	$\frac{1}{5} \sum_{j=1}^n [2(V_j - \bar{V}) + (T_j - \bar{T})]^2$
Heterose média	1	$\frac{1}{2n} (V.-T.)^2$
Heterose de variedades	$n - 1$	$\frac{1}{5} \sum_{j=1}^n [(V_j - \bar{V}) - 2(T_j - \bar{T})]^2$
Erro	$(r - 1)(2n - 1)$	-----

3.3.4 Predição de médias de compostos

Os valores médios observados nos experimentos dialélicos e de “top-crosses” foram utilizados na predição de médias de compostos para os diferentes caracteres avaliados. Para predições de médias de compostos a partir do dialélico foi utilizada a metodologia de predição descrita por Eberhart et al. (1967), Vencovsky (1970) e Hallauer e Miranda Filho (1995), onde a média de um composto pode ser predita pela fórmula:

$$Y_k = \bar{H} - \left(\frac{\bar{H} - \bar{V}}{k} \right), \text{ onde:}$$

Y_k = é a média de um composto formado por k variedades;

$\bar{V}$ = média das variedades parentais;

$\bar{H}$ = média de k(k-1) híbridos e seus respectivos recíprocos.

A metodologia descrita por Chaves & Miranda Filho (1997) foi utilizada para predição de médias de compostos a partir de cruzamentos “top-crosses”, segundo a qual a média de um composto pode ser predita pela fórmula:

$$Y_k = a_1 \sum_{j=1}^k V_j + a_2 \sum_{j=1}^k T_j + a_3 \bar{V} - a_4 \bar{T} ,$$

com os coeficientes $a_1=(n-2k)/k^2(n-2)$; $a_2=2n(k-1)/k^2(n-2)$; $a_3=n(k-1)/k(n-1)(n-2)$; e $a_4=n^2(k-1)/k(n-1)(n-2)$; o somatório é para $j = 1$ a $j = k$, sendo k o tamanho do composto (número de variedades parentais que entram na formação de um dado composto) e n é o número total de variedades; V_j e T_j referem-se às médias das variedades e dos seus “top-crosses” (testador = mistura das variedades); $\bar{V}$ e $\bar{T}$ aos respectivos valores médios no conjunto total.

O número (NC) de possíveis compostos balanceados para n igual a 10 populações é igual a $NC=2^n-(n+1)=1013$ compostos e para n igual a 35 populações $Nc=34.359.738.332$ compostos (Miranda Filho e Vencovsky, 1973). Entretanto, com a finalidade de reduzir a necessidade de calcular um número tão grande de predições médias foi realizada uma pré seleção das 10 populações avaliadas no dialélico e das 35 avaliadas nos “top-crosses”, sendo selecionadas as 5 populações que apresentaram, principalmente, melhores valores de estimativas de capacidade geral de combinação ($\hat{g}_i$). Desta forma, o número de compostos possíveis com $n = 5$ foi de $Nc=2^5 - (5+1) = 26$ compostos.

Baseado na predição de médias serão selecionadas populações para síntese de dois compostos. O composto a ser gerado a partir das populações selecionadas no dialélico 10x10 (Grupo-I) tem por objetivo concentrar alelos que conferem resistência quantitativa à ferrugem causada por *P. polysora* associada a alta produtividade e características agronômicas desejáveis. Entretanto, a síntese do composto a ser gerado a partir das populações avaliadas no esquema de cruzamentos “top-crosses” (Grupo-I e II) visa concentrar alelos de resistência a *P. polysora*, com menor ênfase às características agronômicas.

3.3.5 Teste t (Student) e intervalo de confiança da média

O teste t de Student e os cálculos dos intervalos de confiança da média (IC) foram utilizados para auxiliar na apresentação dos resultados e permitir conclusões mais precisas sobre alguns resultados observados.

O intervalo de confiança da média foi utilizado unicamente para médias obtidas nos experimentos para avaliações de resistência à doenças em progênies de IG, devido a falta de citações de CVE% para estes caracteres. Deste modo o IC foi utilizado com a finalidade de verificar a precisão das médias obtidas para resistência à doenças.

O IC para um nível de confiança de 95% é dado pela seguinte fórmula:

$$\Pr (\bar{x} - c < \mu < \bar{x} + c) = 0,95, \text{ onde:}$$

$\bar{x}$ = média da população observada no experimento;

μ = média verdadeira da população;

$c = 1,96.\sigma_E/\sqrt{r}$, valor específico para nível de confiança de 95%;

σ_E = desvio padrão da média devido ao erro experimental;

r = número de repetições.

O teste t foi utilizado para confrontar as médias gerais dos tratamentos dos ensaios dialélicos e dos “top-crosses” com as médias obtidas pelas testemunhas T_1 e T_2 individualmente, em cada ensaio específico. Os contrastes considerados foram:

$$\hat{Y}_{C1} = \text{TRAT}_{\text{média}} - T_1 \quad \text{e} \quad \hat{Y}_{C2} = \text{TRAT}_{\text{média}} - T_2 .$$

A estimativa de variância das estimativas do contraste ($\hat{V}(\hat{Y}_C)$) é dada pela fórmula:

$$\hat{V}(\hat{Y}_C) = \left[\left(\frac{1}{n} \right)^2 \cdot n + \left(\frac{1}{p} \right)^2 \cdot p \right] \cdot \frac{\sigma_E^2}{r} = \left(\frac{1}{n} + \frac{1}{p} \right) \cdot \frac{\sigma_E^2}{r}, \text{ onde:}$$

n = número de tratamentos;

p = número de vezes que a testemunha T_1 ou T_2 esteve presente, intercaladas dentro das repetições;

σ_E^2 = variância do erro;

r = número de repetições.

A partir dos valores de $\hat{V}(\hat{Y}_C)$ e de $\hat{Y}_C$ pôde-se então calcular a estatística t ,

através da seguinte fórmula $t = \frac{\hat{Y}_C}{\sqrt{\hat{V}(\hat{Y}_C)}}$.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As condições climáticas ocorridas nos ensaios foram levantadas apenas em RP e foram apresentadas na Tabela A do Apêndice. Através dos resultados obtidos pode-se verificar que, no geral, a temperatura média oscilou dentro da faixa favorável para o desenvolvimento das ferrugens avaliadas e que a precipitação foi suficiente para promover o desenvolvimento das doenças.

Os caracteres utilizados para avaliar as progênes de irmãos germanos (IG) de dez populações NAP foram agrupados em caracteres de sanidade, produção e vegetativos. Foram considerados caracteres de sanidade: resistência à *Puccinia polysora* (POLY), *Physopella zae* (PHYS), *Phaeosphaeria maydis* (PHAE), *Exsehorilum turcicum* (ET), ao complexo enfezamento (CSTUN) e porcentagem de espigas doentes (%ED). Os caracteres de produção agrupam peso de espigas corrigido (PEC), peso de grãos corrigido (PGC), número de espigas por planta (NE/P) e estande (ST). Finalmente, foram considerados como caracteres vegetativos: altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e dias para o florescimento (FLOR).

Todas as tabelas de resultados foram apresentadas no capítulo Anexo.

4.1 Ensaios de progênes de irmãos germanos de dez populações NAP

4.1.1 Avaliações de sanidade

Nas Tabelas 8 a 15 estão apresentados os valores de intervalo de confiança (IC) da média, com limites inferior (L_i) e superior (L_s) para níveis de confiança de 95%, médias, máximos e mínimos das progênes de cada população, médias das testemunhas T_1

(resistente) e T_2 (suscetível) e os coeficientes de variação experimental (CVe%) para avaliação de resistência à doenças. Nestes experimentos foram observados valores de CVe% variando de 14,2 a 33,4% para POLY; 14,2 a 20,7% para PHYS; 17,3 a 28,8% para PHAE em Ribeirão Preto (RP); 17,1 a 29,4% para PHAE em Rio Verde (RV); 18,2 a 30,7 % para PHAE na análise conjunta de RP e RV; 73,5 a 137,8% para %ED; 8,1 a 20,4% para ET e de 8,1 a 36,6% para CSTUN. Os valores maiores de CVe% podem ser justificados pela própria natureza genética das populações estudadas e dos caracteres avaliados e a não transformação dos dados. Para o caracter %ED foram observados valores elevados de CVe%, os quais são devidos a elevada frequência de valores zero para %ED nas progênies das populações. A existência de valores iguais ou próximos de zero promovem um aumento expressivo da magnitude do CVe%. A estimação do CVe% é mais importante ao nível comparativo de estimativas obtidas para um mesmo caráter, sendo útil para indicar a precisão dos dados obtidos em um experimento. Não é adequado realizar comentários quanto ao valor absoluto de CVe%, pois diferentes caracteres podem possuir diferentes magnitudes de CVe% que podem ser consideradas adequadas. Zoccoli (1998) apresenta valores de CVe% variando de 12,7 a 23,1% para POLY; 8,1 a 14,5% para PHYS e de 12,6 a 28,1% para PHAE.

Devido a carência de citações bibliográficas com estimações de CVe% para os caracteres de sanidade estudados, foram estimados intervalos de confiança para indicar a precisão das médias estimadas ($\hat{m}$) em cada caráter. Os intervalos de confiança em relação as médias de notas obtidas pelas populações ficaram entre $2,1 \pm 0,3$ e $2,6 \pm 1,0$ para POLY; $4,8 \pm 0,8$ e $4,6 \pm 1,1$ para PHYS; $3,1 \pm 0,9$ e $4,3 \pm 1,4$ para PHAE em RP; $2,7 \pm 0,5$ e $3,2 \pm 0,7$ para PHAE em RV; $2,0 \pm 0,2$ e $2,1 \pm 0,4$ para ET e entre $1,0 \pm 0,1$ e $1,3 \pm 0,5$ para CSTUN. De um modo geral, pode-se considerar que as médias de progênies estimadas para os caracteres de sanidade apresentam uma boa precisão, tendo um IC máximo de aproximadamente $\hat{m} \pm 1,0$. Os IC's maiores podem ser justificados devido a avaliação ter sido realizada ao nível de médias de parcelas de 20 plantas por progênie por repetição, as quais apresentaram variação para resistência dentro de progênies.

Na Tabela 8 podem ser observadas notas médias de resistência a POLY da ordem de 2,1 a 2,9, indicando resistência em todas as populações avaliadas. Os limites L_1 e L_5 do IC das médias de POLY revelam um excelente padrão de resistência das populações avaliadas. Uma comparação do comportamento das populações frente às testemunhas para POLY, revela que as populações apresentaram valores médios absolutos de notas menores que aos das testemunhas T_1 e T_2 em todos os experimentos, caracterizando o bom comportamento destas populações. É importante salientar que quanto menor a nota, maior é o nível de resistência. Se forem comparados os valores mínimos das notas de resistência de progênie para cada população com os valores observados para T_1 , pode-se verificar uma superioridade das populações frente a T_1 . Para a testemunha T_2 foram observadas médias de POLY entre 4,4 a 6,7, caracterizando uma maior suscetibilidade deste híbrido e a ocorrência da doença na área experimental. Os valores máximos de notas de intensidade de POLY observados nas progênies de IG das populações variaram de 2,7 a 5,0, sendo sempre mais resistente que T_2 . Os dados observados revelam excelentes níveis de resistência das populações para POLY.

Para notas de PHYS foram observadas médias de populações entre 3,8 a 5,1 caracterizando resistência mediana (Tabela 9). Para T_1 observaram-se notas médias de resistência de 3,5 a 4,9 e para T_2 de 4,7 a 6,7. No geral, as populações apresentaram níveis médios de resistência semelhantes a T_1 e superiores a T_2 , em todos os experimentos. Entretanto, foram observados valores máximos com mediana suscetibilidade a suscetibilidade nas populações, com valores entre 5,7 e 7,0. Por outro lado, observaram-se valores mínimos de progênies na faixa de resistência, sendo mais resistente que T_1 e T_2 . Entre as populações merece destaque a NAP49 com melhores valores de PHYS, cujas notas médias, máxima e mínima foram 3,8, 5,7 e 2,7, respectivamente. Experimentos realizados por Lima et al. (1996), na mesma estação experimental de RP, revelaram nota média de intensidade para PHYS em linhagens iguais a 5,98. Isto mostra que a estação experimental de RP é favorável para o estudo de PHYS em plantios mais tardios e que a severidade observada para PHYS foi adequada para este estudo de resistência à ferrugem tropical.

Foram realizadas avaliações para PHAE em RP (Tabela 10) e RV (Tabela 11). Em RP foram observadas notas médias de populações variando de 3,1 a 5,4 e em RV de 2,0 a 3,2, mostrando maior incidência da doença em RP. Desta forma, em RP foi possível maior caracterização da resistência das populações frente às testemunhas. Na avaliação de RP verificou-se uma maior resistência das testemunhas frente às médias observadas nas populações avaliadas. Entretanto, os valores mínimos de PHAE em RP obtidos pelas progênies das populações foram de 2,7 a 4,0, intervalo entre resistente e medianamente resistente. Os resultados médios obtidos para avaliação de PHAE em RP indicam a necessidade de maiores esforços para seleção dentro das populações visando resistência. Dentre as populações destacou-se para PHAE a NAP47 com média, máximo e mínimo de 3,1, 6,0 e 2,0 respectivamente.

Na Tabela 13 pode-se verificar médias de %ED para populações entre 4,1 e 13,1%, para T_1 de 1,8 a 8,9% e para T_2 entre 1,0 e 11,1%. Uma comparação destas médias mostram que, no geral, não existem diferenças acentuadas entre populações e as testemunhas. Entretanto, nas populações NAP foi observada uma grande amplitude de variação de médias de progênies para %ED, indicando a necessidade de selecionar contra os valores elevados de %ED dentro das populações.

Os resultados da avaliação de ET (Tabela 14) mostram que tanto as populações como as testemunhas apresentaram-se em média resistentes. A maioria dos valores máximos das populações ficaram na faixa de resistente (nota 2) à medianamente resistente (nota 3). Somente para NAP114 foi observado valor máximo de 3,7 na faixa de mediana resistência à mediana suscetibilidade. Apesar dos valores baixos de notas para resistência observados para estas populações e testemunhas, sugerirem a não ocorrência da doença na área experimental, foram observadas ocorrências bem mais severas da doença em outros experimentos adjacentes envolvendo materiais exóticos e semi-exóticos. Este fato sugere a ocorrência da doença na área experimental de RV e a resistência dos materiais avaliados no presente trabalho.

Em relação à avaliação para complexo enfezamento (Tabela 15), as notas médias das populações foram de 1,0 a 1,3, caracterizando a não ocorrência de sintomas

da doença. O mesmo comportamento foi observado para T_1 e T_2 . Apenas nas populações NAP128, NAP75 e NAP66 foram observados alguns extremos com ocorrência de sintomas da doença com danos aparentes na produção.

Nas tabelas 16 a 23 são apresentados de modo resumido os resultados das análises de variância, com os respectivos quadrados médios e níveis de significância para o teste F, para os experimentos com progênies IG em 10 populações avaliadas para resistência a doenças foliares. Foram detectadas diferenças significativas para resistência entre as progênies de IG dentro das populações, para quase todos os caracteres de resistência a doença avaliados. Somente nas populações NAP49, NAP75, NAP97, NAP105 e NAP128 para POLY; NAP48 para PHYS; NAP48 para PHAE em RP e NAP66 para PHAE em RV; NAP21, NAP75, NAP97 e NAP114 para %ED; NAP21, NAP47, NAP49, NAP66, NAP75, NAP105 e NAP128 para ET e NAP47, NAP49, NAP97 e NAP105 para CSTUN não foram observadas diferenças significativas entre as progênies dentro de cada população.

Através destes resultados pode-se verificar que estas populações apresentam variabilidade genética para resistência a quase todas as doenças avaliadas. A não detecção de variação significativa entre progênies em algumas populações para resistência a POLY não se caracteriza como um problema, uma vez que as notas médias de POLY evidenciam bons níveis de resistência. O mesmo pode ser observado para os demais caracteres de resistência analisados.

Das doenças estudadas, apenas aquela causada por *P. maydis* ocorreu nos dois locais (RP e RV), sendo esta a única para a qual se realizou análise conjunta (Tabela 20). Notaram-se efeitos significativos de locais para PHAE em todos os experimentos com progênies de IG, sendo RP o local com maior ataque da doença. Observaram-se diferenças significativas ($P < 0,01$) entre progênies dentro de cada população. Efeitos significativos de interação progênie x local foram detectadas apenas nas populações NAP47, NAP75, NAP97 e NAP114. Estes efeitos não chegaram a perturbar a seleção, uma vez que a reação a esta doença em RV não serviu para discriminar as progênies devido à sua baixa intensidade no local.

A avaliação da interação genótipo x ambiente é de grande importância no melhoramento pois, quando esta apresenta efeitos significativos, existe a possibilidade de o melhor genótipo em um ambiente não o ser em outro. Cruz & Regazzi (1994) afirmam que este tipo de interação influencia o ganho de seleção e dificulta a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade.

A partir das estimativas de variância entre progênes (σ_p^2) foram estimados os coeficientes de herdabilidade de médias no sentido amplo (h^2) (Tabela 16 a 23), que apresentaram extremos de 0,173 e 0,639 para POLY; 0,292 e 0,671 para PHYS; 0,201 e 0,684 para PHAE em RP e 0,235 e 0,831 para PHAE em RV; 0,123 e 0,760 para %ED; 0,000 e 0,921 para CSTUN e de 0,015 e 0,610 para ET. Através das estimativas de σ_p^2 positivas também foram estimados os coeficientes de variação genéticos CVg% (Tabela 16 a 23), sendo observados extremos de 3,7 e 19,4% para POLY; 6,0 e 14,3% para PHYS; 6,2 e 20,7% para PHAE em RP e 9,6 e 22,2% para PHAE em RV; 27,2 e 105,1% para %ED; 0,0 e 25,4% para CSTUN e 0,6 e 12,2% para ET. O intervalo de estimativas de h^2 no sentido amplo para PHYS foi semelhante ao apresentado por Lima et al. (1998), com variação de 23,8 a 62,0%. As estimativas de h^2 no sentido amplo obtidas neste trabalho foram semelhantes ou até mesmo um pouco inferiores as estimadas apresentadas por Hooker (1969), Kim & Brewbaker (1977) e Randle et al. (1984), para resistência a *Puccinia sorghi*, e por Hughes & Hooker (1971), Freymark et al. (1993, 1994), Regitano Neto (1993), Narro Leon (1996) para resistência a *E. turcicum*.

Com base nos CVg% e CVe% foram obtidos os índices de variação (b), cujos valores foram apresentados nas Tabelas 16 a 23. Vencovsky (1987) apresenta que o índice de variação (b) tem a finalidade de indicar se determinado material genético, numa dada fase de seleção, é útil para seleção. Na experimentação com progênes de milho, quando são obtidas estimativas de b próximas a 1,0 ou superiores, caracteriza-se uma situação muito favorável para seleção. Foram observadas variações de b entre 0,26 e 0,78 para POLY; 0,38 e 0,82 para PHYS; 0,29 e 0,85 para PHAE em RP e de 0,33 a 1,30 para PHAE em RV; 0,22 a 1,03 para %ED; 0,00 a 1,91 para CSTUN; 0,07 a 0,73 para ET. Verificou-se que para índices b maiores que 0,43 e 0,50 todas as estimativas de σ_p^2

foram significativamente diferentes de zero ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente. Isto já poderia ser esperado, considerando as fórmulas: $b = CVg\% / CVe\% = \sigma_P / \sigma_E$ e $F = (\sigma_E^2 + r\sigma_P^2) / \sigma_E^2$. Utilizando estas duas fórmulas pode-se chegar a seguinte relação: $b = \sigma_P / \sigma_E = \sqrt{(F_t - 1)/r}$, onde F_t é o valor tabelado limite para se considerar as diferenças estatisticamente significativas pelo teste F e r é o número de repetições. Desta forma, um valor b adequado para seleção deve ser no mínimo maior que o resultado obtido pela fórmula anterior, substituindo o valor F_t referente aos graus de liberdade de tratamentos ($GL = 49$) e do resíduo ($GL = 98$) e $r = 3$ repetições. Através desta fórmula foram estimados valores b iguais a 0,41 e 0,51 para níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Na Tabela 24 foram apresentadas as estimativas de variância aditivas σ_{A1}^2 (hipótese de $\sigma_D^2 = 0$) e σ_{A2}^2 (hipótese de $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$). Foram estimadas variâncias negativas na população NAP128 para o caráter POLY; NAP105 para o caráter CSTUN e em NAP66, NAP75, NAP105 e NAP128 para ET. Isto se deve provavelmente ao fato dos verdadeiros valores dessas estimativas terem sido bastante pequenos, algo próximos a zero, o que poderia ser comprovado através da observação das médias obtidas pelas progênies dentro das populações, que demonstraram pouca variação em relação à média geral. Entretanto, cabe salientar que a falta de variabilidade não se caracterizou como um problema para as populações com progênies dentro da faixa considerada resistente.

Através de uma comparação entre a magnitude absoluta das variâncias genéticas aditivas, estimadas nas progênies de IG das populações para os caracteres POLY, PHYS, PHAE (RP) e PHAE (RV), apresentadas respectivamente na Tabela 24, pode-se verificar que no geral as populações apresentaram maiores valores absolutos de variâncias para o caráter PHAE, seguido por PHYS. Somente nas avaliações para PHYS (RP) as populações NAP47, NAP48 e NAP66 apresentaram variâncias com maior magnitude absoluta em relação à PHAE (RP). Entretanto, quando se compara a magnitude das estimativas de variâncias aditivas obtidas para PHAE (RV) e PHYS (RP) para estas três populações, pode-se verificar valores maiores nas populações NAP47 e NAP48 para PHAE (GO). Os resultados observados indicam a existência de maior

variabilidade genética das populações para PHAE e em segundo lugar para PHYS. Somente nas populações NAP21 e NAP114 as variâncias σ^2_{A1} e σ^2_{A2} para POLY foram um pouco superiores às obtidas para PHYS, e na população NAP47 as variâncias de POLY superaram aquelas obtidas para PHAE em RP, mas não para PHAE em RV. De um modo geral, os resultados médios de resistência e as variâncias aditivas estimadas indicam que as populações avaliadas apresentam excelente potencial genético para seleção e melhoramento para resistência. As comparações entre as magnitudes de variância aqui apresentadas envolveram apenas POLY, PHYS e PHAE, devido à utilização das mesmas escalas de avaliação no intervalo de 1 a 9.

As estimativas extremas de variância aditiva $\sigma^2_{A1} \times 10^{-3}$ (hipótese de $\sigma^2_D = 0$) foram de -25,033 a 617,96 para POLY; 170,07 a 1002,7 para PHYS; 143,12 a 1807,9 para PHAE em RP e 73,740 a 716,18 para PHAE em RV; -5,7133 a 156,19 para CSTUN; -26,667 a 132,24 para ET e σ^2_{A1} de 2,4787 a 103,96 para %ED. Os valores extremos das estimativas de variância $\sigma^2_{A2} \times 10^{-3}$ (hipótese de $\sigma^2_D = \sigma^2_A$) foram: -16,689 a 411,97 para POLY; 113,38 a 668,48 para PHYS; 95,413 a 1205,2 para PHAE em RP e 49,160 a 477,45 para PHAE em RV; -3,8089 a 104,13 para CSTUN; -5,0800 a 88,160 para ET e σ^2_{A2} de 1,6524 a 69,309 para %ED (Tabela 24).

Semelhantemente, aos trabalhos apresentados Scott et al. (1984), Bailey et al. (1987), Zummo (1988), Smith & White (1988) e Scott & Zummo (1989), que dão fortes indicativos da existência da resistência geral, os resultados obtidos neste trabalho para estimativas de variância indicam a existência de resistência quantitativa para POLY, PHYS e PHAE.

Avaliando de forma conjunta os valores estimados de σ^2_{A1} , σ^2_{A2} , CVg%, h^2 , b e médias de progênies, pode-se verificar que as populações NAP21, NAP47, NAP66 e NAP114 apresentaram suficiente variabilidade para seleção para POLY, sendo possível melhorar ainda mais os níveis de resistência destas populações. Dentre as dez populações estudadas em RP, apenas a população NAP48 não apresentou variabilidade genética de progênies suficiente para PHYS e PHAE. Entretanto, em RV a população NAP48 apresentou variação significativa entre progênies para os caracteres de

resistência. Para o caráter %ED apenas NAP21, NAP75, NAP97 e NAP114 não apresentaram níveis adequados de variabilidade para seleção visando melhoramento para o caráter. Para o caráter CSTUN as maiores variações entre progênes foram observadas para NAP128, NAP114, NAP75 e NAP66, respectivamente. Os resultados obtidos mostraram que as populações apresentaram níveis adequados de resistência para POLY. Entretanto, maiores esforços devem ser realizados para melhorar os níveis de resistência das demais doenças, uma vez que no geral existe suficiente variabilidade para tanto.

A carência de estudos quantitativos envolvendo resistência genética a doenças restringe comparações das magnitudes relativas dos componentes de variância obtidos para POLY, PHYS, PHAE e %ED deste experimento com as de outros experimentos citados na literatura. Comparações semelhantes às de componentes de variância para produção, onde os níveis de variância obtidos podem ser comparados quanto a magnitude relativamente de outros experimentos, ainda não são possíveis para resistência à doenças, devido a escassez de pesquisa nesta área. Desta forma, a partir das estimativas de $CVg\%$ e b , buscou-se apresentar quais seriam as possíveis magnitudes σ^2_{A1} e σ^2_{A2} estimadas nas populações que poderiam ser consideradas como adequadas para se realizar a seleção para resistência a doenças nestes experimentos. Para POLY, PHYS e PHAE, onde as escalas de notas de intensidade são as mesmas (notas de 1 a 9), as variâncias σ^2_{A1} ($\sigma^2_D=0$) e σ^2_{A2} ($\sigma^2_D=\sigma^2_A$) acima de 300×10^{-3} e 200×10^{-3} respectivamente, parecem ser níveis adequados com grande potencial para melhoramento, desde que as σ^2_E não conduzam a índices de b inferiores a 0,5. Para %ED níveis de σ^2_{A1} e σ^2_{A2} maiores que 40 e 27, respectivamente, parecem ser relativamente elevados.

A partir das médias obtidas nos experimentos com progênes de irmãos germanos, foram selecionadas de 12 a 15 progênes dentro de cada população, para serem recombinadas e formar o novo ciclo de seleção recorrente. Foram simuladas seleções com cinco tipos de critérios e obtidas as médias em cada tipo de critério para POLY, PHYS, PHAE e peso de espigas corrigido (PEC), tanto em RP como em RV nas dez populações avaliadas. Os critérios foram: a) seleção geral para um bom comportamento médio em relação às progênes dentro da população para POLY, PHYS,

PHAE e PEC, simultaneamente; b) seleção com ênfase à PHYS; c) seleção com ênfase à PHAE; d) seleção com ênfase para produção (PEC); e) seleção das progênes que apresentaram os melhores desempenhos, estando presentes com maior frequência dentro do grupo das 12 a 15 progênes selecionadas através dos quatro critérios anteriores (a, b, c, d). Este último tipo de seleção foi chamado de seleção conjunta. Para seleção conjunta foram obtidos os melhores resultados médios de POLY, PHYS, PHAE e PEC, dentro dos limites aceitáveis de resistência. Apenas para a população NAP48 optou-se pela seleção geral e para NAP105 a seleção com ênfase para produção. É importante destacar que nas seleções com ênfase somente para PHYS ou PHAE, observaram-se resultados inferiores aos critérios de seleção optados. Isto ocorreu devido à seleção para um único tipo de doença conduzir muitas vezes ao incremento da média de susceptibilidade da população para outras doenças, nestes experimentos. Além do que, os ganhos de resistência para seleção com ênfase para unicamente PHYS ou PHAE não terem sido muito diferentes dos obtidos através da seleção chamada conjunta.

Na tabela 25 são apresentadas estimativas das médias das populações melhoradas (m_I) e o ganho de seleção em porcentagem ($GS_1\%$), obtido a partir da variância σ^2_{A1} (hipótese de $\sigma^2_D=0$). Optou-se por utilizar a σ^2_{A1} para estimar os ganhos de seleção $GS_1\%$, devido a maior parte da literatura disponível indicar que os efeitos aditivos são preponderantes para a resistência a doenças. Os resultados obtidos para os cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos e ensaios “top-crosses” avaliados neste trabalho, também indicaram que os efeitos aditivos foram de maior importância para resistência as doenças estudadas. Os maiores ganhos $GS_1\%$, obtidos para seleção para resistência foram observados para POLY, PHYS e PHAE. A maior ocorrência de *P. polysora*, *P. zea* e *P. maydis*, permitiu expressar melhor a variabilidade para resistência à estas doenças. Para POLY, PHYS, PHAE em RP, PHAE em RV e %ED foram observados ganhos de seleção entre 0,0 e -10,7%, 2,0 e -10,3%, -0,5 e -16,4%, 2,9 e -9,2%, 4,3 e -14,7%, respectivamente. Para estes três caracteres, foram observados ganhos positivos apenas em NAP105 para PHYS e em NAP48 para PHAE (RV) e em

NAP75 para %ED, com valores iguais a 2,0%, 2,9% e 4,3%, respectivamente.

A ocorrência de ganhos negativos de seleção para notas de intensidade de doenças é favorável, uma vez que reduz as notas, o que representa aumento da resistência dos materiais selecionados. Foram mais frequentes GS₁% negativos na seleção de progênes para PHYS e PHAE, sendo menos frequentes para POLY. Isto se relaciona ao fato das populações já apresentarem níveis maiores de resistência para POLY. No geral, apesar dos maiores ganhos GS₁% negativos para PHYS e PHAE, a seleção apenas conseguiu conduzir a média das populações para um intervalo considerado de resistente a medianamente resistente (notas entre 3 e 5), aproximadamente. Estes dados indicam que em seleções futuras, maior atenção deverá ser dada especialmente para PHYS e PHAE, uma vez que para POLY já foram obtidos bons níveis de resistência.

4.1.2 - Avaliação da produção das progênes de IG de dez populações NAP

Nos ensaios RP foram observados estandes médios entre 16,6 e 18,1 plantas por parcela e nos ensaios de RV de 17,6 a 18,7 plantas por parcela. Pode-se considerar que foi obtido um número adequado de plantas por parcela em todos os ensaios. Apesar disto, optou-se por realizar correção dos valores de peso de espiga (PE) e grãos (PG) obtidos nas parcelas para estande ideal de 20 plantas por parcela, através da metodologia de correção por covariância, com a finalidade de permitir comparações de produção para um mesmo número de plantas por parcela.

Nas Tabelas de número 26 a 30 são apresentados os valores médios, máximos e mínimos de progênes dentro de cada população, médias das testemunhas e CVe% experimental de todos os experimentos para os caracteres de produção. Foram observados CVe% relativamente baixos nos experimentos de RP e RV, com valores entre 9,5 a 16,8% e 12,0 a 17,3% para os caracteres de produção, respectivamente, estando dentro dos limites aceitáveis para experimentação de campo. Os CVe%'s obtidos para produção foram menores ou aproximadamente iguais ao valor médio de 58 ensaios apresentado por Vencovsky et al. (1988), para o caráter peso de espigas (16,3%). Nos

ensaios de RP foram obtidas médias de produtividade entre 5,63 a 7,18 t/ha, com valores máximos entre 7,68 a 9,62 t/ha e mínimos de 1,05 a 5,21 t/ha para PEC nas progênes das populações avaliadas. Em RV observaram-se médias de ensaios de 6,01 a 6,80 t/ha, máximos de 7,30 a 8,94 t/ha e mínimos de 1,71 a 5,10 t/ha para PEC. A produção média em PEC para a testemunha T_1 variou de 6,74 t/ha a 9,16 t/ha e para T_2 de 5,12 a 6,46 t/ha nos ensaios de RP. Já nos ensaios de RV, a produção de T_1 variou de 7,89 a 9,40 t/ha e de T_2 de 6,64 a 8,31 t/ha para PEC.

Nos ensaios de RP, as populações apresentaram valores médios absolutos de PEC menores que a testemunha T_1 , com exceção das populações NAP21 e NAP47, que foram superiores devido à baixa produtividade apresentada pela testemunha T_1 nestes ensaios. Entretanto, comparando os valores máximos de progênes, com as médias de T_1 , pôde-se verificar uma superioridade das populações NAP21, NAP47, NAP48, NAP66, NAP97 e NAP114. A testemunha T_2 mostrou valores médios de PEC (RP) inferiores à média absoluta das progênes dentro das populações, exceto para NAP49 e NAP75. Porém, os valores máximos de PEC obtidos pelas progênes destas populações foram no mínimo 1,89 t/ha superior à T_2 . Por outro lado, os valores mínimos foram inferiores às médias das testemunhas T_1 e T_2 , em todos os ensaios.

Em RV as testemunhas T_1 e T_2 apresentaram valores médios de PEC maiores que as médias observadas em todas as populações. No entanto, as populações NAP48, NAP66 e NAP97 apresentaram valores máximos de progênes superiores às testemunhas T_1 e T_2 para PEC (RV). As demais populações apresentaram valores máximos de progênes inferiores às médias de T_1 em cada experimento. Entretanto, somente as populações NAP49 e NAP105 não apresentaram valores máximos superiores à testemunha T_2 em valores absolutos de PEC.

Na Tabela 28 foram apresentados os valores médios obtidos das progênes de IG na análise conjunta de dois locais para PEC em t/ha. Observaram-se médias de 5,89 a 6,93 t/ha, máximos de 7,12 a 8,98 t/ha e mínimos de 1,38 a 5,34 t/ha.

Os caracteres PGC e NE/P foram avaliados apenas nos ensaios de RP. Foram observados valores médios de PGC entre 4,65 a 5,74 t/ha, máximos de 6,08 a 7,97

t/ha e mínimos no intervalo de 0,81 a 4,04 t/ha para as progênes. Para as testemunhas T_1 foram obtidos valores médios entre 5,46 a 7,44 t/ha e para T_2 médias de 4,13 a 5,23 t/ha (Tabela 29). O padrão comparativo do desempenho médio, máximo e mínimo das populações com os valores médios das testemunhas seguem a mesma tendência já discutida para PEC em RP.

Os resultados médios observados para o caráter NE/P nas populações e testemunhas foram apresentados na Tabela 30. No geral, tanto as médias das testemunhas como os valores médios e máximos observados para as populações ficaram em torno de uma espiga por planta. A população NAP21 se destacou para NE/P com maiores valores médios (1,28), máximos (1,95) e mínimos (1,04). Entretanto, as populações NAP128, NAP48, NAP114 e NAP66, em ordem crescente, apresentaram valores mínimos de NE/P inferiores a 0,7. Estes valores extremos e baixos de NE/P demonstraram estar relacionados a um número muito pequeno de progênes dentro das populações, uma vez que os valores máximos e médios de NE/P não foram tão discrepantes uns dos outros. Isto indica que estes extremos baixos poderão ser facilmente eliminados com a seleção.

Nas Tabelas 31 a 35 são apresentados os resultados das análises de variância para os caracteres de produção. Foram observados efeitos significativos de progênes ao nível de 1% de probabilidade nos ensaios para os caracteres de produção em quase todas as populações. Somente para o caráter PEC avaliado em RV na população NAP49 e para o caráter NE/P nas populações NAP49, NAP75 e NAP97 foram observados níveis de significância menor ($0,01 < P < 0,05$) e a população NAP105 foi a única que não apresentou efeito significativo de progênie para NE/P. Resultados significativos de efeitos de progênie indicam a existência de variabilidade genética dentro das populações.

A existência de variabilidade genética aliada aos bons níveis médios de produção observados nas populações, comparados às testemunhas, mostram que as populações se caracterizam como boas fontes para o melhoramento visando resistência à doença e produtividade. É importante salientar que embora as testemunhas se constituam materiais híbridos de linhagens, que exploram de forma mais intensa a heterose, as

populações tiveram um excelente desempenho comparativo.

Na Tabela 33 são apresentados os resultados de análise conjunta para a avaliação de PEC para os dois locais. O efeito de locais observado representa um confundimento de locais e época de plantio, já que os experimentos foram plantados com quase dois meses de diferença. Verificaram-se efeitos significativos de locais nos experimentos envolvendo as populações NAP47, NAP48, NAP114 e NAP128, sendo não significativos para os demais. Estes resultados significativos de efeito de local e as médias observadas nestes experimentos mostram que as condições experimentais de RP foram mais favoráveis para PEC que em RV para as populações NAP47, NAP48, NAP114. Por outro lado, as condições experimentais em RV foram mais favoráveis para NAP128 (Tabela 26 e 27). Foram identificadas interações progênie x local significativas ao nível de 1% de probabilidade para PEC nas populações NAP21, NAP66, NAP75, NAP97 e NAP128, não sendo detectados efeitos significativos de interação para as demais populações, caracterizando um comportamento consistente das progênies dentro das populações para estes dois ambientes contrastantes.

Hallauer & Miranda Filho (1995) realizaram uma extensa revisão sobre estimativas de componentes de variação genética para 19 caracteres utilizados na avaliação do milho. O maior número de estimativas encontradas foi para o caráter produção. Para este caráter foi possível verificar que a razão σ^2_D/σ^2_A média foi igual a 0,9377. Isto indica que utilizar a hipótese $\sigma^2_D=\sigma^2_A$ para caracteres de produção, em estudos de progênies de irmãos germanos para estimar σ^2_{A2} , representa uma boa aproximação da variância aditiva e, provavelmente, uma não super estimação da mesma.

Na Tabela 37 são apresentadas as estimativas de variância aditivas σ^2_{A1} e σ^2_{A2} para as dez populações. As estimativas extremas de σ^2_{A1} ($\sigma^2_D=0$) para PEC foram de 152,49 a 805,46 (g/pl)² em RP e de 103,94 a 569,39 (g/pl)² em RV; para PGC variou de 111,50 a 596,46 (g/pl)² e para NE/P ficou entre 0,0847x10⁻³ e 42,807x10⁻³ (g/pl)². Os valores extremos de σ^2_{A2} ($\sigma_A^2=\sigma^2_D$) estimados para PEC foram de 101,66 a 536,97 (g/pl)² em RP e de 69,296 a 379,60 (g/pl)² em RV; para PGC estimativas entre 74,335 a 397,64 (g/pl)² e para NE/P entre 0,0564 a 28,538 (espigas/planta)².

Comparando as variâncias aditivas para PEC obtidas ensaios de RP e de RV, pode-se verificar que foram obtidas estimativas não muito diferentes nos dois locais para quase todas as populações. Somente para NAP48, NAP75 e NAP114, as variâncias estimadas apresentaram diferenças marcantes de magnitude entre locais. Para NAP48 e NAP75 foram observadas estimativas de variâncias maiores em RP. Por outro lado, NAP114 apresentou maiores variâncias em RV. Estes resultados sugerem que as melhores condições para expressão da variabilidade em populações pode diferir bastante entre locais diferentes. É importante notar que, para a população NAP48 o ambiente experimental que promoveu médias de PEC significativamente maiores foi o de RP e, neste mesmo local, obtiveram-se as maiores estimativas de σ^2_{A1} e σ^2_{A2} . Entretanto, a população NAP114 teve como melhor ambiente para produção também RP, sendo os maiores valores de σ^2_{A1} e σ^2_{A2} estimados para os ensaios de RV. Para a população NAP75 não foram observados efeitos significativos de local, mas as maiores estimativas de variâncias genéticas foram estimadas em RP.

Ramalho (1977) apresenta um resumo das estimativas de $\hat{\sigma}_A^2$ obtidas pelo Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, e relata um valor médio de 320 (g/pl)², com um intervalo de variação de 41 a 758 (g/pl)². Miranda Filho (1985) apresenta um valor médio de 45 estimativas da σ_A^2 para produção, obtidas com populações brasileiras da ordem de 306,1 (g/pl)². Nass (1992) obteve estimativas de σ_A^2 , considerando a hipótese $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$ igual a 559,4 e 333,1 (g/pl)² em progênies de IG nas populações semi-exóticas de milho EE1 e EC4, respectivamente, para o caráter peso de espiga. Para o caráter peso de grãos foram 406,24 e 235,54 (g/pl)² para EE1 e EC4, respectivamente. Hallauer & Miranda Filho (1995) apresentaram um levantamento de estimativas de 99 trabalhos, onde a média de variância genética aditiva para produção de grãos foi 469,1 (g/pl)² em populações americanas. Por outro lado, Vencovsky et al. (1988) apresentam uma média de estimativas σ_A^2 de 58 ensaios com avaliação de progênies de meios irmãos para população de milho no Brasil na ordem de 309 (g/pl)² para peso de espigas. Marques (1988) obteve estimativas de σ_A^2 (hipótese de

$\sigma^2_D = \sigma^2_A$) iguais a 219,2 e 234,4 (g/pl)² para ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3, respectivamente. Estimativas de σ^2_A semelhantes as já apresentadas foram obtidos por Silva (1990) e Araújo (1992). As populações que apresentaram valores de σ^2_{A2} ($\sigma^2_D = \sigma^2_A$) maior que 300 (g/pl)² para PEC foram NAP48, NAP66, NAP75 e NAP128 nos ensaios de RP e NAP66, NAP114 e NAP128 em RV. As populações NAP66 e NAP128 apresentaram consistência para maiores valores de σ^2_{A2} através dos locais (Tabela 37). As σ^2_{A2} para PGC foram menores que para PEC, o que já era esperado pela redução da média, mas pode-se verificar a mesma tendência de σ^2_{A2} para as populações.

Nas Tabelas 31 a 36 também foram apresentadas as estimativas de herdabilidade (h^2), CVg% e índice b. Foram observadas estimativas de h^2 (sentido amplo) de 0,549 a 0,867 para PEC em RP; 0,172 a 0,800 para PEC em RV; 0,564 a 0,867 para PGC e 0,010 a 0,818 para NE/P. Soares Filho (1987) apresentou coeficientes h^2 ao nível de médias de progênes de meios irmãos para PE variando de 20,9 a 45,4% e 21,7 a 55,4% em quatro grupos de experimentos para população Piranão VD-2B e Piranão VF-1B, respectivamente. A partir dos CVg% e CVe% foram obtidos os coeficientes b para os caracteres de produção. Observaram-se valores de b entre 0,64 a 1,48 para PEC em RP e 0,43 a 1,16 para PEC em RV; 0,66 a 1,47 para PGC, 0,06 a 1,22 para NE/P. Uma vez que valores de b próximos de 1 caracterizam situação favorável para seleção, convém salientar que as populações, em ordem decrescente, NAP48, NAP75, NAP128, NAP21, NAP66 e NAP97 apresentaram em RP índices maiores que 0,8 para o caracteres PEC e PGC. Em RV, os maiores valores de b para PEC foram observados para as populações NAP128, NAP75, NAP66, NAP21 e NAP114 em ordem decrescente, com valores de b maiores que 0,8. As populações NAP105, NAP49 e NAP47 apresentaram índices de b iguais a 0,74 e 0,73; 0,68 e 0,46 e 0,64 e 0,56 para RP e RV, respectivamente. Estes resultados mostram que, para os caracteres PEC e PGC, foram observadas condições favoráveis para seleção e melhoramento para a maior parte das populações. Apenas as populações NAP49 e NAP47 não apresentaram índices b elevados, sendo observados os menores valores estimados de σ^2_{A1} e σ^2_{A2} para os caracteres de produção. Para o caráter NE/P (Tabela 35) os melhores índices b foram

obtidos pelas populações NAP48, NAP128, NAP21 e NAP66 com valores de 1,22; 0,96; 0,88 e 0,72, respectivamente. Estes resultados reforçam a discussão apresentada para médias de NE/P e sugerem a efetividade da seleção para este caráter, principalmente nas populações com os maiores índices de b. Ramalho (1977) apresentou valores de CVg% para PE obtidos em populações de milho normais entre 3,4 e 15,3%, com média de 7,3%. Os valores de CVg% obtidos para as populações NAP são semelhante aos valores apresentados na literatura. Vencovsky et al. (1988) apresentam uma média de estimativas de CVg% e b na ordem de 7,3% e 0,50 para peso de espigas, em progênes de meios irmãos.

Na Tabela 36 são mostrados os valores médios estimados das populações melhoradas e o ganho de seleção GS₂% para os caracteres de produção. Para todos os caracteres de produção foram observados ganhos positivos, menos para NE/P na população NAP49, onde foi observada uma estimativa de -0,2%. Tais resultados de ganho positivo para produção indicam que, os critérios adotados para seleção das progênes, devem promover ganhos tanto de resistência como para produção. Foram estimados ganhos de 1,0 a 6,9% para PEC em RP e 0,2 a 3,6% para PEC em RV; 0,9 a 7,0% para PGC e -0,2 a 2,5% para NE/P. Os maiores valores de ganho em RP para produção estão associados ao fato da seleção para resistência a doenças e produção terem sido mais efetivos neste local, devido à maior intensidade da doença na região. Os ganhos de seleção estimados indicam que as médias das dez populações devem passar do intervalo de 4,65 a 5,74 t/ha para 4,98 a 5,99 t/ha de PGC para RP, após o melhoramento. Por se tratar de populações, os valores médios estimados da populações melhoradas para PGC podem ser considerados muito bons, indicando que, além de resistentes, as populações apresentariam boa produtividade para serem utilizadas em programas de melhoramento. Os ganhos por ciclo de seleção encontrados na literatura para produção utilizando progênes de IG de milho, ao nível intrapopulacional, foram da ordem de 8,9% (Lonnquist, 1961), 10,6% (Silva & Lonnquist, 1968), 2,8% e 3,5% (Moll & Stuber, 1971), 9,3% (Genter, 1976) e 4,7% (Compton & Lonnquist, 1982).

4.1.3 Avaliação de caracteres vegetativos em progênies de IG de 10 populações

Nas Tabelas 38 a 51 são apresentados os valores médios, máximos e mínimos de progênies de cada população, médias das testemunhas T_1 e T_2 , e coeficiente de variação de experimentais (CVe%) para os caracteres vegetativos. Para AP, AE, PRE e FLOR foram obtidos CVe% relativamente baixos, sendo o maior valor igual a 10,3%, enquadrando-se na faixa de variação apresentada por Silva (1990). Entretanto, para os caracteres %AC, %QUE e %AC+QUE foram observados CVe% elevados, provavelmente devido à alta frequência de valores iguais a 0%, a não transformação dos dados, a própria natureza destes caracteres e das populações avaliadas.

Nas condições de RP foram obtidas maiores médias de AP, AE e PRE que em RV (Tabelas 38 a 46). Os resultados das análises de variâncias conjuntas para AP, AE e PRE (Tabelas 54, 57 e 60, respectivamente) variação significativa para o efeito de local em todos os experimentos de progênies de IG das populações. Porém, foram observados efeitos significativos para interação progênie x local apenas para AP nas populações NAP48 e 66, para AE nas populações NAP21, NAP48 e NAP128 e para PRE nas populações NAP97 e NAP128. Isto indica que a diferença das médias obtidas em RP, em relação às de RV, são predominantemente devidas aos efeitos de local.

Nas condições de RP foram observadas médias, máximos e mínimos de AP para populações no intervalo de 183 a 264 cm, 202 a 314 cm e 153 a 213 cm, respectivamente. A testemunha T_1 apresentou valores médios de AP de 201 a 214 cm, enquanto T_2 de 182 a 196 cm. As populações NAP66, NAP114, NAP48 e NAP21 foram as mais altas com médias de 264, 237, 235 e 229 cm, respectivamente. As demais populações tiveram médias de AP menores ou iguais a 220 cm, que pode ser considerada uma boa altura de planta para populações. Os valores médios, máximos e mínimos de populações para AE ficaram entre 104 a 163 cm, 122 a 197 cm e 68 a 120 cm, respectivamente. As testemunhas T_1 e T_2 apresentaram, aproximadamente, valores médios de AE com 120 e 100 cm de altura, respectivamente. As populações NAP66, NAP114, NAP21 e NAP48, em ordem decrescente, tiveram também os maiores valores

de AE. As populações restantes apresentaram médias de AE menores ou iguais a 121cm. Para PRE os valores extremos médios, máximos e mínimos das populações ficaram entre 0,52 e 0,62, 0,60 e 0,68 e de 0,44 a 0,55, respectivamente. As testemunhas T₁ e T₂ apresentaram médias de 0,58 a 0,60 e de 0,52 a 0,55, respectivamente. A testemunha T₁ apresentou médias de PRE maiores que o ideal de aproximadamente 0,55.

Nas condições experimentais de RV foram obtidas médias de AP, AE e PRE relativamente baixas para populações. Apenas a população NAP66 apresentou valores médios, máximos e mínimos de AP iguais a 224, 259 e 162 cm, respectivamente, bem superiores às demais populações. Para AE e PRE a população NAP66 se destacou com os maiores valores médios, máximos e mínimos, ficando evidente a necessidade de melhoramento desta população para porte de planta. Para as demais populações, os maiores valores médios de AP, AE e PRE entre eles foram: 201 cm, 107 cm e 0,53 em RV, em ordem. Nas Tabelas 40, 43 e 46 são apresentados os valores médios, máximos e mínimos observados pelas populações na análise conjunta dos locais. Estes resultados representam uma média entre os dois locais. Pode-se verificar que as populações apresentaram em média valores de AP, AE e PRE relativamente baixos, com exceção da NAP66.

Os caracteres de produção de grãos, altura da planta, altura da espiga e acamamento foram considerados por Lima & Paterniani (1977) como sendo prioritários. As plantas com menor porte conferem vantagens de serem mais resistentes ao acamamento (Sampaio, 1986).

Nas Tabelas 52 a 60 são observados efeitos altamente significativos de progênies para AP, AE e PRE. Somente não foram observados efeitos significativos para PRE em RV nas populações NAP21 e NAP49. Os resultados das análises de variância aliados aos valores de médias, máximos e mínimos de populações indicam a existência de suficiente variabilidade genética para seleção visando melhorar AP, AE e PRE destas populações.

Nas Tabelas 47 a 50 são apresentados os valores médios, máximos e mínimos das progênies e médias das testemunhas para %AC, %QUE e %AC+QUE. Os

caracteres %AC e %QUE foram avaliados individualmente em RP e agrupados em RV (%AC+QUE). No geral, as testemunhas tiveram um excelente desempenho para estes caracteres. As maiores médias em porcentagem obtida para %AC, %QUE e %AC+QUE para ambas testemunhas foram 2,5, 5,0 e 9,3%, respectivamente. Para as condições de RV (Tabela 49) foram observados valores médios de %AC+QUE para as populações entre 1,0 e 9,0%, o que pode ser considerado como dentro dos limites aceitáveis. Igualmente, para as condições de RP observaram-se valores médios de %AC relativamente baixos, com valores médios de 0,2 a 4,8% (Tabela 47). No entanto, os valores médios de %QUE foram elevados para as populações NAP21, NAP47, NAP48, NAP49 e NAP66, estando acima de 10% em RP (Tabela 48). Por outro lado, nas mesmas condições as populações NAP75, NAP97, NAP105, NAP114 e NAP128 não ultrapassaram 4,08% de quebramento.

As análises de variância para os caracteres envolvendo porcentagem de acamamento e quebramento foram resumidas na Tabelas 61. Detectaram-se efeitos significativos de progênes em NAP47, NAP66 e NAP114 para %AC; em NAP47, NAP48, NAP49, NAP66, NAP75 e NAP114 para %QUE e NAP47, NAP66, NAP97 e NAP114 para %AC+QUE. Na análise conjunta de %AC+QUE (Tabela 62) foi verificado efeito significativo de local para NAP21, NAP47, NAP48, NAP49, NAP66 e NAP114 e efeitos significativos de progênes para NAP47, NAP48, NAP49, NAP66, NAP97 e NAP114. Observaram-se efeitos significativos de interação progênie x local para NAP47, NAP48, NAP49, NAP66 e NAP97. Os resultados significativos de progênie sugerem a existência de variabilidade para resistência ao acamamento e quebramento dentro das populações. Isto indica que esforços para reduzir a %AC+QUE via seleção e melhoramento deverão apresentar bons resultados. De um modo geral, os resultados médios de %AC e %QUE observados para as populações estão dentro de uma faixa aceitável, sendo necessário em algumas populações melhorar estes níveis.

Na Tabela 51 são apresentados os valores médios, máximos e mínimos das progênes dentro das populações, e médias das testemunhas T₁ e T₂, para o caráter FLOR. Através destes resultados pode-se verificar que em média as populações

floresceram entre 59,5 e 69,1 dias. O tempo máximo para florescimento variou de 61,7 a 74,3 dias, e mínimo de 56,3 a 62,3 dias entre as progênies das populações. A testemunha T₁ floresceu após aproximadamente 67 dias e a testemunha T₂ em 61 dias. Os resultados da análise de variância para FLOR são apresentados resumidamente na Tabela 63. Foram verificados efeitos altamente significativos de progênies para todas as populações, menos NAP49, como média, máxima e mínimo de 59,5, 61,7 e 58 dias. Esforços de melhoramento para precocidade podem resultar em médias de florescimento ao redor de 60 a 65 dias em todas as populações, conduzindo a uma semi-precocidade.

Na Tabela 64 estão representadas as estimativas de variância σ^2_{A1} ($\sigma^2_D=0$) e σ^2_{A2} ($\sigma^2_D=\sigma^2_A$) dos experimentos de RP e RV para AP, AE, PRE e FLOR. Considerando-se a hipótese $\sigma^2_D=0$, obtiveram-se estimativas de σ^2_{A1} em RP e RV para AP entre as populações variando de 59,452 a 418,23 (cm/pl)² e de 88,170 a 462,03 (cm/pl)²; para AE entre 41,495 e 237,16 (cm/pl)² e de 32,311 a 256,57 (cm/pl)² e para PRE entre 0,7664 x10⁻⁴ e 13,431x10⁻⁴ e de 1,4567x10⁻⁴ a 25,352x10⁻⁴, respectivamente para cada local. No entanto, considerando-se a hipótese $\sigma^2_D=\sigma^2_A$, foram estimados σ^2_{A2} para as condições de RP e RV para AP entre 39,635 e 278,82 (cm/pl)² e de 58,778 a 308,02 (cm/pl)²; para AE de 27,663 a 158,11 (cm/pl)² e de 21,541 a 171,05 (cm/pl)² e para PRE de 0,5110x10⁻⁴ a 8,9541x10⁻⁴ e de 0,9711x10⁻⁴ a 16,901x10⁻⁴, respectivamente para cada local. Estimativas de σ^2_A em (cm/pl)² apresentadas por Benitez Torrez (1986) são da ordem de 289,1 para AP e 149,4 para AE na população ESALQ PB4 e de 180,3 para AP e 96,6 para AE na população ESALQ PB5. Santos (1985) realizou um levantamento envolvendo 16 trabalhos com populações brasileiras, e constatou um intervalo de variação (σ^2_A) de 176,6 a 668,0 (cm/pl)² para AP e de 46,1 a 548,0 (cm/pl)² para AE. No levantamento realizado por Hallauer & Miranda Filho (1995), as estimativas médias de variância aditivas para AP e AE foram, em ordem, 212,9 e 152,7 (cm/pl)². As estimativas obtidas para AP e AE estão dentro do intervalo observado na literatura.

As estimativas máximas e mínimas de h^2 , no sentido amplo, para AP, AE e PRE observados nos experimentos de RP (Tabelas 52, 55 e 58) foram de 0,526 a 0,830; 0,441 a 0,844, e de 0,556 a 0,814, respectivamente. Da mesma forma, para os

experimentos de RV (Tabelas 53, 56 e 59), as estimativas de h^2 para AP, AE e PRE foram 0,625 a 0,888; 0,462 a 0,840 e de 0,203 a 0,835, respectivamente. Estimativas elevadas de h^2 permitem maiores avanços com a seleção. Valores médios de h^2 apresentados por Araújo (1992), obtidos para a população ESALQ PB-1, foram de 0,718 para AP e 0,724 para AE. Trabalhando com progênes de meios irmãos Miranda Filho et al. (1974) estimaram $\hat{h}^2$ (ao nível de médias) para altura da planta (AP) com valores iguais 49,5% para o composto Dentado e 76,8% para o composto Flint e, para o caráter AE iguais a 71,7% para o composto Dentado e 66,6% para o composto Flint. Sampaio (1986) estimou parâmetros genéticos dos compostos ESALQ-PB4 e ESALQ-PB5, onde obtiveram-se $\hat{h}^2$ iguais a 77,0 e 62,5% para AP e 74,1 e 67,0 para AE, respectivamente.

A partir das estimativa de $CVe\%$ e $CVg\%$ foram estimados os índices b para AP, AE e PRE (Tabelas 52 a 59). Nas condições experimentais de RP foram obtidos estimativas de b entre 0,61 a 1,27 para AP; de 0,51 a 1,34 para AE e de 0,65 a 1,21 para PRE. Para as condições de RV, os valores de b para AP, AE e PRE ficaram entre 0,74 e 1,63; 0,54 e 1,32 e de 0,29 a 1,30. De uma forma geral, nos ensaios de RV observaram-se valores de b superiores em relação aos obtidos em RP. Estes valores de b maiores indicam que a seleção entre progênes dentro de populações para AP, AE e PRE em RV parece ser mais favorável que em RP, apesar da menor expressão destes caracteres em RV. Resultados de $CVg\%$ para AP de 5,2 e 6,0% e para AE de 8,6 a 9,5% nas sub populações A e B de milho dentado braquítico opaco, respectivamente, foram apresentados por Zimback (1985). O mesmo autor apresenta valores de b para AP de 0,7 a 0,9 e para AE de 0,7 a 0,9, na mesma ordem para sub populações. Lordelo (1982) apresenta valores de $\hat{h}^2$ (ao nível de médias) e $\hat{b}$ para a população Piranão-VD2 iguais a 62,0% e 0,79; 56,4% e 0,74; e, 36,6% e 0,66, respectivamente, para AP, AE e PRE. Para $CVg\%$ os valores obtidos foram 5,5, 7,7 e 4,3 para AP, AE e PRE, respectivamente. Na população Piranão-VF1 os valores encontrados, obedecendo-se a mesma ordem de caracteres, para $\hat{h}^2$ (ao nível de médias) iguais a 62,1, 59,7 e 43,6%; para $\hat{b}$ iguais a 0,75, 0,73, 0,72 e 0,67; para $CVg\%$ iguais a 6,2, 9,9 e 5,0%.

Pelos critérios utilizados para seleção de progênies de IG dentro de populações, não foram observados ganhos de seleção ($GS_2\%$) expressivos para AP, AE e PRE (Tabelas 65 a 66). Isto, devido à seleção para estes caracteres ter recebido menor atenção. Entretanto, observou-se uma tendência de ganhos positivos em quase todas as populações para AP, AE e PRE, tanto em RP quanto RV. Nos experimentos de RP verificaram-se ganhos negativos apenas nas populações NAP21 e NAP66 para AP. Para as condições de RV observaram-se ganhos negativos de AP apenas em NAP21 e NAP75. Apesar dos ganhos negativos e positivos, a seleção não promoveu alterações significativas no porte da planta para AP, AE e PRE.

Com relação aos caracteres %AC, %QUE e %AC+QUE, os critérios de seleção utilizados não promoveram alterações significativas para resistência ao acamamento e quebramento. Isto deve-se aos valores médios das progênies dentro das populações terem sido relativamente baixos para estes caracteres. Somente para o carácter %QUE nas populações NAP21, NAP47, NAP48, NAP49 e NAP66, nas quais as médias das progênies foram superiores a 10%, as porcentagens de ganhos com a seleção foram mais expressivas, da ordem de 2,1, 1,8, 16,0, -3,6 e - 5,5%, respectivamente. Também para o carácter FLOR não foram observados ganhos expressivos com a seleção. No entanto, houve uma tendência de ganhos negativos para FLOR, através dos critérios de seleção utilizados. Somente para a população NAP48 foi observado ganho positivo de 0,3%. Embora os resultados obtidos para %AC, QUE%, %AC+QUE e FLOR não tenham recebido maiores atenções nos critérios de seleção de progênies de IG, foram observadas condições favoráveis para seleção visando melhoramento destes caracteres.

4.2 Dialélico

4.2.1 Médias das populações e cruzamentos intervartais

Nas Tabelas 67 a 69 são apresentadas as médias individuais das populações NAP, e seus cruzamentos dialélicos e recíprocos, média geral dos tratamentos ($TRAT_{média}$), médias de testemunhas (T_1 e T_2) e coeficiente de variação experimental (CVe%) para os diferentes caracteres de sanidade, produção e vegetativos.

Para os caracteres de sanidade foram obtidos CVE% iguais a 24,7, 16,0, 18,1, 16,7, 87,8, 14,1 e 5,7% para POLY, PHYS, PHAE em RP e RV, %ED, CSTUN e ET, respectivamente. Estes CVE% estão dentro dos intervalos observados para os experimentos envolvendo progênies de IG. É importante lembrar que não foram realizadas transformações de notas e porcentagens (%ED). Os CVE% para os caracteres de produção foram relativamente baixos tanto em RP como RV, com valores abaixo de 11%. O mesmo pode ser observado para a maioria dos caracteres vegetativos, com exceção para %AC (161,4%); %QUE (93,1%) e %AC+QUE (178,4%). Estes valores elevados de CVE% podem ser justificados pelas mesmas razões já discutidas anteriormente para as progênies de IG.

As médias dos tratamentos estiveram entre 2,2 e 3,8 para POLY; 3,7 e 5,7 para PHYS; 3,8 e 6,2 para PHAE (RP) e 2,3 e 3,7 PHAE (RV); 0,54 e 19,37% para %ED; 1,0 e 1,2 para CSTUN e 1,9 a 2,2 para ET. Em média, os tratamentos se apresentaram como resistentes para POLY (2,8); medianamente resistentes para PHYS (4,7) e à PHAE (4,8) em RP e resistentes para PHAE (RV), ET e CSTUN. Entretanto, para ET e CSTUN, os níveis baixos de doença não permitem uma afirmação segura quanto ao padrão de resistência. Dos cem tratamentos avaliados, apenas sete deles apresentaram %ED acima de 8%, caracterizando um bom nível de resistência dos materiais avaliados para este caráter. Isto considerando-se o elevado rigor utilizado nesta avaliação, onde ao mínimo sinal de doença na espiga já se considerava uma espiga doente.

Para os caracteres de produção foram observadas médias de tratamentos para PEC entre 5,21 e 7,92 t/ha em RP e de 5,40 a 8,14 t/ha em RV; para PGC de 4,26 a 6,47 t/ha. Para NE/P o intervalo foi de 0,84 a 1,12 espigas/planta em RP. A testemunha T₁ apresentou produção de PEC de 8,73 t/ha em RP e 8,38 t/ha em RV; PGC igual a 6,99 t/ha e NE/P igual a 0,96. A testemunha T₂ apresentou na mesma ordem de caracteres: 5,86t/ha em RP e 7,57t/ha em RV; 4,71 t/ha e 1,01 espigas por planta.

Para as condições de RP, as porcentagens de produção média dos tratamentos para PEC, em relação às testemunhas, foram de 59,7 a 90,7% em %T₁ e de 88,9 a 135,2% em %T₂. É importante salientar que em relação a T₂, apenas a população NAP49 (88,9%) e o cruzamento NAP105xNAP97 (99,8%) apresentaram produção menor. Em média, os tratamentos apresentaram 79,6% e 118,6% da produção de PEC (RP) em relação a T₁ e T₂, respectivamente. Entretanto, para as condições de RV a porcentagem de produção média para PEC dos tratamentos em relação às testemunhas T₁ variou de 64,4 a 97,1%, e para T₂ de 71,3 a 107,5%. Em média os tratamentos apresentaram 80,79 e 89,43% dos valores de PEC (RV) obtidos por T₁ e T₂, respectivamente. A menor produção de T₂ em RP deve estar associada, dentre outros fatores, principalmente à sua maior suscetibilidade às ferrugens causadas por *P. polysora* e *P. zaeae*. De um modo geral, os níveis de produção obtidos pelas populações e seus cruzamentos podem ser considerados bons em relação aos observados pela testemunhas, que têm melhores condições para explorar a heterose.

Em relação aos caracteres vegetativos avaliados em RP, foram obtidas médias de tratamentos para AP, AE, PRE, %AC, %QUE e FLOR de 224 cm, 128 cm, 0,6, 7,1%, 7,3% e 65,3 dias, respectivamente. Em RV foram obtidas médias de tratamentos para AP, AE, PRE e %AC+QUE de 188 cm, 96 cm, 0,51 e 1,6%, respectivamente. Nas condições de RV foram observados bons valores médios para caracteres vegetativos, apresentando valor máximo de tratamento igual a 216 cm para AP, 116 cm para AE; 0,55 para PRE e 6,3% para %AC+QUE. No entanto, para as condições de RP foram observados valores de tratamentos entre 186 a 261 cm para AP, 100 a 156 cm para AE; 0,52 a 0,65 para PRE; 0,0 a 25,9% para %AC; 1,3 a 15,9% para

%QUE e de 61,9 a 68,1 dias para FLOR. Estes valores revelam que existe a necessidade de maiores esforços de melhoramento visando reduzir o porte da planta, %AC e %QUE, para as condições de RP. Todavia, a variabilidade dentro das populações observadas no estudo de progênie de IG revelam que existem boas condições para contornar este problema.

Na Tabela 70 são apresentados os resultados do teste t (student) para contraste de média dos tratamentos e a média das testemunhas T_1 e T_2 para diferentes caracteres avaliados em RP e RV. Apenas não foram detectadas diferenças significativas para o contraste $TRAT_{média}$ vs T_1 para os caracteres NE/P e PRE em RP e PRE em RV. Para o contraste $TRAT_{média}$ vs T_2 não foram observadas diferenças significativas para PHAE, NE/P, PRE em RP e ET, %AC+QUE e PRE em RV.

Em relação aos contrastes significativos, pode-se verificar melhores médias dos tratamentos em relação a T_1 apenas para os caracteres POLY (-0,2), %ED (-1,8%) e FLOR (-1,8 dias) em RP. Em relação a T_2 , as médias dos tratamentos foram melhores para POLY (-3,5), PHYS (-1,2), %ED (-1,17%), PEC (1,09 t/ha), PGC (1,00t/ha) em RP e PHAE (-0,3) em RV. Para os caracteres restantes, as testemunhas foram superiores à média dos tratamentos. Para PEC a testemunha T_1 produziu mais que a média dos tratamentos em cerca de 1,78 e 1,60 t/ha em RP e RV, respectivamente, e T_2 produziu mais que a média dos tratamentos em cerca de 0,80 t/ha apenas em RV. Merece destaque a superioridade da testemunha T_1 para PHAE, com 3,2 unidades de nota de intensidade da doença a menos que a média dos tratamentos, caracterizando elevado nível de resistência. Para todos os caracteres vegetativos, com exceção de FLOR, em relação a T_1 , a média dos tratamentos foi inferior as testemunhas tanto em RP como em RV. Este fato realça a necessidade de melhoramento para os caracteres vegetativos estudados.

4.2.2 Análises de variância das tabelas dialélicas com recíprocos

Os resultados das análises de variância dos dialelos 10x10 com recíprocos, contendo os quadrados médios dos efeitos (QM) com respectivos graus de liberdade e níveis de significância pelo teste F para os diferentes caracteres foram apresentados na Tabela 71. Diferenças altamente significativas ($P < 0,01$) entre tratamentos foram detectados para quase todos os caracteres (PHAE, %ED, PEC, PGC, NE/P, AP, AE, PRE, FLOR), menos para PHYS ($P < 0,05$) e os caracteres POLY, %AC e %QUE em RP e CSTUN, ET e %AC+QUE em RV com diferenças não significativas ($P > 0,05$). O desdobramento da soma de quadrados de tratamento em efeitos de variedade, heterose e recíproco permitem detectar diferença entre variedades, heterose entre os híbridos e a existência de efeitos dos cruzamentos recíprocos. O efeito de variedade está relacionado ao potencial da variedade per se; o efeito de heterose é função da divergência dos pais e dos efeitos de dominância e o efeito de recíproco está relacionado a herança extracromossômica e efeito materno.

Diferenças altamente significativas de variedades ocorreram para todos os caracteres que apresentaram significância para tratamento. Entretanto, os caracteres %QUE e %AC+QUE apresentaram efeitos significativos de variedade, sem ter apresentado significância para tratamentos. Justamente por isso, a significância dos efeitos de variedade para %QUE e %AC+QUE foram desconsideradas, pois a significância deste efeito ocorreu devido a nova distribuição do valor de F. Diferenças significativas entre as variedades mostram que estas não constituem um grupo homogêneo.

Para as estimativas de heterose total ($h_{ii'}$) foram detectados efeitos significativos em RP para PHAE, %ED, PEC, PGC e FLOR e, em RV, para PEC, AP, AE e PRE. A não detecção de efeitos $h_{ii'}$ significativos para PHAE em RV deve estar associada a menor severidade da doença neste local e com isso, uma menor expressão dos diferentes níveis de resistência. Por outro lado, a não detecção de significância para $h_{ii'}$ em RP para AP, AE e PRE deve estar associada ao menor número de repetições (2

repetições em RP e 6 em RV). Um menor número de repetições conduz a uma redução do QM de tratamentos, reduzindo o valor do F calculado e aumentando o F tabelado, devido à redução dos graus de liberdade. Para os caracteres PHYS e NE/P não houve significância de $h_{ii'}$, indicando que estes caracteres devem ser controlados predominantemente por componentes aditivos, não ocorrendo manifestação da heterose.

Com o desdobramento da soma de quadrados de heterose total ($h_{ii'}$), foi possível detectar efeitos significativos de heterose média de todos os cruzamentos ($\bar{h}$), heterose de variedade (h_i) e heterose específica ($s_{ii'}$). Houve significância no teste F para os seguintes caracteres: %ED, PEC (RP e RV); PGC, AP (RV), AE (RV), PRE (RP e RV) para $\bar{h}$; %ED, PEC (RP e RV), PGC, AP (RV) e AE (RV) para h_i ; PHAE (RP), PEC (RV), AP (RV), AE (RV), PRE (RV) e FLOR para $s_{ii'}$. A significância observada no caráter PRE (RP) para $\bar{h}$ deve ser desconsiderada, pelo fato do efeito de heterose ter sido não significativo para este caráter, o que indica que a significância foi devida a nova distribuição do valor de F.

Para PHYS observou-se significância na análise dialélica apenas para efeitos de variedades. Zoccoli (1998) também observou significância do teste F apenas para efeitos de variedade para este caráter. Estes resultados estão de acordo com o observado por Lima et al. (1998), que indicaram os efeitos aditivos como a fonte mais importantes de variação no controle da resistência genética à *P. zeae*. Uma ampla expressão dos efeitos aditivos sugerem que em um programa de melhoramento para desenvolvimento de híbridos de milho, cruzamentos contrastantes tendem a ser aproximadamente intermediários para resistência à ferrugem tropical, mas desvios de dominância ainda assim podem ocorrer.

A significância da heterose de variedade e heterose específica, para alguns caracteres, mostra que a heterose também pode ser explorada para o melhoramento visando PHAE e %ED, além dos já conhecidos caracteres de produção e vegetativos.

Efeitos significativos para $\bar{h}$, h_i e $s_{ii'}$ foram observados para os caracteres PEC, AP e AE, apenas para o ensaio em RV, indicando que houve manifestação da heterose e que esta se diferencia em cada cruzamento, ocorrendo combinações

específicas melhores de variedades entre os cruzamentos. A capacidade de combinação das variedades para estes caracteres contém um componente devido à heterose.

No dialélico de RP, foram observados efeitos significativos de $\bar{h}$ e h_i e não significativos para $s_{ii'}$ para %ED, PEC e PGC. Estes resultados indicam que houve manifestação da heterose e que esta se diferencia para cada cruzamento, mas não houve combinações específicas de variedades ($s_{ii'}$) significativamente melhores entre os cruzamentos. A ocorrência de efeitos significativos de $\bar{h}$ e h_i e não significativos para $s_{ii'}$ neste experimento, sugerem a mesma tendência de efeitos significativos apresentada por Vencovsky (1970) e Môro (1987) para caracteres de produção em populações de milho. A capacidade de combinação das variedades para estes caracteres contém um componente devido à heterose. Estes resultados indicam que a heterose não foi a mesma para todas as variedades, embora a variação não tenha sido causada por $s_{ii'}$.

Os caracteres PHAE e FLOR avaliados em RP apresentaram apenas efeitos significativos de $h_{ii'}$ e $s_{ii'}$. Segundo Vencovsky (1970), no caso de dominância unidirecional, a significância de h_i e $s_{ii'}$, ou um deles, implica na significância de $\bar{h}$. Para o caráter %ED foi observada dominância com sentido unidirecional para resistência. Entretanto, isto não ocorreu para PHAE e FLOR, o que indica que os possíveis efeitos de dominância não sejam unidirecionais, tendo efeitos de dominância em alguns locos para aumento da suscetibilidade a *P. maydis* e dias para florescimento e, outros, para aumento da resistência e redução dos dias necessários para florescimento.

Das et al. (1989a,b) obtiveram resultados indicando que a variância dominante teve maior importância que a variância aditiva na expressão de PHAE. Em função disso, sugerem seleção recorrente para capacidade específica de combinação como forma de aumentar a resistência nas populações. Entretanto, Zoccoli (1998) obteve resultados indicando que os efeitos aditivos foram mais importantes para reação à doença causadas por *P. maydis*, que os efeitos de dominância, não havendo manifestação de heterose para este caráter. A superioridade dos efeitos dominantes sobre os aditivos para variação de PHAE não pôde ser evidenciada no presente trabalho, mas existem fortes

indicativos de que os efeitos devidos a dominância foram importantes em algumas situações (no ensaio dialélico de RP e no top-crosses de RV).

Para PRE avaliado em RV foram observados efeitos significativos somente de h_{ii} , $\bar{h}$ e s_{ii} , indicando que mesmo assim existe variação suficiente nos efeitos heteróticos dos cruzamentos para este caráter.

Efeitos significativos de recíprocos foram observados em RP apenas para NE/P. Em RV foram detectados efeitos de recíprocos para PEC, AP, AE e PRE. Os efeitos significativos de recíprocos em RV se devem a uma maior precisão e, por conseguinte, menor quadrado médio do erro. Isto pode ser melhor evidenciado comparando os quadrados médios de efeitos recíprocos e do erro obtidos para o caráter PEC em RP e RV. Para os caracteres de sanidade não foram observados significância para recíprocos, o que indica que para PHAE, PHYS e %ED, a herança da resistência é basicamente cromossômica. No entanto, para POLY, ET e CSTUN, a falta de efeitos significativos de tratamentos não permite fazer a mesma afirmação. A importância dos efeitos recíprocos para PEC está relacionada à produção de híbridos intervarietais, permitindo a escolha adequada de qual variedade deve ser utilizada como fêmea ou macho. Porém, para a síntese de compostos, a importância relativa deste efeito recíproco não é tão relevante. De acordo com Miranda Filho (1995), na maioria dos casos, os efeitos de cruzamentos recíprocos para produção de milho ao nível de população têm sido apresentados na literatura como sendo não significativo. O mesmo pôde ser observado nas análises dos dialelos deste trabalho para os diferentes caracteres.

4.2.3 Análise conjunta dos ensaios dialélicos

Na Tabela 72 são apresentados, de forma resumida, os resultados da análise conjunta dos ensaios de cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos, avaliados em RP e RV, para PHAE, PEC, AP, AE, PRE e %AC+QUE.

Foram detectados efeitos altamente significativos de local para todos os caracteres avaliados. A média do ensaio de RP foi maior que a de RV para todos os

caracteres. As condições de RP permitiram uma maior expressão da variabilidade dos materiais e potencial genético para este caráter, sendo observadas diferenças maiores entre a média dos tratamentos com valores extremos, menos para PEC. A diferença dos extremos para PEC foi muito semelhante entre locais, sendo de aproximadamente 2,70 t/ha.

Foram detectadas diferenças altamente significativas entre os tratamentos, exceto para %AC+QUE. Interações de tratamento x local altamente significativas foram observadas para quase todos os caracteres, com exceção para PRE. A interação significativa para PHAE não foi tão perturbadora para a seleção, devido à baixa intensidade da doença em RV, não discriminando adequadamente os tratamentos para resistência.

4.2.4 Estimativas dos parâmetros do modelo de Gardner & Eberhart

As estimativas de parâmetros do modelo de Gardner & Eberhart (1966) são apresentadas e discutidas em grupos de caracteres de sanidade, produção e vegetativos, separadamente. São focalizados principalmente os caracteres que apresentaram efeitos significativos para os parâmetros do modelo. Contudo, para os caracteres de sanidade serão discutidos alguns resultados mais relevantes, embora não tenham sido detectadas diferenças estatisticamente significativas.

Segundo Vencovsky (1970), a interpretação dos parâmetros em termos genéticos é a seguinte:

- a) A heterose média ($\bar{h}$) é função linear da dominância (d_i) e da variância das frequências gênicas entre as variedades (σ_{ip}^2), em cada loco. Contribuirão mais para a heterose média os locos que apresentarem maior dominância e para os quais as variedades diferiram nas frequências gênicas $\{ \bar{h} = 2 \left[(n / (n - 1)) \sum_i \sigma_{ip}^2 d_i \right] \}$;

- b) A heterose de variedade (h_i) é medida como desvios em torno de $\bar{h}$
- $$\{ h_i = [(n/(n-2)) \left[\sum_j (\bar{p}_{ji} - \bar{p}_{..})^2 d_{ij} - \sum_j \sigma_{ip}^2 d_{ij} \right] \}, \text{ onde } p_{ji} \text{ é a frequência de um alelo}$$
- no i-ésimo loco na variedade j. Valores negativos serão os das variedades que apresentarem menor diversidade em relação ao conjunto de variedades ensaiadas, valores positivos ocorrem para três tipos de variedades: i) as que tiverem muitos locos com alta frequência gênica; ii) as que tiverem muitos locos com baixa frequência gênica; e iii) as que apresentarem maior dispersão da frequência gênica em relação à frequência gênica média nos locos;
- c) Capacidade geral de combinação (g_i) dependem do tamanho do dialélico, da estrutura genética da variedade em questão e da estrutura das variedades inter cruzadas no dialélico. O parâmetro g_i é eficiente para discriminar variedades (segundo a sua frequências gênicas) somente na parte que depende dos efeitos aditivos dos homozigotos;
- d) A heterose específica ($s_{ii'}$) depende do tamanho do dialélico, da heterose média, e da parte heterótica da capacidade geral de combinação das variedades, além da medida de diversidade genética entre as variedades, tomadas duas a duas. Essa divergência refere-se às frequências gênicas dos locos com dominância.

4.2.4.1 Estimativas de parâmetros de sanidade

Estimativas de parâmetros negativos para os caracteres de sanidade são altamente desejáveis, pois representam redução nos níveis de doença. Merecem destaque as populações NAP128 e NAP75, que apresentaram as maiores estimativas de v_i para POLY com valores iguais a 0,65 e 0,35, respectivamente (Tabela 73). A média de notas de NAP128 e NAP75 estão entre resistente e medianamente resistente, e a das demais populações estão na faixa considerada resistente. As populações NAP97, NAP48, NAP47, NAP114 e NAP105 apresentaram as menores estimativas de v_i , em ordem decrescente para POLY (Tabela 73). Embora não tenham sido detectadas diferenças

significativas pelo teste F para POLY, estas populações apresentaram uma tendência para menor suscetibilidade em relação à média geral das populações.

As populações NAP49, NAP75, NAP105 e NAP66 foram as que apresentaram as melhores médias para PHYS, com valores negativos de $\hat{v}_{i's}$ menores que -0,40, indicando bom potencial para melhoramento *per se* visando resistência (Tabela 73). Por outro lado, as populações NAP21 e NAP128 foram as piores, com valores de $\hat{v}_{i's}$ iguais a 0,89 e 0,49, respectivamente.

Para PHAE em RP, as populações NAP97, NAP66, NAP114, NAP47, NAP75 e NAP48 apresentaram $\hat{v}_{i's}$ negativos, sugerindo bom potencial para melhoramento *per se* visando resistência (Tabela 73). No entanto, NAP128, NAP49 e NAP21 apresentaram $\hat{v}_{i's}$ positivos e maiores que 0,8, indicando maior suscetibilidade em relação às demais populações. Para as condições de RV, estimativas negativas e menores de v_i foram obtidas para NAP114, NAP66, NAP97, NAP75 e NAP48 (Tabela 74). Observando as estimativas de $v_{i's}$ de ambos os locais, pode-se notar um comportamento consistentemente melhor das populações NAP48, NAP66, NAP75, NAP97 e NAP114 para PHAE, com valores de $\hat{v}_{i's}$ negativos.

A população NAP49 apresentou o maior valor de $\hat{v}_i$ para %ED (12,98%), indicando uma elevada suscetibilidade à doença da espiga. Também apresentaram $\hat{v}_{i's}$ positivos as populações NAP97 e NAP75, com valores de 2,07 e 0,78%, em ordem. As demais populações apresentaram $\hat{v}_{i's}$ negativos, merecendo destaque para %ED NAP21 e NAP48 (Tabela 73).

Nas Tabelas 73 e 74 também são apresentados os valores da heterose média para os caracteres de sanidade. Estimativa com efeito significativo de $\bar{h}$ foi obtida para %ED com valor igual a -2,02%. Este resultado mostra que em média os híbridos das populações foram 2,02% mais resistentes para %ED que as populações parentais.

As estimativas de heterose de variedade (h_i) para caracteres de sanidade foram apresentadas nas Tabelas 73 e 74, para RP e RV respectivamente. Também neste caso somente foram detectadas diferenças significativas entre as estimativa de h_i para

%ED. Valores negativos de $\hat{h}_{is}$ para %ED foram observados para as populações NAP49, NAP75 e NAP97, com valores de -5,46, -1,62 e -1,10%, respectivamente. Os maiores valores de $\hat{h}_{is}$ foram 2,23 e 2,01% obtidos para NAP21 e NAP48, respectivamente. Observando os resultados obtidos de $\hat{v}_i$ e $\hat{h}_r$ para %ED pode-se verificar que, em média os cruzamentos envolvendo NAP49, NAP75 e NAP97 com as demais populações, conduziram a uma maior resistência em relação ao desempenho médio destas populações *per se*. Entretanto, para os cruzamentos envolvendo NAP21 e NAP48 foi verificado um comportamento inverso ao apresentado anteriormente.

Nas Tabelas 75 e 76 são apresentadas as respectivas maior e menor estimativas de s_{ii}' para os caracteres de sanidade. Unicamente para PHAE, avaliada em RP, foram detectados efeitos significativos para s_{ii}' . Os cruzamentos NAP47xNAP97, NAP114xNAP128, NAP47xNAP75, NAP47xNAP66, NAP49xNAP105, NAP21xNAP105, NAP21xNAP97 e NAP21xNAP49 apresentaram estimativas de s_{ii}' negativas para PHAE (RP), variando de -0,3 a -0,6, indicando que estes cruzamentos específicos resultaram em aumento da resistência a PHAE em RP. Entretanto, os cruzamentos NAP47xNAP105, NAP47xNAP128, NAP48xNAP97, NAP49xNAP128, NAP21xNAP47 e NAP21xNAP75 resultaram em estimativas de s_{ii}' entre 0,3 e 0,6, indicando que estes cruzamentos específicos acarretaram um aumento da suscetibilidade a PHAE (RP).

Embora não se tenham detectado efeitos significativos de s_{ii}' para POLY, os cruzamentos NAP21xNAP48, NAP21xNAP105, NAP66xNAP75 e NAP47xNAP97 apresentaram $\hat{s}_{iis}$ variando de -0,3 a -0,4. Em contra partida, os cruzamentos NAP21xNAP66, NAP21xNAP128, NAP21xNAP114, NAP48xNAP97 e NAP75xNAP97 apresentaram $\hat{s}_{iis}$ positivos variando de 0,3 a 0,4. Para PHYS, os valores extremos de $\hat{s}_{iis}$ foram obtidos pelos cruzamentos NAP66xNAP114 (-0,3) e NAP66xNAP75 (+0,4), sendo os demais muito semelhantes entre si. As estimativas de s_{ii}' extremas para %ED foram obtidas pelos cruzamentos NAP49xNAP66 (-3,37%) e NAP75xNAP105 (3,16%).

As estimativas de heterose total ($h_{ii'}$) para o dialélico de RP e RV foram apresentadas nas Tabelas 77 e 78. Embora não significativos estatisticamente, os cruzamentos NAP21xNAP105, NAP48xNAP75, NAP49xNAP128, NAP66xNAP75 e NAP75xNAP128 apresentaram os melhores valores de $\hat{h}_{ii'}$ para POLY entre - 0,50 e -0,85. Os cruzamentos NAP21xNAP66, NAP49xNAP97, NAP48xNAP97 e NAP21xNAP114 apresentaram as piores estimativas de $h_{ii'}$, sendo iguais a 0,35, 0,35, 0,40 e 0,50, respectivamente.

Para PHYS, embora os efeitos $h_{ii'}$ não tenham sido significativos, os cruzamentos NAP21xNAP128, NAP21xNAP47, NAP21xNAP97, NAP128xNAP47, NAP128xNAP97, NAP47xNAP97 e NAP97xNAP105 apresentaram valores de $\hat{h}_{ii'}$ iguais ou menores que - 0,5. Os cruzamentos NAP66xNAP75 e NAP48xNAP75 apresentaram as maiores estimativas positivas de $h_{ii'}$ para PHYS com valor igual a 0,60 e 0,25, respectivamente.

Foram detectadas estimativas de $h_{ii'}$ para PHAE em RP com diferenças significativas. Os cruzamentos NAP21xNAP49, NAP48xNAP49, NAP48xNAP128, NAP49xNAP105 e NAP128xNAP114 apresentaram estimativas negativas entre - 0,50 e - 0,85. Já os cruzamentos NAP21xNAP47, NAP75xNAP97, NAP128xNAP47, NAP47xNAP105, NAP47xNAP114 e NAP97xNAP105 apresentaram estimativas de $h_{ii'}$ positivas entre 0,50 e 1,35. Entretanto, as estimativas de $h_{ii'}$ para PHAE em RV foram não significativas, com valores entre - 0,42 (NAP21xNAP48) e 0,38 (NAP47xNAP114).

Para %ED também foram detectadas diferenças significativas para $h_{ii'}$. Os cruzamentos que mais se destacaram, com redução da %ED entre - 3,48% e - 10,76% foram NAP75xNAP128, NAP75xNAP97 e NAP75xNAP114 e dos cruzamentos de NAP49 com as demais populações. Nenhum dos cruzamentos resultaram em $\hat{h}_{ii'}$ positivos maiores que 1,64% ao nível absoluto de estimativas. Houve uma tendência de reduzir a %ED das populações em cruzamentos.

Nas Tabelas 79 e 80 foram apresentadas as estimativas de capacidade geral de combinação (g_i) para os caracteres de sanidade. Para POLY foram obtidas

estimativas de pequena magnitude, sendo negativas para NAP48, NAP49, NAP66, NAP75 e NAP105. Para PHYS foram obtidas estimativas negativas para NAP49, NAP75, NAP97 e NAP105, com destaque para NAP49 com o menor valor de $\hat{g}_i$ (-0,43). Entretanto, as demais estimativas em módulo não ultrapassaram 0,24. As populações NAP48, NAP66, NAP75, NAP97 e NAP114 apresentaram estimativas de $g_{i's}$ negativas entre - 0,13 e - 0,37 para PHAE em RP. Destas populações, somente NAP75 não apresentou estimativas de $g_{i's}$ negativas em RV. Para %ED foram observadas $\hat{g}_{i's}$ negativas nas populações NAP21, NAP66, NAP75, NAP97 e NAP114. Através do apresentado anteriormente, pode-se notar que apenas NAP128 e NAP47 apresentaram $\hat{g}_{i's}$ positivos para todos os caracteres de sanidade, sugerindo menor capacidade geral de combinação para resistência. Como as estimativas de efeitos de g_i proporcionam informações sobre a concentração de genes predominantemente aditivos em seus efeitos, as populações com efeitos $\hat{g}_{i's}$ negativos para os caracteres de sanidade revelam um grande potencial para formação de compostos visando resistência genética a doenças.

4.2.4.2 Estimativas de parâmetros de produção

Ao contrário do que se vinha apresentando para os caracteres de sanidade, as estimativas de parâmetros v_i , $h_{ii'}$, $\bar{h}$, h_i e $s_{ii'}$ positivas tem conotação favorável para os caracteres de produção.

Para PEC em RP (Tabela 73), NAP21, NAP48, NAP75, NAP47, NAP97 e NAP114 apresentaram estimativas positivas de v_i e, em RV (Tabela 74), apenas NAP21, NAP48, NAP47 e NAP97. Houve consistência para melhor desempenho das populações NAP21, NAP48, NAP47 e NAP97 para PEC através dos locais. Foram obtidas estimativas positivas de v_i para PGC nas populações NAP21, NAP48, NAP75, NAP47, NAP97 e NAP114. Para o caráter NE/P, somente as populações NAP21, NAP75, NAP128 e NAP105 apresentaram $\hat{v}_{i's}$ positivos. Resultados expressivos e

positivos de $\hat{v}_{i's}$ observados para as populações citadas anteriormente sugerem que estas apresentam maior potencial de uso *per se*, que as demais aqui avaliadas.

Nas Tabelas 73 e 74 são apresentadas as estimativas de heterose média ($\bar{h}$) e heterose de variedade (h_i) para os caracteres de produção. Foram obtidas estimativas significativas de $\bar{h}$ para PEC em RP e RV, e para PGC com valores de 0,528, 0,726 e 0,481 t/ha, respectivamente. Estes de valores $\bar{h}$, na mesma ordem, estão dentro da faixa apresentada por Vencovsky et al. (1988) e correspondem a 8,15%, 11,86% e 9,13%.

Quanto as estimativas de heterose de variedade (h_i) positivas para produção merecem destaque NAP49, com estimativas de h_i iguais a 0,620 e 0,571 t/ha e NAP66 com 0,415 e 0,320 t/ha para PEC em RP e RV, respectivamente. Também para PGC foi notória a superioridade de $\hat{h}_i$ para as populações NAP49 (0,576 t/ha) e NAP66 (0,391 t/ha) (Tabela 73 e 74). As combinações híbridas mais heteróticas para produção serão dadas pelo uso destas populações, cujos valores de $\hat{h}_i$ foram os de maiores magnitudes. Entretanto, as populações NAP49 e NAP66 foram as que apresentaram os menores valores de PEC e PGC em relação as demais.

As estimativas dos efeitos de heterose específica ($s_{ii'}$) para os caracteres de produção em RP e RV foram apresentadas nas Tabela 75 e 76. Apenas para PEC em RV foram detectados efeitos significativos de heterose específica ($s_{ii'}$). Em RV, os cruzamentos NAP49xNAP66, NAP21xNAP128, NAP97xNAP128, NAP75xNAP114, NAP48xNAP66 e NAP66xNAP105 destacaram-se, com valores de $\hat{s}_{ii's}$ positivos e iguais a 0,681, 0,510, 0,410, 0,378, 0,303 e 0,303 t/ha, respectivamente. Os cruzamentos NAP49xNAP75, NAP66xNAP128 e NAP66xNAP114 destacaram-se com as piores estimativas de $s_{ii'}$, com valores negativos de -0,618; -0,581 e -0,287 t/ha, em ordem. Para as condições de RP, embora não tenham sido detectados efeitos significativos de $s_{ii'}$, o cruzamento NAP21xNAP97 apresentou valores de $\hat{s}_{ii'}$ iguais a 0,490 t/ha para PEC e 0,439 t/ha para PGC. O cruzamento NAP97xNAP105 apresentou valores de - 0,619 t/ha para PEC e - 0,500 t/ha para PGC, representando os extremos das estimativas calculadas

para $s_{ii'}$. Os resultados positivos e significativos para alguns cruzamentos específicos indicam uma maior divergência entre as populações dos cruzamentos para locos dominantes, que podem ser utilizados para explorar melhor a heterose.

Segundo Môro (1987), efeitos significativos de heterose específica tem maior chance de ser detectados quando as variedades representam populações já fortemente submetidas a seleção. Este autor, observou efeitos significativos de $s_{ii'}$ em dialélicos de sintéticos de milho. Normalmente, os trabalhos da literatura apresentam efeitos significativos de $s_{ii'}$ apenas quando se utilizam linhagens. Também Vencovsky (1970), afirma que em cruzamentos interpoblacionais, raramente os efeitos de heterose específica são importantes.

Nas Tabelas 77 e 78, são apresentadas todas as estimativas de heterose total ($h_{ii'}$) para PEC nos locais. Foram obtidas estimativas de $h_{ii'}$ para PEC em RP acima de 0,850 t/ha para os cruzamentos de NAP49 com NAP21, NAP48, NAP66, NAP128, NAP47, NAP97, NAP105 e NAP114, e da população NAP66 com NAP21, NAP48, NAP49, NAP128, NAP97 e NAP105, e do cruzamento de NAP21 com NAP97. Para PGC em RP, as estimativas de $h_{ii'}$ acima de 0,790 t/ha foram observadas para os mesmos cruzamentos anteriormente citados para PEC (RP). Apenas foram obtidos $\hat{h}_{iis}$ negativos para PEC e PGC nos cruzamentos de NAP48xNAP75; NAP48xNAP46; NAP75xNAP47; NAP75xNAP114, NAP47xNAP114, NAP97xNAP105 e NAP97xNAP114 em RP. Para as condições de RV, estimativas de $\hat{h}_{iis}$ para PEC acima de 0,840 t/ha foram obtidas pelos cruzamentos da população NAP49 com NAP21, NAP48, NAP66, NAP128, NAP47, NAP97, NAP105 e NAP114, da população NAP66 com NAP48, NAP75, NAP97, NAP105 e da população NAP75 com NAP128, NAP97, NAP114 e dos cruzamentos NAP21xNAP128, NAP75xNAP128, NAP75xNAP97, NAP75xNAP114, NAP128xNAP97 e NAP128xNAP114. O único cruzamento que resultou em $\hat{h}_{ii'}$ negativo foi NAP48xNAP97 para as condições de RV. Em ambos os locais, as populações NAP49 e NAP66, quando cruzadas entre si ou com outras populações, apresentaram os maiores valores de $\hat{h}_{ii'}$ para PEC. Os valores máximos de

$\hat{h}_{i^*}$ para PEC em ambos os locais foram obtidos pelo cruzamento NAP49xNAP66, com valores de 1,597 e 2,296 t/ha em RP e RV, respectivamente. Estes resultados realçam o elevado potencial heterótico alcançado quando as populações foram cruzadas com NAP49 e NAP66.

Segundo Souza Júnior (1981), o comportamento de um híbrido interpopulacional representa o comportamento médio de todos os seus possíveis híbridos simples provenientes do cruzamento entre linhagens das duas populações parentais, pois os genes das linhagens, que originam o híbrido simples, são funções das frequências destes genes nas variedades de onde foram obtidos. Deste modo, se um híbrido interpopulacional for altamente produtivo, existe uma grande chance de se obterem híbridos de linhagens (simples, triplos e duplos) superiores ao híbrido interpopulacional.

Nas Tabelas 79 e 80 são apresentadas as estimativas para capacidade geral de combinação (g_i) para os caracteres de produção. Valores positivos de $\hat{g}_i$ para PEC (RP) foram obtidos pelas populações NAP21, NAP48, NAP66, NAP97 e NAP114, e para PGC pelas populações NAP21, NAP48, NAP49, NAP66, NAP97 e NAP114. Note-se que apenas NAP49 não apresentou estimativas positivas para ambas variáveis PEC e PGC em RP. Para as condições experimentais de RP, as populações que apresentaram maiores valores positivos de $\hat{g}_i$ foram NAP21, com estimativas de 0,304 e 0,227 t/ha e NAP48 com $\hat{g}_{i^*s}$ de 0,186 e 0,136 t/ha para PEC e PGC, respectivamente. Em RV, as populações que apresentaram valores positivos de $\hat{g}_i$ foram NAP21, NAP48, NAP49, NAP97 e NAP114. Neste local, os maiores valores de $\hat{g}_{i^*s}$ para PEC foram obtidos por NAP49 e NAP97, com estimativas de 0,294 e 0,211 t/ha.

As populações NAP75, NAP128, NAP47 e NAP105 apresentaram $\hat{g}_{i^*s}$ negativos em ambos os locais, caracterizando uma menor capacidade geral de combinação.

As estimativas de efeitos da capacidade geral de combinação proporcionam informações sobre a concentração de genes predominantemente aditivos em seu efeito. As populações com $\hat{g}_{i^*s}$ positivos representam as melhores opções para

síntese de compostos. Por isso, somente estas serão levadas em consideração para predição de compostos, a partir das médias dos dialélicos em um tópico subsequente.

4.2.4.3 Estimativas de parâmetros dos caracteres vegetativos

Neste item serão apresentadas e discutidas apenas as estimativas dos parâmetros obtidos para AP, AE, PRE e FLOR, devido serem os únicos caracteres vegetativos com efeitos significativos de tratamentos.

Assim como para os caracteres de sanidade, os parâmetros negativos obtidos para os caracteres vegetativos são altamente desejáveis nestes experimentos, pois apresentam o efeito de reduzir o porte da planta e aumentar a precocidade.

As estimativas de efeitos de variedade (v_i) para caracteres vegetativos foram apresentadas nas Tabelas 73 e 74. As menores estimativas de v_i para AP e AE são observadas para NAP49, NAP75 e NAP105 em RP e RV. Para ambos os locais, as piores estimativas de $v_{i's}$ para AP e AE foram obtidas por NAP66 e NAP114.

Para PRE, as menores $\hat{v}_{i's}$ foram observados para NAP49, NAP75 e NAP105 em RP e para NAP75 e NAP105 em RV. Os maiores $\hat{v}_{i's}$ foram obtidos por NAP66 e NAP114. Estes resultados caracterizam o mau desempenho relativo de NAP66 e NAP114 para os caracteres AP, AE e PRE.

Os efeitos de variedades mais expressivos para FLOR foram observados em NAP49, NAP66 e NAP75, com valor máximo de -2,8 dias, mostrando que a diferença de dias para florescimento entre as populações foi muito pequena.

Nas Tabela 73 e 74 são apresentadas as estimativas de heterose média ($\bar{h}$) para RP e RV. Entretanto, estimativas significativas de $\bar{h}$ foram obtidas apenas para os caracteres AP, AE e PRE, avaliados em RV. Os resultados obtidos mostram que a média de AP e AE dos híbridos foi cerca de apenas 2 cm maior que a média das populações.

Efeitos significativos de heterose de variedade (h_i) foram detectados somente para os caracteres AP e AE, avaliados em RV (Tabela 71). As populações

NAP21 e NAP47 apresentaram os menores $\hat{h}_{is}$ para AP (Tabela 74), mas apenas para NAP47 observou-se efeito de h_i para AE expressivo. Por outro lado, NAP49 e NAP66 apresentaram as maiores $\hat{h}_{is}$ para AP e AE. A elevada heterose produzida pelo cruzamento de NAP49 e NAP66 com as demais populações para produção deve resultar em um aumento do vigor dos híbridos e do porte das plantas. É importante salientar que NAP49 apresentou a menor média de AP e AE em ambos os locais e NAP66 as maiores médias.

Embora não se tenha detectado significância para AP e AE em RP para h_i , as populações NAP47 e NAP49 se destacaram com um dos menores e maiores estimativas de h_i , com valores de AP iguais a -5,3 e 7,7 cm e para AE iguais a -4,9 e 8,7 cm, respectivamente (Tabela 73).

Na Tabela 76 são apresentadas estimativas máximas e mínimas de AP, AE e PRE com efeitos significativos para heterose de específica ($s_{ii'}$) para RV. As menores $\hat{s}_{iis}$ para porte da planta foram observadas no cruzamento NAP128xNAP105 e NAP49xNAP75 e as maiores estimativas nos cruzamentos NAP48xNAP47 e NAP49x105. Embora tenham sido detectados efeitos significativos de PRE para $\hat{s}_{iis}$ os seus efeitos não ultrapassaram em módulo valores de 0,015.

As estimativas de heterose total ($h_{ii'}$) para AP, AE e PRE avaliadas em RP e RV foram apresentadas nas Tabelas 77 e 78. Somente foram detectados efeitos significativos $h_{ii'}$ para as condições experimentais de RV. Para AP em RV, os cruzamentos de NAP49 com NAP21, NAP48, NAP66, NAP128, NAP105, NAP114 e de NAP66 com NAP48, NAP75, NAP105 e NAP75xNAP128 e NAP75xNAP114 apresentaram $\hat{h}_{iis}$ positivos com valores entre 5,2 e 14,3 cm e os cruzamentos de NAP47 com NAP21, NAP75, NAP128, NAP97, NAP114 resultaram em $\hat{h}_{iis}$ negativos de -5,3 a -6,8 cm. Entretanto, para AE em RV, apenas os cruzamentos de NAP49 com NAP21, NAP66, NAP128, NAP105, NAP114 e de NAP66 com NAP75, NAP128, NAP97 e NAP105 e de NAP75xNAP114 e NAP75xNAP128 apresentaram $\hat{h}_{iis}$ acima de 5,0 cm e

os cruzamentos NAP47xNAP75 e NAP47xNAP97 apresentaram $\hat{h}_{ii's}$ negativos inferiores a -5,0 cm. Apresentaram efeitos positivos de $\hat{h}_{ii'}$ para PRE com valores positivos de aproximadamente 0,02 os cruzamentos de NAP49 com NAP21, NAP128 e NAP105 e de NAP66 com NAP21, NAP128, NAP97, NAP105 e NAP75 com NAP128 e NAP114 e os cruzamentos NAP21xNAP114 e NAP48xNAP128. O cruzamento NAP47xNAP75 obteve $\hat{h}_{ii'}$ para PRE igual - 0,02, sendo um dos resultados mais expressivos para este caráter.

Foram observadas $\hat{h}_{ii's}$ com magnitudes maiores para AP, AE e PRE em RP. Entretanto, não foram detectadas significâncias de efeitos de $h_{ii's}$ devido à maior magnitude do QM do erro. Todavia, merecem destaque para porte da planta os cruzamentos NAP49 com NAP21, NAP48, NAP97 e NAP114 e NAP66xNAP105, com $\hat{h}_{ii's}$ entre 8,5 a 21,3 cm para AP, e $\hat{h}_{ii's}$ entre 10,0 a 21,0 cm para AE e os cruzamentos NAP66xNAP114, NAP75xNAP47, NAP128xNAP47, NAP47xNAP114 e NAP97xNAP114, com $\hat{h}_{ii's}$ entre -14,3 a -26,3 cm para AP e de -8,0 a -15,0 cm para AE. Em relação ao caráter PRE, apenas quatro cruzamentos apresentaram $\hat{h}_{ii's}$ negativos, sendo os cruzamentos NAP21xNAP97 (-0,01) e NAP75xNAP97 (-0,01) os mais relevantes. Entretanto, foram observados $\hat{h}_{ii's}$ positivos entre, aproximadamente, 0,04 a 0,06 para os cruzamentos entre NAP49 com NAP21, NAP48, NAP66, NAP75, NAP128 e NAP114, e de NAP66 com NAP128 e NAP105.

As estimativas de capacidade geral de combinação (g_i) para AP, AE e PRE foram apresentados nas Tabelas 79 e 80. Para AP e AE, as menores $\hat{g}_{i's}$ foram obtidos pelas populações NAP49, NAP75, NAP47 e NAP105 em RP e RV. Por outro lado, NAP66 e NAP114 destacaram-se com as maiores $\hat{g}_{i's}$ para AP e AE em RP e RV.

De um modo geral, o aumento de AP, AE e PRE, observado nos cruzamentos envolvendo NAP49 está muito mais relacionado ao aumento do vigor e poder heterótico, que aos efeitos aditivos para maior altura da planta. Porém, o aumento

do porte da planta em cruzamentos envolvendo NAP66 está mais relacionado ao maior porte desta população, e em menor proporção ao vigor heterótico em cruzamentos.

4.2.5 Efeitos de cruzamentos recíprocos

Foram observadas significâncias de efeitos recíprocos para os caracteres PEC, AP, AE e PRE avaliados em RV e NE/P em RP (Tabela 71). A não detecção de efeitos significativos de recíprocos em RP foi devida a uma menor precisão experimental neste local (maior QM do erro), uma vez que os quadrados médios de recíprocos foram praticamente iguais nos dois locais.

Nas Tabelas 67 a 69 são apresentadas as médias dos cruzamentos para cada caráter avaliado em RP e RV. Como uma convenção, considera-se que na representação de um cruzamento qualquer, a variedade citada primeiro (a esquerda), sempre representa a fêmea do cruzamento e a citada a seguir o macho (a direita). A mesma convenção foi utilizada neste trabalho. Desta forma, pode-se verificar que, para as condições de RV, os treze cruzamentos NAP114xNAP21, NAP128xNAP66, NAP97xNAP49, NAP47xNAP128, NAP48xNAP128, NAP114xNAP49, NAP47xNAP49, NAP66xNAP49, NAP47xNAP66, NAP66xNAP48, NAP128xNAP105, NAP47xNAP114 e NAP97xNAP48 produziram cerca de 1,12 a 0,55 t/ha a mais que os seus cruzamentos recíprocos.

Para AP em RV, os cruzamentos NAP21xNAP75, NAP114xNAP21, NAP48xNAP49, NAP66xNAP49, NAP114xNAP75, NAP47xNAP128 e NAP128xNAP105 foram cerca de 10 cm mais altos que os recíprocos. Um aumento semelhante para AE foi observado para os cruzamentos NAP114xNAP21 e NAP114xNAP75 em relação aos seus recíprocos. Para o caráter PRE observou-se que os cruzamentos NAP114xNAP21, NAP48xNAP128, NAP97xNAP49, NAP75xNAP105 e NAP114xNAP75 apresentaram média cerca de 0,03 maior que os seus respectivos recíprocos.

Os cruzamentos NAP114xNAP21, NAP48xNAP49, NAP66xNAP48, NAP48xNAP47, NAP66xNAP47, NAP66xNAP97 e NAP97xNAP128 produziram de 0,09 a 0,13 espigas a mais por planta (NE/P) que os seus respectivos cruzamentos recíprocos em RP. Isto pode significar um incremento de 9 a 13% no número de espigas produzidas.

Estes efeitos significativos de recíprocos podem auxiliar na produção de híbridos intervarietais que explorem melhor a heterose.

4.3 Ensaios de cruzamentos “top-crosses”

4.3.1 Médias das populações e cruzamentos “top-crosses”

Nas Tabelas 81 a 83 são apresentadas as médias das populações genitoras e dos seus cruzamentos “top-crosses” individuais, média geral dos “top-crosses” ($TOP_{média}$), média da testemunhas T_1 e T_2 e os coeficientes de variação experimental (CVe%) para os diferentes caracteres de sanidade, produção e vegetativos.

Para os caracteres de sanidade foram obtidos coeficientes de variação (CVe%) de 26,8, 14,4, 16,2, 14,4, 80,9, 7,3 e 11,6% para POLY, PHYS, PHAE em RP e RV, %ED, CSTUN e ET, respectivamente. Os CVe% obtidos para os ensaios de “top-crosses” foram muito semelhantes aos dos ensaios dialélicos e, também, dentro das amplitudes observados para os experimentos com IG. Estes CVe% foram obtidos através da análise direta dos dados sem transformação. Os CVe% para os caracteres de produção ficaram entre 8,9 e 13,7%, o que pode ser considerado relativamente baixo, representando uma boa precisão experimental. Com relação aos caracteres vegetativos foram observados valores elevados para %AC (175,0%) e %QUE (100,3%) e relativamente baixos para AP (4,3%), AE (6,8%) PRE (3,9%) e FLOR (2,2%). Os elevados valores de CVe% podem ser justificados pelas mesmas razões apresentadas para os ensaios de IG.

As médias dos tratamentos para notas de intensidade da doença ficaram entre 2,2 e 6,1 para POLY, sendo a segunda maior média igual a 3,9; de 3,8 a 5,9 para PHYS; 3,3 a 6,2 para PHAE em RP e de 2,3 a 5,0 em RV; 1,0 a 1,2 para CSTUN e de 2,0 a 2,9 para ET e para porcentagem de espigas doentes de 1,3 a 16,1%. Em média os tratamentos se apresentaram resistentes para POLY, PHAE (RV), ET e CSTUN e medianamente resistentes para PHYS e PHAE (RP). Entretanto, para as condições de RV não é possível realizar afirmações seguras quanto aos padrões de resistência dos tratamentos, devido a baixa intensidade das doenças avaliadas no local. Dos setenta tratamentos avaliados, somente oito apresentaram %ED acima de 8%, sendo todos estes constituídos pelas populações genitoras e não “top-crosses”. Desta forma, pode-se considerar que os tratamentos apresentaram um bom comportamento médio para %ED, principalmente considerando o elevado rigor utilizado para considerar uma espiga doente. O comportamento médio e respectivos intervalos de máximo e mínimo para caracteres de sanidade foram muito semelhantes para os ensaios dialélicos e “top-crosses”, o que permite caracterizar a ocorrência e intensidade das doenças nestes ensaios.

Para produção foram observadas médias de “top-crosses” de 6,21 a 8,27 t/ha para PEC (RP); de 5,66 a 8,32 t/ha para PE (RV); 4,96 a 6,82 t/ha de PGC (RP) e médias de populações entre 4,42 e 7,63 t/ha para PEC (RP); 3,97 e 7,61 t/ha para PE (RV) e de 3,44 a 6,33 para PGC (RP). Para as condições de RP, as médias de PEC dos cruzamentos “top-crosses” individuais em relação a média de cada testemunha foram de 70,5 a 93,9% da média de T_1 (% T_1) e de 103,2 a 137,4% de T_2 (% T_2) e a porcentagem de produção média individual das populações genitoras em relação as testemunhas foram de 50,2 a 86,6% para % T_1 e de 73,4 a 126,7% para % T_2 . Apenas treze populações produziram menos que T_2 em RP. Em relação a T_1 e T_2 , os “top-crosses” produziram em média 78,9 e 115,5% e as populações em média 69,4 e 101,6% do PE em RP, respectivamente. Para as condições de RV, a porcentagem de produção média do “top-crosses” para PEC em relação a T_1 foi de 62,4 a 91,7% e para T_2 de 71,5 a 105,1% e das populações em relação a T_1 foram de 43,8 a 83,9% e para T_2 de 50,1 a 96,1%. Em média os “top-crosses” produziram 74,2 e 85,0% do PE (RV) em relação ao observado para T_1

e T₂ e as populações 65,2 e 74,6%, respectivamente. Os resultados de produção de T₂ em RP, comparados aos de RV, sugerem que a maior severidade das doenças em RP foi determinante para redução da produtividade de T₂ neste local. No geral, pode-se considerar a produção dos “top-crosses” e das populações muito promissoras, comparadas a T₁ e T₂, as quais por serem híbridos de linhagens podem explorar melhor os efeitos da heterose.

A média geral ponderada da testemunha T₁, por número de parcelas para PEC, utilizada nos ensaios de progênies de IG, dialélico 10x10 e “top-crosses” foi igual a 8,58 t/ha em ambos locais. A média geral ponderada de todos os tratamentos nos ensaios de progênies, dialélicos e de “top-crosses” foi igual a 6,59 t/ha em RP e 6,44 t/ha em RV. Entretanto, a média geral ponderada de T₂ foi igual a 5,80 t/ha em RP e 7,50 t/ha em RV. Estes resultados de média geral indicam uma certa consistência de PEC para T₁ e tratamentos através dos locais e uma menor produção relativa de T₂ em RP. Fazendo uma relação direta da produção de T₂ nos dois locais, pode-se verificar uma redução de cerca 23% na produtividade em RP, a qual em grande parte deve estar associada a maior suscetibilidade desta testemunha às doenças estudadas neste trabalho e a maior intensidade de doenças em RP. A literatura apresenta reduções na produtividade da ordem de 6% para severidade de 30% (Hooker 1962), 15 a 24% para severidade variou de 50 a 70% (Russell, 1965), 35% (Kim & Brewbaker, 1977), 24% para severidade de aproximadamente 40% de folhas afetadas (Pataky, 1987a) pelo ataque de *P. sorghi*; redução média de 4 a 45% para o ataque de *P. polysora* (Rodriguez-Arodon et al., 1980) e um aumento de produtividade de 21,4 a 35,4 % para híbridos resistentes a *E. turcicum* (Ullstrup, 1970).

Com relação aos caracteres vegetativos foram apresentados apenas resultados em RP, devido não terem sido realizadas avaliações em RV para estes caracteres, devido a circunstâncias imprevistas na condução dos ensaios de “top-crosses” neste local. As médias dos “top-crosses” e das populações foram de 229 e 223 cm para AP; 133 e 129 cm para AE; 0,58 e 0,58 para PRE; 5,21 e 4,81% para %AC; 7,61 e 6,13% para %QUE e de 65,6 e 65,9 dias para FLOR, respectivamente. As testemunhas

T₁ e T₂ apresentaram médias de 205 e 191 cm para AP; 120 e 101 cm para AE; 0,59 e 0,53 para PRE; 0,96 e 0,76% para %AC; 0,57 e 1,87% para %QUE e de 66,9 e 62,8 dias para FLOR, em ordem. Estes valores médios de caracteres vegetativos obtidos para os “top-crosses” e populações, em relação as testemunhas, revelam a necessidade de esforços futuros visando reduzir o porte da planta, porcentagem de acamamento e de quebramento destas populações.

Para comparar o desempenho médio geral dos tratamentos (35 “top-crosses” e 35 populações) com a média de cada testemunha foi utilizado o teste t (Student) para contraste de médias (Tabela 84). Não foram detectadas diferenças significativas para o contraste entre a média tratamento versus T₁ para os caracteres %ED, NE/P e PRE avaliados em RP e para CSTUN avaliado em RV. Entretanto, para o contraste tratamento versus T₂, apenas não foram detectadas significâncias para PHAE, NE/P e PRE em RP e CSTUN em RV.

Com relação aos caracteres com significância, pode-se verificar um melhor desempenho médio de tratamentos para POLY (-0,4) e FLOR (-1,1 dias) frente a testemunha T₁ e em relação a T₂ para POLY (-3,4), PHYS (-0,8), PEC em RP (0,51t/ha), PGC em RP (0,44 t/ha) e PHAE em RV (-0,4). Para os demais caracteres, as testemunhas apresentaram médias estatisticamente melhores que a média geral dos tratamentos, nos ensaios de cruzamentos “top-crosses”. A testemunha T₁ apresentou médias de notas de PHAE em RP e RV com valores cerca de 2,8 e 2,2, respectivamente, menores que a média dos tratamentos em cada local, caracterizando uma maior resistência à *P. maydis*. Um outro aspecto relevante foi a superioridade de T₁ para PEC (RP), PE (RV) e PGC produzindo 2,28, 2,75 e 1,90 t/ha, respectivamente, a mais que a média dos tratamentos. Para as condições de RV, a testemunha T₂ produziu cerca de 1,60 t/ha a mais que a média de PE dos tratamentos. No geral, para os caracteres vegetativos, as testemunhas apresentaram médias menores de AP, AE, %AC e %QUE em relação a média dos tratamentos, sugerindo a necessidade de intensificar esforços para melhoramento das populações para estes caracteres vegetativos.

4.3.2 Análises de variância dos ensaios “top-crosses”

O resumo dos resultados da análises de variância dos ensaios “top-crosses”, contendo os quadrados médios dos efeitos, com respectivos graus de liberdade e níveis de significância pelo teste F, para os diferentes caracteres foram apresentadas na Tabela 85.

Diferenças altamente significativas ($P < 0,01$) entre os tratamentos foram detectadas para quase todos os caracteres avaliados (POLY, PHYS, PHAE, %ED, PEC, PE, PGC, NE/P, AP, AE, PRE, %QUE E FLOR), menos para %AC em RP e CSTUN em RV. Com o desdobramento da soma de quadrados de tratamentos foi possível detectar a ocorrência de efeitos significativos de variedade (v_j), heterose média ($\bar{h}$), heterose de variedades (h_j), permitindo identificar a existência de diferenças entre as variedades e heterose entre os cruzamentos.

Foram detectados efeitos altamente significativos de variedades para todos os caracteres com significância de tratamentos. Entretanto, efeitos significativos de heterose média foram observados apenas para %ED, PEC, PGC, AP, AE %QUE e FLOR em RP e para PHAE, ET e PE em RV. O número de caracteres com significância para heterose de variedade foi ainda mais restrito. Apenas os caracteres POLY, PEC (RP), FLOR e PHAE (RV) apresentaram efeitos significativos ($P < 0,05$) de heterose de variedade. É importante salientar que, dos caracteres com significância para heterose de variedade, somente POLY não apresentou efeito significativo de heterose. Embora não se possa estimar os efeitos de s_{ij} das populações destes ensaios “top-crosses”, de acordo com as observações de Vencovsky (1970), estes resultados sugerem que os possíveis efeitos de dominância não sejam unidirecionais, tendo efeitos de dominância em alguns locos para aumento da suscetibilidade a *P. polysora*, e outros, para aumento da resistência. Na literatura não temos referencias confirmando este fato para *P. polysora*, o que dispomos são os trabalhos de Scott et al. (1984) e Fantin et al (1993), onde foram identificados genes com efeitos dominante, parcialmente dominante e com ausência de

dominância para POLY. Randle et al. (1984) apresentam que na herança da resistência à *P. sorghi* os efeitos aditivos e dominantes tiveram grande importância na expressão do caráter, sendo que o efeito de dominância algumas vezes ocorreu no sentido da resistência e outras vezes no sentido da suscetibilidade, dependendo das linhas utilizadas. Apesar dos efeitos observado para POLY, seria necessário realizar mais trabalhos visando esclarecer a existência ou não de dominância unidirecional para este caráter, uma vez que não foi possível verificar uma consistência de resultados neste sentido, para os ensaios dialélicos e “top-crosses” desta tese. Entretanto, as magnitudes dos quadrados médios de efeitos de variedade e heterose sugerem uma consistente maior importância dos efeitos aditivos em relação aos efeitos de dominância para POLY.

Através dos resultados apresentados podemos inferir que, para os caracteres POLY, PHYS e PHAE (RP), os efeitos de variedade foram preponderantes para variação na resistências, indicando assim maior importância dos componentes aditivos para a resistência. Entretanto, para %ED, PHAE (RV) e ET, onde os efeitos de heterose de variedade também foram significativos, os componentes dominantes tiveram participação importante na manifestação da resistência genética. Entretanto, para ET Hughes & Hooker (1971) verificaram quem os efeitos genéticos aditivos contribuíram com 46,5 a 98,5% da variabilidade genética e os efeitos de dominância com apenas 0,3 a 47,0%.

A falta de consistência da significância para efeitos de heterose nas análises dos ensaios dialélicos e “top-crosses” para PHAE, não permitiram afirmações seguras da importância relativa dos componentes dominantes para resistência a *P. maydis*. Entretanto, os resultados sugerem que os efeitos aditivos devem ser mais importantes que os dominantes para resistência a *P. maydis*, tendo os componentes dominantes efeito um pouco mais pronunciado em determinadas situações.

4.3.3 Análise conjunta dos ensaios de cruzamentos “top-crosses”

As análises conjuntas de caracteres avaliados nos ensaios de cruzamentos “top-crosses” só foram possíveis para PHAE e PE, devido serem as únicas avaliadas em RP e RV (Tabela 86). A não obtenção do número de plantas por parcela no ensaio de RV, impediu a correção do peso de espigas (PE) por covariância, obrigando utilizar os dados de produção (PE) para RP sem correção. Os efeitos de tratamento foram altamente significativos para PHAE e PE, indicando que os tratamentos apresentaram diferenças entre si. Entretanto, apenas foi identificada interações significativa ($P < 0,05$) de tratamento x local para PHAE. A existência de significância da interação para PHAE não foi tão importante, pois para as condições de RV não foram observadas grandes variações quanto a resistência para *P. maydis*.

4.3.4 Estimativas dos parâmetros do modelo reduzido de Gardner & Eberhart adaptados para avaliação de “top-crosses” por Chaves & Miranda Filho

As estimativas de parâmetros do modelo reduzido de Gardner & Eberhart (1966), adaptado para avaliação de ensaios de cruzamentos “top-crosses” por Chaves & Miranda Filho (1997) serão apresentados e discutidos em grupos de caracteres de sanidade, produção e vegetativos, separadamente. Maior ênfase será dada para as estimativas de parâmetros com significância pelo teste F, sendo discutidos em alguns casos as estimativas de parâmetros de caracteres de sanidade, mesmo que não significativos.

4.3.4.1 Estimativas de parâmetros de sanidade

Estimativas de parâmetros negativos para caracteres de sanidade tem conotação favorável, pois representam efeitos de redução da média das notas de intensidade da doença, ou seja, maior resistência.

Nas Tabelas 87 e 88 são apresentados as estimativas de efeitos de variedade (v_j) para caracteres de sanidade avaliados nos ensaios de cruzamentos “top-crosses” realizadas em RP e RV.

As populações NAP07, NAP57, NAP73, NAP78, NAP79, NAP93, NAP108, NAP116 e NAP48 se destacaram com $\hat{v}_{j's}$ entre -0,51 e -0,76 unidades de notas para avaliação de POLY, indicando maior resistência destas populações em relação as demais. Por outro lado, as populações NAP51, NAP88, NAP66, NAP128, NAP97 e NAP114 apresentaram v_j positivos entre 0,58 a 3,16, caracterizando as maiores suscetibilidades em relação as demais populações. Com exceção de NAP88, que se destacou como a mais suscetível das populações à *P. polysora*, com nota média de 6,1 para POLY (mediana suscetibilidade), as demais com maior suscetibilidade se enquadraram entre a faixa resistente a mediana resistência. Desta forma, pode-se considerar que quase a totalidade das populações apresentaram excelente nível de resistência à *P. polysora*.

Foram obtidas $\hat{v}_{j's}$ menores ou iguais a aproximadamente -0,5 unidades de notas para PHYS para NAP14, NAP76, NAP77 e NAP93. Estas populações apresentaram médias de PHYS consideradas medianamente resistentes. Entretanto, valores maiores ou iguais a 0,5 para PHYS foram observados por NAP96, NAP88, NAP134, NAP21 e NAP47, que apresentaram tendência a mediana suscetibilidade à *P. zeae*.

Para PHAE em RP as populações NAP04, NAP14, NAP22, NAP96, NAP116, NAP66 e NAP114 apresentaram $\hat{v}_{j's}$ negativos iguais ou menores que -0,5, aproximadamente. A média de notas destas populações ficaram entre resistentes e mediana resistentes, com destaque para NAP14 com média de PHAE igual a 3,3. Valores de $\hat{v}_{j's}$ maiores ou iguais a 0,5 para PHAE foram estimadas para NAP43, NAP52, NAP55, NAP76, NAP77, NAP94, NAP21 e NAP105, com níveis de resistência tendendo a mediana suscetibilidade. Para as condições de RV, foram obtidos $\hat{v}_{j's}$ de -0,5 ou menores para PHAE nas populações NAP04, NAP14, NAP22, NAP96, NAP51,

NAP116, NAP134 e NAP48. Entretanto, NAP57, NAP73, NAP77, NAP108 e NAP49, com padrão de resistência tendendo a mediana resistência, apresentaram $\hat{v}_{j's}$ de 0,5 a 1,7 unidades de notas de intensidade para PHAE. Apesar das diferenças na intensidade da doença para PHAE em RP e RV, pôde-se verificar um comportamento consistentemente melhor de NAP04, NAP14, NAP22, NAP96 e NAP116 e pior de NAP77, através dos locais.

Foram observados $\hat{v}_{j's}$ para %ED de - 2,5 a - 4,8% para NAP44, NAP52, NAP55, NAP57, NAP77, NAP93, NAP128 e NAP97 e de 2,9 a 9,8% para NAP05, NAP87, NAP108, NAP134 e NAP49. A população NAP49 apresentou o maior $\hat{v}_j$ com valor igual a 9,8%, com maior porcentagem de espigas doentes. Este comportamento NAP49 deve estar relacionado ao menor empalhamento das espigas. As populações citadas anteriormente, com os maiores $\hat{v}_{j's}$ para %ED, revelaram médias de porcentagem de espigas doentes entre 11,1 a 16,1%, as quais podem ser considerados relativamente elevados.

Para CSTUN foram obtidos $\hat{v}_{j's}$ positivos apenas para NAP05, NAP52, NAP57 e NAP108, com valor igual a 0,07, que pode ser considerado relativamente baixo e de pouca importância. Também para ET, não foram obtidos $\hat{v}_j$ relevantes, sendo a maior estimativa obtida para NAP96, com valor igual a 0,8. De modo geral, as populações apresentaram notas ET na faixa considerada resistente.

Nas Tabelas 89 e 90 são apresentados os valores de estimativas de heterose média ($\bar{h}$) e as estimativas dos efeitos de variedade (h_j) para os caracteres de sanidade. Destes caracteres apenas %ED, PHAE (RV) e ET apresentaram significância para $\bar{h}$, com valores iguais a -2,20%, -0,16 e - 0,05, respectivamente. Estes resultados mostram que os cruzamentos “top-crosses” foram em média mais resistentes que as médias das populações genitoras, para estes caracteres.

Dentre os caracteres de sanidade avaliados apenas POLY e PHAE (RV) apresentaram significância para h_j . Valores de $\hat{h}_j$ menores que, aproximadamente, -0,4

para POLY, foram obtidos por NAP04, NAP22, NAP51, NAP52, NAP88, NAP66 e NAP97 e maiores que 0,4 foram estimados para NAP05, NAP25, NAP96, NAP74, NAP76, NAP87 e NAP47. Para PHYS, os menores valores de $\hat{h}_j$ foram observados para NAP07 e NAP108, com estimativas de -0,39 e -0,48. As populações NAP14, NAP25, NAP74, NAP76, NAP94 e NAP128 obtiveram os maiores valores de $\hat{h}_j$ para PHYS, entre 0,36 e 0,80 unidades de nota.

Dentre as avaliações para PHAE em RP e RV, apenas a de RV apresentou significância para h_j . Embora tenha sido observada maior variação de h_j para RP. Isto deve-se ao maior valor do QM do erro obtido para RP. Foram obtidos $\hat{h}_{js}$ menores que -0,4, aproximadamente, para NAP43, NAP52, NAP57, NAP88, NAP21, NAP49 e NAP105 em RP e para NAP57 e NAP108 em RV. Valores de $\hat{h}_{js}$ maiores ou aproximadamente iguais a 0,4 unidades de nota para PHAE foram obtidos para NAP07, NAP14, NAP96, NAP73, NAP79, NAP66, NAP47 e NAP97 em RP e NAP05, NAP07, NAP52 e NAP114 em RV. Das populações citadas anteriormente merecem destaque NAP57 e NAP07 com consistência de $\hat{h}_{js}$ menores e maiores, respectivamente, para ambos locais.

Para o caractere %ED avaliado em RP, valores de $\hat{h}_j$ menores ou iguais a -3,0% foram estimados para NAP108, NAP116, NAP134 e NAP49 e maiores ou iguais a 3,0% para NAP78, NAP128 e NAP47. Embora NAP49 tenha apresentado as piores $\hat{v}_{js}$ para %ED, foi obtido uma das melhores $\hat{h}_{js}$ para este caráter. Este resultado mostra que em cruzamentos NAP49 conseguiu obter uma redução nas médias de %ED, talvez devido ao melhor empalhamento obtido para este material.

Os menores e maiores valores de $\hat{h}_{js}$ para ET foram observados para NAP96 e NAP114, com valores de -0,40 e 0,35, respectivamente.

As estimativas de capacidade geral de combinação (g_j) foram apresentadas nas Tabelas 91 e 92.

Valores de $\hat{g}_j$ menores ou iguais a aproximadamente -0,4 foram estimados em NAP04, NAP07, NAP22, NAP52, NAP48, NAP66 e NAP97 para POLY; NAP05, NAP07, NAP22, NAP108 e NAP49 para PHYS; NAP22, NAP57, NAP88 e NAP114 para PHAE (RP) e NAP14, NAP22, NAP51, NAP87 e NAP134 para PHAE (RV). Por outro lado, valores de $\hat{g}_j$ maiores ou iguais a aproximadamente 0,4 foram obtidos em NAP05, NAP25, NAP96, NAP87, NAP49, NAP128, NAP47 e NAP114 para POLY; NAP25, NAP88, NAP94, NAP134 e NAP128 para PHYS; NAP07, NAP73, NAP76, NAP77, NAP79 e NAP94 para PHAE (RP) e NAP07, NAP52, NAP73, NAP76, NAP77 e NAP114 para PHAE (RV). Para %ED os menores $\hat{g}_{js}$ foram obtidos para NAP07, NAP108 e NAP116, com valores de -2,14 a -3,11% e maiores para NAP04, NAP43, NAP87, NAP128 e NAP47, com valores entre 2,05 e 3,65%. Das populações citadas, NAP22 se destacou com uma maior frequência de $\hat{g}_{js}$ menores e negativos, indicando uma elevada frequência de alelos favoráveis para resistência genética às doenças estudadas. Como os $\hat{g}_{js}$ são indicativos sobre a concentração de genes predominantemente aditivos em seus efeitos, as populações com efeitos de $\hat{g}_{js}$ negativos para caracteres de sanidade revelam um grande potencial para formação de compostos, visando resistência genética à doenças.

4.3.4.2 Estimativas de parâmetros de produção

Para os parâmetros de produção, estimativas positivas de v_j , $\bar{h}$, h_j e g_j são altamente desejáveis para aumento da produção, devido as próprias características aditivas do modelo adotado.

Valores de $\hat{v}_j$ acima de 0,350 t/ha foram estimadas em NAP07, NAP22, NAP44, NAP96, NAP73, NAP93, NAP21, NAP48, NAP66, NAP47, NAP97, NAP105 e NAP114 para PEC (RP); em NAP05, NAP14, NAP22, NAP43, NAP93, NAP48, NAP47, NAP97, NAP105 e NAP114 para PE (RV); em NAP07, NAP14, NAP22,

NAP44, NAP96, NAP93, NAP21, NAP48, NAP128, NAP97, NAP105 e NAP114 para PGC (RP). Porém, valores menores que - 0,350 t/ha foram estimadas em NAP25, NAP55, NAP74, NAP79, NAP87, NAP88, NAP108, NAP134 e NAP49 para PEC (RP) e PGC (RP) e em NAP25, NAP51, NAP55, NAP57, NAP74, NAP78, NAP79, NAP87, NAP108, NAP49 e NAP128 para PE (RV). Houve consistência para melhor desempenho de NAP22, NAP93, NAP48, NAP47, NAP97, NAP105 e NAP114 e de pior desempenho para NAP25, NAP55, NAP74, NAP79, NAP87, NAP108 e NAP49 para PEC através do dois locais. Resultados expressivos e positivos de $\hat{v}_{js}$ para populações sugerem, que estas apresentaram melhor potencial de uso per se que as demais (Tabelas 87 e 88). Das dez populações estudadas no dialélico, pelo menos cinco delas apresentaram os melhores valores de $\hat{v}_j$ nos ensaios de cruzamento “top-crosses”.

Para o caractere NE/P, se destacaram as populações NAP22, NAP25, NAP44, NAP73 e NAP21 apresentando valores de $\hat{v}_j$ entre 0,08 e 0,24. Entretanto, NAP05, NAP78, NAP79, NAP87 e NAP134 apresentaram os menores $\hat{v}_{js}$, com valores entre - 0,09 e - 0,15 espigas por planta.

Nas Tabelas 89 e 90 são apresentadas as estimativas de heterose média ($\bar{h}$) e estimativas de heterose de variedades (h_j) para os caracteres de produção. Foram obtidas estimativas significativas de $\bar{h}$ para PEC (RP), PE (RV) e PGC (RP), com valores iguais a 0,865, 0,846 e 0,772 t/ha, respectivamente. Pode se verificar um efeito de $\bar{h}$ muito semelhante para PEC e PE.

Somente foram detectadas significância de h_j para PEC (RP). Entretanto, serão apresentados e discutidos todos os resultados obtidos de $\hat{h}_j$ para produção. As populações que apresentaram $\hat{h}_{js}$ maiores que 0,350 t/ha foram NAP22, NAP79, NAP87, NAP88, NAP108, NAP134 e NAP114 para PEC (RP); NAP22, NAP52, NAP78, NAP108, NAP21, NAP49 e NAP105 para PE (RV) e NAP22, NAP79, NAP87, NAP108, NAP134, NAP49 e NAP114 para PGC. Entretanto, valores de $\hat{h}_j$ menores que - 0,350 t/ha foram obtidos por NAP96, NAP73, NAP78, NAP93, NAP116 e NAP48

para PEC (RP); NAP07, NAP14, NAP55, NAP73, NAP74, NAP76, NAP77, NAP88, NAP93 e NAP94 para PE (RV) e NAP96, NAP73, NAP78, NAP93 e NAP48 para PGC (RP). Pode se verificar um comportamento consistente de NAP22 com melhores e de NAP73 e NAP93 com as piores $\hat{h}_{js}$ através dos locais.

Para o caractere NE/P avaliado em RP, foram obtidas $\hat{h}_{js}$ maiores ou iguais a 0,05 para NAP43, NAP44, NAP55, NAP79, NAP88, NAP134 e NAP49. Valores de $\hat{h}_j$ menores ou iguais a -0,05 foram observadas para NAP05, NAP22, NAP73, NAP77, NAP78 e NAP97.

As melhores combinações híbridas para produção devem ser obtidas pelo uso das populações com maiores valores de $\hat{h}_j$ para os caracteres de produtividade.

As estimativas de capacidade geral de combinação ($\hat{g}_j$) para os caracteres de produção foram apresentadas nas Tabelas 91 e 92. Valores de $\hat{g}_j$ acima de 0,350 t/ha foram observados em NAP07, NAP22, NAP44, NAP66, NAP97 e NAP114 para PEC (RP); NAP22, NAP43, NAP52, NAP108, NAP49, NAP47 e NAP105 para PE (RV) e NAP07, NAP14, NAP22, NAP66, NAP97 e NAP114 para PGC (RP). Por outro lado, valores de $\hat{g}_j$ abaixo de - 0,350 t/ha foram estimados em NAP05, NAP55, NAP73, NAP74, NAP78 e NAP48 para PEC (RP); em NAP07, NAP55, NAP57, NAP73, NAP74, NAP76, NAP77, NAP88 e NAP93 para PE (RV) e NAP05, NAP55 e NAP78 para PGC (RP). Através dos resultados apresentados pôde-se verificar que NAP22 apresentou consistentes melhores valores de $\hat{g}_j$ e NAP05 e NAP55 os piores, através dos locais.

As populações NAP25, NAP43, NAP44, NAP88 e NAP49 apresentaram $\hat{g}_j$ com valores maiores ou iguais a 0,05 para NE/P. Entretanto, as populações NAP05, NAP77, NAP78, NAP87, NAP48 e NAP97 se destacaram com valores de $\hat{g}_j$ para NE/P menores ou iguais a - 0,05.

Na síntese de compostos os efeitos heteróticos também são aproveitados. Por isso, $\hat{g}_j$ é um bom indicativo da contribuição da população na formação do composto. Desta forma, as populações com maior $\hat{g}_j$ para produção representam a melhor opção para síntese de compostos, pois permite o cruzamento e recombinação de materiais com elevada frequência de alelos favoráveis para produção.

4.3.4.3 Estimativas de parâmetros dos caracteres vegetativos

As avaliações para caracteres vegetativos dos ensaios de cruzamentos “top-crosses” foram realizadas apenas em RP. Desta forma, somente foram obtidas estimativas de parâmetros para o ensaio de RP.

Assim como para os caracteres de sanidade, valores negativos e menores para estimativas de parâmetros dos caracteres vegetativos são altamente desejáveis, pois contribuem através do modelo aditivo reduzindo a média de AP, AE, PRE, %AC, QUE e FLOR das populações.

As estimativas de efeitos de variedade (v_j) para caracteres vegetativos foram também apresentados na Tabela 87. Para AP, valores de $\hat{v}_j$ negativos entre - 12,1 e - 32,6 cm foram estimados para NAP14, NAP25, NAP55, NAP77, NAP79, NAP108, NAP116, NAP49 e NAP105 e positivos entre 11,4 e 38,4 cm para NAP07, NAP96, NAP87, NAP93, NAP94, NAP48, NAP66 e NAP114. Estimativas entre -10,9 e -25,9 cm de $\hat{v}_j$ para AE foram observadas para NAP14, NAP25, NAP52, NAP55, NAP77, NAP79, NAP108, NAP116, NAP49 e NAP105 e entre 10,1 e 37,1 cm para NAP22, NAP96, NAP87, NAP88, NAP94, NAP66 e NAP97. Através destes resultados pôde-se verificar que nem todas as populações com maiores $\hat{v}_j$ para AP também o foram para AE e vice e versa.

Para o caractere PRE, as menores $\hat{v}_{js}$ foram obtidas em NAP14, NAP52, NAP55, NAP77 e NAP108, com valores entre - 0,04 e - 0,06. Entretanto, valores de $\hat{v}_j$ entre 0,04 e 0,08 foram observados em NAP96, NAP87, NAP88, NAP66 e NAP97.

Valores de $\hat{v}_j$ menores que -4% foram estimados para NAP22, NAP44, NAP73, NAP77, NAP128 e NAP105 para %AC e NAP79, NAP134 e NAP105 para %QUE. Entretanto, valores de $\hat{v}_j$ acima de 4% foram observados em NAP96, NAP51, NAP108, NAP134, NAP49 e NAP47 para %AC e em NAP07, NAP25, NAP44, NAP73, NAP74 e NAP93 para %QUE. Destas populações merecem destaque NAP74, com a maior $\hat{v}_j$ para %QUE, com valor igual a 18,26%.

As menores $\hat{v}_{js}$ para FLOR foram obtidas em NAP14, NAP52, NAP76, NAP49 e NAP105 com valores entre - 2,4 e - 5,1 dias e as maiores em NAP96, NAP79, NAP87, NAP88 e NAP134 com valores entre 3,9 e 6,5 dias. De um modo geral, pode-se considerar que as populações não diferiram muito quanto ao número de dias para o florescimento, o que facilita a realização de futuros cruzamentos entre as populações.

Na Tabela 89 foram apresentadas as estimativas de efeitos de heterose de variedade (h_j) para os caracteres vegetativos de RP. Dos parâmetros estimados, apenas FLOR apresentou significância para h_j . A falta de significância para AP, AE e PRE deve estar relacionada ao número reduzido de repetições utilizadas para avaliar estes caracteres em RP. Esta hipótese foi levantada devido terem sido observados efeitos significativos para h_j destes caracteres nos ensaios dialélicos de RV, com seis repetições.

Mesmo com ausência de significância de h_j para AP, AE e PRE, serão apresentadas as estimativas mais extremas. Valores abaixo de - 10,0 cm para $\hat{h}_j$ foram estimados em NAP43, NAP55, NAP73, NAP78 e NAP66 para AP e NAP43, NAP78 e NAP66 para AE. No entanto, NAP25, NAP79, NAP88 e NAP134 para AP e AE apresentaram $\hat{h}_{js}$ com valores acima de 10,0 cm. Para PRE as estimativas negativas extremas de $\hat{h}_j$ foram observados em NAP105 e NAP04 e as positivas em NAP44, NAP134 e NAP79.

Valores de $\hat{h}_j$ menores que -5% podem ser observados em NAP96, NAP51, NAP108 e NAP116 para %AC e em NAP44, NAP74 e NAP116 em %QUE. Entretanto, $\hat{h}_j$ acima de 5% foram estimados para NAP74, NAP87 e NAP48 para %AC e NAP14, NAP88 e NAP66 para %QUE.

As populações NAP88, NAP79, NAP134, NAP25 e NAP43 apresentaram valores de $\hat{h}_j$ para FLOR entre - 1,02 e - 2,12 dias e NAP57, NAP48 e NAP105 valores de $\hat{h}_j$ de aproximadamente 1 dia. Em termos práticos, os resultados de $\hat{h}_j$ obtidos para FLOR representam um efeito muito pequeno na redução ou aumento do número de dias para o florescimento, mesmo tendo apresentado efeitos significativos de h_j .

As estimativas de capacidade geral de combinação (g_j) foram apresentadas na Tabela 91. Estimativas abaixo de -10,0 cm para AP e AE, ao mesmo tempo, foram observadas em NAP14, NAP43, NAP55, NAP78, NAP116 e NAP49. No entanto, valores de $\hat{g}_j$ acima de 10,0 cm foram obtidos para AP em NAP07, NAP22, NAP25, NAP96, NAP87, NAP88 e NAP134 e para AE em NAP22, NAP96, NAP88 e NAP134. Para PRE, valores de $\hat{g}_j$ abaixo de - 0,03 foram estimadas em NAP14, NAP108 e NAP105 e igual ou maior que 0,03 para NAP44, NAP96, NAP88 e NAP134.

As populações NAP51, NAP73, NAP77, NAP108 e NAP116 apresentaram os menores valores de $\hat{g}_j$ para %AC e NAP74, NAP76, NAP87, NAP94, NAP48 e NAP49 as maiores $\hat{g}_{j_s}$. Para %QUE, destacaram-se NAP43, NAP116 e NAP21 com menores $\hat{g}_{j_s}$ e NAP14, NAP73, NAP88, NAP66 e NAP128 com maiores.

As estimativas de g_j mais relevantes para FLOR foram obtidas em NAP76, NAP14, NAP49, NAP43 e NAP87, com valores iguais a -2,8, -2,2, -2,1, -2,0 e 2,4 dias.

4.4 Predição de médias de compostos

A síntese de um composto é apresentada por Miranda Filho (1974) como uma forma de permitir um aproveitamento ao nível intrapopulacional de parte da heterose manifestada ao nível interpopulacional. Isto pode ser verificado através da seguinte fórmula:

$$CO = V + [(n-1)/n] \cdot \bar{h}, \text{ onde:}$$

V é a média das n variedades que entram na formação do composto e $\bar{h}$, a heterose média dos cruzamentos entre as variedades.

O aumento da variabilidade caracteriza um outro objetivo importante da síntese de compostos. Vários pesquisadores têm apresentado que a variabilidade genética de um composto está relacionada a divergência genética entre as variedades que entram na sua composição (Goodman, 1965; Eberhart et al., 1967; Moll & Robinson, 1967 e Dudley & Moll, 1969). A divergência genética é portanto a condição primária para manifestação da heterose.

4.4.1 Baseada nas médias dos cruzamentos dialélico 10 x 10 com recíprocos

O número de compostos (NC) balanceados que podem ser preditos é dependente do número de variedades (n) utilizadas. Para n igual a dez populações poderiam ser preditos $NC = 2^n - (n+1)$, ou seja 1013 possíveis compostos balanceados.

Apesar do grande número de possíveis compostos permitirem um maior número de alternativas para seleção, a predição de todos compostos e a seleção destes pode representar um tarefa árdua e trabalhosa, devido ao grande NC estimados para todos os caracteres avaliados. Considerando que para os ensaios dialélicos de RP e RV foram realizadas avaliações para 19 caracteres, seria necessário calcular um total de 19247 predições de médias de compostos para diferentes caracteres. Miranda Filho & Chaves (1991) também discutiram sobre os problemas do grande número de compostos

possíveis a serem estimados e a dificuldade de se selecionar um tão grande número de compostos.

Com o objetivo de tornar mais prático o trabalho de predição e seleção de compostos foram selecionadas cinco populações dentre as 10 utilizadas no dialélico. As populações foram selecionadas com base nos parâmetros estimados para o dialélico (v_i , h_i , h_{ii} , s_{ii} e g_i), com ênfase para os g_i s dos caracteres de produção, sanidade e por último vegetativos, nesta ordem de importância. As estimativas para caracteres de sanidade foram considerados em segundo plano devido terem sido obtidos níveis elevados de resistência para POLY.

O efeito de capacidade geral de combinação (g_i) como foi definido por Griffing (1956) é amplamente utilizado como uma medida de contribuição de um genótipo em cruzamentos (Miranda Filho & Chaves, 1991). A seguir Gardner e Eberhart (1966) mostraram que $g_i = (1/2)v_i + h_i$.

Foram selecionadas para predição de médias de compostos as populações NAP21, NAP48, NAP49, NAP97 e NAP114. Estas populações apresentaram melhores estimativas de g_i s para os caracteres de maior interesse, tanto em RP como em RV (Tabela 79 e 80). Para as condições de RP rejeitou-se a NAP66 devido ter se destacado com os maiores $\hat{g}_i$ s para AP, AE e PRE, que acabaria por contribuir elevando a média dos compostos para estes caracteres.

Nas Tabelas 93 e 94 foram apresentadas as médias de compostos de tamanho k estimadas para os caracteres de sanidade, produção e vegetativos, obtidos a partir das médias individuais de cinco populações NAP selecionadas e seus cruzamentos dialélicos com recíprocos em RP e RV (Tabela B e C do Apêndice). As Tabelas B e C foram apresentadas com a finalidade de ser um auxílio para a predição de médias de compostos.

Comparando a variação das médias preditas dos compostos de mesmo tamanho k, obtidas com base nos ensaios dialélicos e “top-crosses”, pode-se verificar a existência de maior variação dentro do grupo de compostos com menor k. Isto pode ser verificado através da presença da maior amplitude de médias dentro destes grupos. Por

outro lado, a média dos grupos de compostos de mesmo tamanho com maior k apresentaram uma tendência de melhores médias em relação aos grupos de menor k , para todos os caracteres avaliados (Tabela 93 a 96). Este comportamento poder ser melhor observado para os caracteres de produtividade, sendo um pouco menos expressivos para os demais. Miranda Filho e Chaves (1991) também sugeriram a mesma tendência através de um trabalho teórico para predição de médias de compostos.

O composto amplo (C_D12345) apresentou uma das melhores predições de médias para os caracteres de sanidade POLY, PHYS, PHAE (RP), PHAE (RV), ET e %ED, com valores de notas iguais a 2,8, 4,8, 4,7, 2,8 e 2,0 e de porcentagem de espigas doentes igual a 5,4%, respectivamente. As notas de intensidade de doença qualificam C_D12345 como resistente a POLY e ET, e medianamente resistente para PHYS e PHAE (RP). Em comparação com as predições de médias dos demais vinte cinco compostos, C_D12345 foi inferior para POLY a apenas três compostos (nota igual a 2,7); onze compostos para PHYS (notas de 4,4 e 4,7); nove compostos para PHAE em RP (notas entre 4,1 e 4,6); quatro compostos para PHAE em RV (notas iguais a 2,7) e a nove compostos para %ED (estimativas de 2,9 e 5,1%). Através do apresentado pode-se verificar que a superioridade para resistência a doenças de alguns compostos em relação ao composto amplo, não foram suficientemente grandes para qualifica-los em níveis de resistência significativamente melhores que o composto amplo.

Apesar do composto amplo ter apresentado mediana resistência para médias preditas de PHYS e PHAE (RP), é importante lembrar que foram observadas suficiente variabilidade dentro das populações para resistência a estas doenças.

De um modo geral, os compostos preditos contendo NAP49 resultaram em melhores médias de PHYS e os possuindo NAP97 uma tendência para melhor PHAE. No entanto, a presença de NAP49 nos compostos resultou em predições de médias de %ED com valores maiores, com exceção de C_D1235 . Isto já poderia se esperado, devido ao padrão de comportamento destas populações revelado através das estimativas de parâmetros do dialélico para PHYS e PHAE, independentemente.

Com relação aos caracteres de produção, o composto amplo apresentou valores de PEC (RP), PEC (RV), PGC e NE/P iguais a 7,14, 6,94, 5,87 t/ha e 0,99 espigas por planta, respectivamente. Os valores médios preditos para o composto amplo, com base no ensaio dialélico de RP, equivalem a 81,8 e 121,8% da média de PEC de T₁ e T₂ e, baseado nos ensaios de RV, 82,8 e 91,7%, respectivamente. A superioridade do composto amplo em relação a T₂ para PEC (RP) deve estar relacionada a maior suscetibilidade desta testemunha às ferrugens. Comparando a média predita do composto amplo com as dos demais compostos para PGC (RP), pode-se verificar um desempenho inferior de no máximo 0,12 t/ha em relação a apenas cinco compostos. Esta diferença pode ser considerado como muito baixa, não justificando o uso de compostos menores para aumentar a produtividade para as condições de RP. Um maior número de populações envolvidas na formação de um composto deve trazer a compensação de um aumento na variabilidade do composto. Para as condições de RV, nenhum composto superou C_D12345 para média de PEC. Estes resultados sugerem que a melhor opção de composto deve ser um único composto amplo para o dois locais.

As predições de médias de compostos baseada no dialélico avaliada em RP para AP, AE, PREP, %AC e %QUE revelaram médias para o composto amplo iguais a 226 cm, 130 cm, 0,58 e 6,33% e 9,62%, respectivamente. Estes valores podem ser considerados elevados, principalmente para %AC e %QUE. As predições do composto amplo para RV indicaram valores de AP, AE, PREP e %AC+QUE bem menores que RP, sendo iguais a 187 cm, 96 cm, 0,51 e 1,53%, em ordem, que podem ser considerados altamente desejáveis em termos de caracteres vegetativos. As médias do composto amplo foram intermediárias às médias extremas obtidas pelos demais compostos de menor tamanho k, para os diferentes caracteres vegetativos avaliados em RP e RV.

Comparando a média do composto amplo com a menor média predita dos demais compostos de menor k para os diferentes caracteres vegetativos avaliados em RP pode-se verificar que C_D12345 apresentou médias cerca de 15,0 cm, 12,0 cm, 0,03, 2,3% e 2,0% maiores que a menor média obtidas na predição de compostos para AP, AE, PREP e %AC e %QUE, respectivamente. No entanto, baseado nas predições de RV, o composto amplo foi superior em 16,0 cm, 6,0 cm, 0,01 e 1,09% em relação a menor

média de compostos predita para AP, AE, PREP e %AC+QUE, na mesma ordem. Estes resultados indicam que não houve um desempenho marcadamente melhor dos compostos de menor k em relação ao composto amplo para os caracteres vegetativos, que justificassem a escolha de outro composto que não o amplo.

Os resultados obtidos para RP indicam a necessidade de futuros esforços visando melhoramento dos caracteres vegetativos do composto amplo. A suficiente variabilidade genética observada no estudo de progênies de irmãos germanos das populações, que compõem o composto amplo, sugerem boas perspectivas para melhoramento neste sentido.

4.4.2 Baseada na média dos ensaios de cruzamentos “top-crosses”

O número de possíveis compostos balanceados que podem ser obtidos através das trinta e cinco populações avaliadas nos ensaios “top-crosses” é igual a $2^{35} - (35+1)$, ou seja 34.359.738.332 compostos para cada variável avaliada. Para esta situação fica ainda mais evidente a necessidade de uma pré seleção das populações com melhor perspectiva para uso na predição de médias de compostos.

Dentre as trinta e cinco populações avaliadas foram selecionadas as cinco com melhores estimativas de parâmetros para os ensaios “top-crosses” de RP e RV, com maior ênfase para $\hat{g}_j$ dos caracteres de produção, em segundo para caracteres de sanidade e por ultimo vegetativos. Para as condições de RP foram selecionadas as populações NAP07, NAP22, NAP44, NAP97 e NAP114. Dentre as populações selecionadas para RP com maiores g_j , apenas NAP07, não apresentou consistentemente melhores valores de $\hat{g}_{j's}$ para produção através dos locais, apresentando estimativas negativas de g_j para as condições de RV (Tabela 91 e 92). Entretanto, NAP07 foi selecionada por apresentar uma das melhores estimativas de parâmetros para POLY, PHYS, %ED, PEC e PGC em RP (Tabelas 87, 89 e 91).

Para predição de médias de compostos baseada nas médias dos ensaios “top-crosses” de RV, seriam selecionadas as populações NAP22, NAP43, NAP49, NAP105 e NAP108, devido apresentarem as maiores estimativas de g_j para produção e com isto os melhores compostos possíveis para RV, com base na predição de médias. Entretanto, NAP43, NAP49, NAP105 e NAP108 apresentaram estimativas de g_j inferiores para PEC em RP.

Apesar das predições de compostos utilizando NAP22, NAP43, NAP49, NAP105 e NAP108, selecionadas para RV, serem um pouco melhores para as condições de RV, em relação as predições de médias utilizando NAP07, NAP22, NAP44, NAP97 e NAP114 selecionadas para RP, estas diferenças não justificaram a produção de compostos específicos diferentes para RP e RV. Comparando os valores máximos de predições de médias de compostos de tamanho k iguais a 2, 3, 4 e 5 para as condições de RV, obtidos quando se utilizaram as populações selecionadas para RV (NAP22, NAP43, NAP49, NAP105 e NAP108) e RP (NAP07, NAP22, NAP44, NAP97 e NAP114), foram observadas diferenças iguais a 0,09, 0,24, 0,28 e 0,48 t/ha, respectivamente.

A produção de um maior número de compostos representa um aumento do trabalho e custos, devendo ser ponderada sempre pelo benefício obtido. Os outros motivos para preferência das cinco populações selecionadas com base nos ensaios “top-crosses” de RP foram a menor intensidade das doenças em RV e a não avaliação dos caracteres vegetativos dos ensaios “top-crosses” em RV.

Nas Tabelas 95 e 96 foram apresentadas as médias de compostos de tamanho k estimadas para os caracteres de sanidade, produção e vegetativos, obtidos a partir das médias individuais de cruzamentos “top-crosses” (TOP07, 22, 44, 97 e 114) e das populações (NAP07, NAP22, NAP44, NAP97 e NAP114), média geral de todos os trinta e cinco cruzamentos “top-crosses” e populações em PR e RV (Tabela D e E do apêndice).

Para o composto amplo (C_{T12345}) foram obtidas uma das melhores predições de médias para POLY, PHYS, PHAE (RP), PHAE (RV), ET e %ED com valores de notas iguais a 2,5, 4,5, 4,5, 3,2, 2,2 e 2,4% espigas doentes, em ordem. Estas notas médias de intensidade de doenças obtidas por C_{T12345} o qualificam como

resistente para POLY e ET e medianamente resistente para PHYS e PHAE, com bom nível de resistência a doenças da espiga.

Comparando o composto amplo com os demais compostos de menor tamanho, através das médias preditas para os caracteres de sanidade, pode-se verificar que o composto amplo apresentou notas de intensidade de doenças maiores que seis compostos para POLY (notas entre 2,1 e 2,4); a sete compostos para PHYS (notas de 4,2 a 4,4); doze compostos para PHAE em RP (notas entre 3,6 e 4,4); doze compostos para PHAE em RV (notas entre 2,7 e 3,1) e apenas um composto para %ED (média de 2,3%). Os resultados apresentados para os caracteres de sanidade revelam que, a superioridade de alguns compostos em relação ao C_T12345, não foi suficientemente grande para classificá-los em níveis de resistência superiores a C_T12345. Portanto, não se justifica a utilização de compostos com menores *k* para obter maior resistência a doenças.

Os melhores compostos preditos para POLY e PHYS contêm NAP07 em sua composição. Isto indica uma tendência desta população para aumentar a resistência para estas ferrugens do milho. No entanto, NAP07 apresentou uma tendência de reduzir a resistência para *P. maydis* dos compostos em que participou. O problema da não consistência dos efeitos das populações para melhorar a resistência a todas as doenças avaliadas, pode ser contornado utilizando compostos. O uso de compostos permite reunir populações com complementariedade para resistência a doenças, agrupando em um mesmo material os genes de resistência para todas as doenças, através da recombinação genética.

A predição de médias do composto amplo revelou valores de PEC (RP), PE (RV), PGC e NE/P iguais a 8,11, 7,33 e 6,71 t/ha e 1,02 espigas por planta, respectivamente. Comparado às testemunhas T₁ e T₂, a produtividade do composto amplo equivaleu a 92,1 e 134,7% para PEC (RP) e 80,8 e 92,6% para PE (RV) da média obtida pelos respectivos híbridos. As predições obtidas para RP e RV revelam que, além dos bons níveis de resistência, C_T12345 deverá apresentar excelente potencial produtivo ao nível de populações.

Comparando as médias do composto amplo com as demais preditas em RP, pode-se verificar que C_T12345 apresentou menores médias de produtividade que cinco compostos para PEC e PGC, com diferenças de no máximo 0,08 t/ha. Estes valor é extremamente baixo e não se justifica a utilização de compostos com menor tamanho, com a finalidade de obter melhores médias de produtividade. Entretanto, para as condições de RV, doze compostos produziram cerca de 0,10 a 0,62 t/ha a mais que o composto amplo para RV. Nesta situação talvez se justifique a utilização de um composto de menor tamanho, com maior valor de predição de médias para PE. Porém, como o objetivo principal da obtenção de compostos não é a utilização direto do mesmo em campo de produção, mas sim como fonte para melhoramento, o uso de um único composto amplo para RP e RV pode ser justificável para se obter maior variabilidade genética para os caracteres de produção, sanidade e para uma economia de tempo e dinheiro.

As predições de médias do composto amplo, baseado nos ensaios “top-crosses” de RP, para AP, AE, PREP, %AC e %QUE foram iguais a 237 cm, 142 cm, 0,60, 5,42% e 4,91%, respectivamente. Estes resultados podem ser considerados elevados, sendo ainda maiores que as médias obtidas pelo composto amplo baseado nos ensaios dialélicos de RP. Para todos estes caracteres vegetativos as médias do composto amplo foi intermediária as predições extremas dos compostos de menor tamanho.

As médias preditas do composto amplo para AP, AE, PREP, %AC e %QUE para RP foram cerca de 13,0 cm, 8,0 cm, 0,02, 4,13% e 2,21% maiores que a mínima média predita para os compostos de menor tamanho, respectivamente. Estes resultados não indicaram uma suficiente superioridade dos compostos menores, que justificasse a escolha de um deles em detrimento do C_T12345. Somente o composto C_T45 foi ligeiramente melhor que o composto C_T12345, simultaneamente para todos os caracteres vegetativos.

As médias obtidas pelo composto amplo para caracteres vegetativos revelaram a necessidade de seleções futuras neste material visando melhoramento para estes caracteres. Existem fortes indicações que a seleção neste sentido produzirá bons resultados, devido a existência de suficiente variabilidade nas populações para estes caracteres vegetativos.

4.5 Considerações finais

O crescimento da importância das doenças de milho no Brasil motivou empresas privadas e públicas a desenvolver o Projeto NAP-MILHO para avaliação e identificação de fontes de resistência a doenças foliares. Na fase inicial deste projeto foram avaliados 1276 acessos e 140 variedades de milho com algum nível de melhoramento. Alguns dos principais objetivos deste projeto foram analisar a diversidade genética, identificar fontes de resistência a doenças na coleção de germoplasma de milho no Brasil, determinar grupos heteróticos e sintetizar novas populações com elevada frequência de alelos favoráveis para resistência genética a doenças. Os acessos e as populações foram avaliadas em 13 locais, sendo que somente para as populações foram instalados experimentos com repetições em blocos ao acaso.

A partir dos resultados obtidos no projeto NAP-Milho foram realizadas análises de variância e testes de médias para auxiliar na seleção das 36 melhores populações para serem utilizadas neste trabalho. Os bons resultados para resistência a doenças e caracteres agrônômicos nos ensaios de progênies de IG, cruzamentos dialélicos e nos “top-crosses”, revelam que a estratégia utilizada para seleção, a partir das 140 populações originalmente avaliadas, foi coerente e efetiva para o melhoramento. As populações selecionadas para compor o Grupo-I e Grupo-II foram, de um modo geral, resistentes para POLY e resistentes a medianamente resistente para PHYS e PHAE. Graças a variabilidade genética verificada nestas populações, esforços futuros visando melhorar os níveis de resistência deverão obter sucesso.

A escolha de dois locais contrastantes para instalação dos ensaios permitiu a comparação do desempenho diferenciado dos materiais sob a ocorrência ou não de incidência de doença, e verificar o desempenho destas populações para demais caracteres agronômicos de interesse em ambientes diferentes.

A época de plantio utilizada para instalação dos ensaios de RP e a utilização de bordadura suscetível à *P. polysora* foi adequada para favorecer a ocorrência de epidemias de ferrugens polysora e tropical. Entretanto, em trabalhos futuros seria recomendada a inoculação artificial das bordaduras com o patógeno, para maior garantia de incidência de doenças nos níveis desejados. A ocorrência e severidade das doenças podem ser verificadas através dos resultados obtidos para as testemunhas utilizadas como padrões de resistência e suscetibilidade.

A utilização de testemunhas com padrões de resistência diferenciados foi importante na caracterização do nível de incidência das doenças nos ensaios avaliados e do desempenho relativo das populações per se e em cruzamentos.

A precisão experimental obtida nos ensaios pode ser considerada como sendo adequada para a maioria dos caracteres avaliados, em comparação aos padrões apresentados na literatura. No caso das avaliações para resistência a doenças, onde ainda não se dispõem de suficientes estimativas de CVe% para comparação, os intervalos de confiança indicaram uma boa precisão das avaliações, especialmente considerando que estas foram realizadas ao nível de médias de parcelas.

As chances de sucesso com a seleção aumenta à medida que se utiliza a estratégia de iniciar o melhoramento em populações com padrões de resistência adequados. Isto pode ser verificado neste trabalho pois, já de início, foram obtidos excelentes níveis de resistência para POLY, o que poderia ter sido alcançado somente após vários ciclos de seleção recorrente em populações com baixa frequência de alelos conferindo resistência.

As perspectivas de ganhos com a seleção, calculadas através dos parâmetros genéticos estimados nos ensaios de progênies de IG para resistência, não foram suficientes para mudar expressivamente o nível de resistência nas populações melhoradas. Entretanto, é preciso considerar que foram selecionados de 12 a 15

progênes dentre 50 progênes de cada população. A intensidade de seleção utilizada variou de 24 a 30%, que pode ser considerada relativamente baixa. Para que fossem obtidos ganhos mais significativos com a seleção, seria necessário trabalhar com um maior número de progênes por população, cerca de 500 progênes. Desta forma, seria possível aumentar a probabilidade de se observar indivíduos extremos, aumentar a intensidade de seleção e, conseqüentemente, obter maiores avanços com a seleção. Neste trabalho foram avaliadas apenas 50 progênes por população, devido a grande quantidade de ensaios e populações estudadas. Apesar do observado para os caracteres de resistência, os ganhos estimados de seleção para produção foram semelhantes aos apresentados pela literatura e resultaram em aumentos expressivos da produção em algumas populações. Entretanto, para os caracteres vegetativos, os ganhos estimados de seleção foram de pequena magnitude, devido à maior importância dada para outros caracteres nesta fase de seleção. Apesar dos ganhos maiores ou menores esperados com a seleção, é preciso lembrar que a seleção recorrente é um processo cíclico, onde os ganhos são sucessivos e cumulativos, aumentando a cada ciclo a frequência dos alelos favoráveis.

A utilização de progênes de IG para estudo das populações tem o inconveniente de não estimar diretamente a variância aditiva, assim como se pode obter através de progênes de meios irmãos (MI). Entretanto, optou-se pelo uso de progênes de IG devido a falta de informações referentes à magnitude das variâncias genéticas para avaliação de resistência a doenças, pois temeu-se que estas variâncias pudessem ser relativamente baixas e não detectáveis, caso se utilizassem progênes de MI. Em trabalhos futuros, poderiam ser utilizadas progênes de MI para estudos dos parâmetros genéticos relacionados com a herança da resistência à doenças em populações. Poderiam também ser utilizadas progênes endogâmicas para aumentar os progressos com a seleção para resistência a doenças e caracteres agrônômicos favoráveis, mas seria necessário verificar, primeiramente, a intensidade dos efeitos depressivos da endogamia em relação à resistência das progênes.

A utilização dos esquemas de cruzamentos dialélicos e “top-crosses” permitiu verificar o potencial das populações em cruzamentos. As populações com melhor desempenho em cruzamento poderão ser utilizadas para programas de seleção visando obtenção de híbridos com elevado potencial produtivo e resistência. As populações com melhor desempenho per se poderão ser utilizadas para obtenção de variedades melhoradas. Estes esquemas de cruzamentos também foram úteis para fazer inferências sobre a importância relativa dos componentes de variância genética para a resistência às doenças estudadas. As estimativas de efeitos de variedades e de heterose de variedades, obtidas a partir dos modelos utilizados para estes esquemas de cruzamentos, foram utilizadas na estimação do parâmetro capacidade geral de combinação. As estimativas de capacidade geral de combinação foram úteis para auxiliar na seleção das populações para estudo de predição de compostos. A recombinação das populações selecionadas para síntese de novos compostos representará uma nova fase do melhoramento visando resistência à doenças. Os compostos gerados deverão conter frequências elevadas de alelos favoráveis para resistência a doenças e para caracteres agronômicos e ampla variabilidade a ser explorada no melhoramento.

Apesar da produção média das cinco variedades selecionadas através dos ensaios “top-crosses” ser menor que a média das cinco selecionadas no dialélico, o primeiro conjunto revelou-se mais promissor para síntese de compostos. De fato, as médias de compostos estimadas a partir dos resultados obtidos a partir dos ensaios “top-crosses” foram sensivelmente maiores do que as obtidas para o dialélico. Isto se deve ao fato de haver maior oportunidade de ocorrência de cruzamentos mais heteróticos quando se utiliza um conjunto maior de variedades, como no caso dos “top-crosses”. Uma outra vantagem de se formar um composto a partir do cruzamento de variedades mais heteróticas está relacionada a uma maior expressão da variabilidade no composto resultante (Miranda Filho & Chaves, 1991).

A opção de realizar cruzamentos dialélicos com recíprocos representou um aumento considerável no número de tratamentos avaliados, mas foi justificável devido ao desconhecimento da existência ou não de efeitos recíprocos para resistência a doenças, condicionada pela herança extracromossômica ou materna.

Com base nos objetivos inicialmente propostos neste trabalho e nos resultados obtidos, acredita-se que a metodologia utilizada foi adequada para alcançar os alvos propostos.

5 CONCLUSÃO

De acordo com os resultados obtidos neste trabalho as principais conclusões foram:

- a) As dez populações avaliadas através de ensaios de progênies de irmãos germanos apresentam excelente padrão de resistência à *Puccinia polysora* e bons níveis de produção, podendo ser indicadas para uso como fontes de resistência para programas de melhoramento. Entretanto, estas populações apresentam níveis de resistência à *Physopella zae* e *Phaeosphaeria maydis* oscilando entre resistente e medianamente resistente, indicando a necessidade de maiores esforços de melhoramento.
- b) Existe suficiente variabilidade genética dentro das populações estudadas para resistência a quase todas as doenças avaliadas. Há indícios de maior variabilidade genética para PHAE, em segundo para PHYS e depois para POLY. A seleção dentro das populações estudadas deverá ser efetiva no sentido de melhorar ainda mais os níveis de resistência a *Phaeosphaeria maydis* e *Physopella zae*.
- c) Existe variabilidade genética para os caracteres vegetativos (AP, AE, PRE, %AC e %QUE), nas populações utilizadas no estudo de progênies de IG, que deve permitir seleções futuras visando melhoramento para padrões mais adequados.

- d) Os tratamentos dos ensaios dialelos, populações parentais e cruzamentos, apresentam bom padrão de resistência para POLY (resistente), PHYS e PHAE (medianamente resistente), sendo observado efeitos significativos de tratamentos apenas para. PHYS, PHAE e %ED.
- e) Para PHYS e PHAE os efeitos aditivos são as fontes de variação mais importantes no controle genético da resistência desta doenças. Todavia, os efeitos de dominância podem ser importantes para %ED e, em menor proporção, para PHAE (RP). A dominância para %ED é em direção a maior resistência, sendo que para PHAE a dominância não foi unidirecional.
- f) Não há evidências consistentes da existência de herança extracromossômica para resistência a doenças.
- g) Os efeitos significativos de heterose para os caracteres de produção nos ensaios dialélicos e “top-crosses” revelam a existência de divergências genéticas entre populações.
- h) Das populações avaliadas nos ensaios dialélicos, NAP21 (BR105), NAP48 (CMS 58 ND), NAP49 (CMS 59 Sintético Elite), NAP97 (IAPAR 51) e NAP114 (PMI 9401) são as que apresentam as melhores possibilidades de uso em relação aos caracteres de produção e resistência a doenças foliares, com vistas a formação de compostos.
- i) Os tratamentos dos ensaios “top-crosses”, populações parentais e cruzamentos, apresentam resistência para POLY na maioria dos casos e mediana resistência para PHYS e PHAE, com valores relativamente baixos de %ED.

- j) Os efeitos aditivos são a principal fonte de na variação para POLY, PHYS e PHAE (RP) nas populações avaliadas nos ensaios de “top-crosses”. Os componentes dominantes também podem ser importantes na manifestação da resistência para %ED e PHAE.
- k) Das populações avaliadas nos ensaios “top-crosses”, NAP07 (CMS 14C), NAP22 (BR 106), NAP44 (CMS 54), NAP97 (IAPAR 51) e NAP114 (PMI 9401), são as que apresentam as melhores possibilidades de uso em relação aos caracteres de resistência a doenças foliares e produção, com vistas a formação de compostos.
- l) A seleção realizada em um total de 140 variedades melhoradas, previamente avaliadas no projeto NAP-Milho, foi efetiva para escolha de populações com níveis adequados de resistência a *Puccinia polysora*, *Physopella zeae* e *Phaeosphaeria maydis*, produtividade e caracteres vegetativos aceitáveis para o melhoramento.
- m) A utilização do esquema de cruzamentos “top-crosses” apresenta vantagens em relação a utilização de cruzamentos dialélicos, pois permite a avaliação de um maior número de variedades em cruzamentos, para uma mesma quantidade de recursos, e com isto uma maior chance de captar variedades mais heteróticas, que pode contribuir para obtenção de compostos mais promissores e com maior variabilidade potencial.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARAÚJO, P.M. Variabilidade genética em sub populações de milho (*Zea mays* L.) obtidas por seleção divergente. Piracicaba, 1992. 153p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- BAILEY, B.A.; SCHUH, W.; FREDERICKSEN, R.A.; et al. Identification of show rusting resistance to *Puccinia polysora* Underw. in inbreds and single crosses. **Plant Disease**, v. 71, p. 518-521, 1987.
- BALMER, E. Doenças do milho. In : GALLI, F. (Ed.) **Manual de fitopatologia**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1980. cap. 27, p.371-391.
- BALMER, E.; PEREIRA, O.A.P. Doenças do milho. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.) **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. cap.14, p.597-634.
- BEDENDO, I.P. Ferrugens. In: BERGAMIN FILHO, A.; KIMATI, H.; AMORIN, L. **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1995. p.872-880. 919p.
- BENITEZ TORRES, L. Avaliação de progênes de irmãos germanos obtidas de cruzamentos em cadeia em duas populações de milho (*Zea mays* L). Piracicaba, 1986. 102p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Univeridade de São Paulo.

- BENNETZEN, J.L.; HULBERT, S.H. Organization, instability and evolution of plant disease resistance genes. **Plant Molecular Biology**, v.20, p.575-578, 1992.
- BENNETZEN, J.L.; QUIN, M.; INGELS, S. et al. Allelic specific and mutator associated instability at the Rp1 disease resistance locus of maize. **Nature**, v.332, p.369-370, 1988a.
- BENNETZEN, J.L.; BLEVINS, W.E.; ELLINGBOE, A.H. Cell autonomous recognition of the rust pathogen determines Rp1-specified resistance in maize. **Science**, v.241, p.208-210, 1988b.
- BERGQUIST, R.R. Transfer from *Tripsacum dactyloides* to corn of a major gene locus conditioning resistance to *Puccinia sorghi*. **Phytopathology**, v. 71, n.5, p.518-520, 1981.
- BLEICHER, J.; BALMER, E.; ZINSLY, J.R. Resistência horizontal à *Exserohilum turcicum* em milho, cultivar pipoca amarela. **Fitopatologia Brasileira**, v.18, p.187-193, 1993.
- BOJANOWSKY, J. Recurrent selection for smut resistance in corn. **Der Zuchter**, v.37, p.151-155, 1967.
- BONDE, M.R.; BROMFIELD, K.R.; MELCHING, J.S. Morphological development of *Physopella zeae* on corn. **Phytopathology**, v. 72, p.1489-1491, 1982.
- BRIEGER, F.G.; GURGEL, J.T.A.; PATERNIANI, E. et al. Races of maize in Brazil and other eastern South American countries. **Nat. Acad. Sci - Nat. Res. Council Publ.** n. 593, 1958.

- CAMARGO, L. E. A.; BERGAMIN FILHO, A. Controle genético. In: Bergamin Fº, A.; Kimati, H. e Amorin, L. **Manual de fitopatologia**. 3.ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 1995. v.1, p.899-906.
- CANTON, T. Avaliação de oito ciclos de seleção recorrente na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan DMR. Piracicaba, 1988. 112. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- CARDOSO, A.A. Variação entre compostos e sua utilização no melhoramento do milho. Piracicaba, 1976. 48p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- CARVALHO, H.W.L. Predição de médias de compostos de milho (*Zea mays* L.) para micro região homogênea 131 do Estado da Bahia. Piracicaba, 1980. 112p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- CARVALHO, R.V. Resistência do milho a *Physopella zae* (mains) Cummins & Ramachar, agente causal da ferrugem tropical. Piracicaba, 1995. 82p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- CEBALLOS, H.; DEUTSCH, J.A.; GUTIERREZ, H. Recurrent selection for resistance to *Exserohilum turcicum* in eight subtropical maize populations. **Crop Science**, v.31, p.964-971, 1991.
- CHANG, R.; PETERSON, P.A. Instability of the maize disease-resistance gene, Rpl, in transposable element-laden lines. **Journal of Genetic & Breeding**, v.47, p.145-150, 1993.

- CHAVES, L.J. MIRANDA FILHO, J.B. Predicting variety composite means without diallel crossing. **Revista Brasileira de Genética**, v.20, p.501-506, 1997.
- COE JUNIOR, E.H.; NEUFFER, M.G.; HOISINGTON, D.A. The genetics of corn. In: SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W. (Ed.) **Corn and corn improvement**. Madison: ASA/CSSA/SSSA, 1977. p.194-196.
- COMPTON, W.A.; LONNQUIST, J.W. A multiplicative selection index applied to four cycles of full-sib recurrent selection in maize. **Crop Science**, v.22, p.981-983, 1982.
- CRISÓSTOMO, J.B. Estimação de parâmetros genéticos e fenótipos visando seleção em dois compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1978. 71p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Imprensa Universitária, 1994. 390p.
- DANTAS, A.C.V. Cruzamento dialélico parcial circulante para avaliação de linhagens de milho (*Zea mays* L.) ao nível interpopulacional. Piracicaba, 1988. 153p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- DANTAS, J.L.L. Cruzamentos dialélicos parciais para avaliação de híbridos intermediários entre duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1992. 216p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- DAS, S.N.; PRODHAN, H.S.; KAISER, S.A.K.M. Further studies on the inheritance of resistance to phaeosphaeria leaf spot of maize. **Indian Journal of Mycological Research**, v. 27, p. 127-130, 1989a.

- DAS, S.N.; SINHAMAHAPATRA, S.P.; BASAK, S.L. Inheritance of resistance to phaeosphaeria leaf spot of maize. **Annals of Agricultural Research**, v.10, p.182-184, 1989b.
- DAVIS, D.W.; RANDLE, W.; GROTH, J.V. Some sources of partial resistance to common leaf rust (*Puccinia sorghi*) in maize and strategy for screening. **Maydica**, v.33, p.1-13, 1988.
- DAVIS, D.W.; ENGELKES, C.A.; GROTH, J.V. Erosion of resistance to common leaf rust in exotic-derived maize during selection for other traits. **Phytopathology**, v. 80, p.339-342, 1990.
- DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. **Rep. Puerto Rico Agric. Exp. Stn**, p.14-15, 1927.
- DE LÉON, C. **Moléstias do milho: guia para sua identificação**. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1994. 119p.
- DÖRING, H.P. Tagging gene with maize transposable elements. **Maydica**, v.34, p.73-78, 1989.
- DUDLEY, J.W.; MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetics variance in plant breeding. **Crop Science**, v.9, p.257-262, 1969.
- EAGLES, H.A.; LOTHROP, J.E. Highland maize from central Mexico - Its origin, characteristics and use in breeding programs. **Crop Science**, v.34, p.11-19, 1994.
- EBERHART, S.A.; GARDER, C.O. A general model for genetic effects. **Biometrics**, v.20, p.864-881, 1966.
- EBERHART, S.A.; HARRISON, M.N.; AGODA, F. A Comprehensive breeding system. **Der Zuchter**, v.37, p.169-174, 1967.

- EVERETT, L.A.; ETA, N.D.U.; NDIORO, M. et al. Combining ability among source populations for tropical mid altitude maize inbreds. **Maydica**, v.40, p.165-171, 1995.
- FANTIN, G.M.; SILVA, H.P.; BALMER, E. et al. Herança da resistência a ferrugem causada por *Puccinia polysora* em milho. **Fitopatologia Brasileira**, v.18, p.332-333, 1993. Suplemento.
- FLOR, H.H. The complementary genetic systems in flax and flax rust. **Advances in Genetics**, v.8, p.29-54, 1956.
- FREYMARK, P.J.; LEE, M.; WOODMAN, W.L. et al. Quantitative and qualitative trait loci affecting host-plant response to *Exserohilum turcicum* in maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.87, p.537-544, 1993.
- FREYMARK, P.J.; LEE, M.; MARTINSON, C.A. et al. Molecular marker-facilitated investigation of host-plant response to *Exserohilum turcicum* in maize (*Zea mays* L.): components of resistance. **Theoretical and Applied Genetics**, v.88, p.305-313, 1994.
- FUTRELL, M.C. *Puccinia polysora* epidemics on maize associated with crossing practice and homogenetic homogeneity. **Phytopathology**, v.65, p.1040-1042, 1975.
- FUTRELL, M.C.; HOOKER, A.L.; SCOTT, G.E. Resistance in maize to corn rust, controlled by a single dominant gene. **Crop Science**, v.15, p.597-599, 1975.
- GARDNER, C.O. Teoria de genetica estatistica aplicada a las medias se variedades, sus cruces y poblaciones afines. **Fitotecnia Latinoamericana**, v.2, p.11-22, 1967.
- GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v.22, p.439-452, 1966.

- GENTER, C.F. Mass selection in composite of intercrosses of mexican races of maize. **Crop Science**, v.16, p.556-558, 1976.
- GERALDI, I.O.; MIRANDA FILHO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira Genética**, v.11, p.419-430, 1988.
- GEVERS, H.O. A new major gene for resistance to *Helminthosporium turcicum* leaf blight of maize. **Plant Disease Reporter**, v.59, p.296-299, 1975.
- GINGERA, G.R.; DAVIS, D.W. Identification and inheritance of delayed first pustule appearance to common leaf rust in sweet corn. **Journal of American Society Horticultural Science**, v.120, n.4, p.667-672, 1995.
- GINGERA, G.R.; DAVIS, D.W.; GROTH, J.V. Pedigree selection for improved partial resistance to common leaf rust in sweet corn. **Crop Science**, v.34, p.615-620, 1994.
- GONÇALVES, P.S. Esquema circulante de cruzamentos para avaliação de linhagens de milho (*Zea mays* L.) ao nível interpopulacional. Piracicaba, 1987. 140p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- GOODMAN, M. Estimates of genetic variance in adapted and exotic population of maize. **Crop Science**, v.5, p.87-90, 1965.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal Biology Science**, v.9, p.463-493, 1956.
- GROTH, J.V.; DAVIS, D.W.; ZEYEN, R.J. et al. Ranking of partial resistance to common rust (*Puccinia sorghi* Schw) in sweet corn (*Zea mays*) hybrids. **Crop Protection**, v. 2, p. 219-223, 1983.

- GROTH, J.V.; PATAKY, J.K.; GINGERA, G.R. Virulence in eastern North American populations of *Puccinia sorghi* to Rp resistance genes in corn. **Plant Disease**, v.76, p.1140-1144, 1992.
- HAGAN, W.L.; HOOKER, A. L. Genetics of the reaction to *Puccinia sorghi* in eleven corn inbred lines from Central and South America. **Phytopathology**, v.55, p.193-197, 1965.
- HALLAUER, A.R; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames: Iowa State University Press, 1995. 468 p.
- HEADRICK, J.M.; PATAKY, J.K. Effects of night temperature and mist period on infection of sweet corn by *Puccinia sorghi*. **Plant Disease**, v.70, p.950-953, 1986.
- HEALTH, M.C.; BONDE, M.R. Ultrastructural observations of the rust fungus *Physopella zae* in *Zea mays*. **Canadian Journal of Botany**, v.61, p.2231-2242, 1983.
- HILU, H.M.; HOOKER, A.L. Monogenic chlorotic lesion resistance to *H. turcicum*. in corn seedlings. **Phytopathology**, v.53, p.909-912, 1963.
- HONG, K.S.; RICHTER, T.E.; BENNETZEN, J.L. et al. Complex duplications in maize lines. **Molecular General Genetics**, v.239, p.115-121, 1993.
- HOOKE, A.L. Corn leaf diseases. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE 17. **Proceedings**. ASTA, 1962. p.24-36.
- HOOKE, A.L. Inheritance of chlorotic-lesion resistance to *H. turcicum* in seedling corn. **Phytopathology**, v.53, p. 660-662, 1963a.
- HOOKE, A.L. Monogenic resistance in *Zea mays* L. to *H. turcicum*. **Crop Science**, v.3, p.381-383, 1963b.

- HOOKER, A.L. Widely based resistance to rust in corn. In: BROWNING, J.A. (Ed.) **Disease consequences of intensive and extensive culture of field crops**. Iowa Agric. Home Econ. Exp. Stn. Spec. Rep. n.64, 1969. p.28-34.
- HOOKER, A.L. Genetics of disease resistance in maize. In: WALDEN, D.B. (Ed.) **Maize breeding and genetics**. New York: Wiley Interscience, 1978. p.328-329.
- HOOKER, A.L.; LEROUX, P. M. Sources of protoplasmic resistance to *Puccinia sorghi* in corn. **Phytopathology**, v.47, p.187-191, 1957.
- HOOKER, A.L.; KIM, S.K. Monogenic and multigenic resistance to *Helminthosporium turcicum* in corn. **Plant Disease Reporter**, v.57, p.586-589, 1973.
- HOOKER, A.L.; PERKINS, J.M. Helminthosporium leaf blights of corn the state of the art. In ANNUAL CORN & SORGHUM INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 35., Chicago, 1980. **Proceedings**. Washington: American Seed Trade Association, 1980. p.68-87.
- HOOKER, A.L.; RUSSELL, W.A. Inheritance of resistance to *Puccinia sorghi* in six corn inbred lines. **Phytopathology**, v.52, p.122-128, 1962.
- HOOKER, A.L.; SAXENA, K.M.S. Genetics of disease resistance in plants. **Annual Review Genetics**, v.5, p.407-424, 1971.
- HU, G.S.; HULBERT, S. Construction of "compound" rust resistance genes in maize. **Euphytica**, v.87, p.45-51, 1996.
- HUGHES, G.R.; HOOKER, A.L. Gene action conditioning resistance to northern leaf blight in maize. **Crop Science**, v.11, p.180-184, 1971.
- HULBERT, S.H.; BENNETZEN, J.L. Recombination at the Rpl locus of maize. **Molecular General Genetics**, v.226, p.377-382, 1991a.

- HULBERT, S.H.; BENNETZEN, J.L. Reactions of maize lines carrying Rp resistance genes to isolates of the common rust pathogen, *Puccinia sorghi*. **Plant Disease**, v.75, p.1130-1133, 1991b.
- JENKINS, M.T. Methods of estimating the performance of double crosses in corn. **Journal of American Society Agronomy**, v.26, p.199-204, 1934.
- JENKINS, M.T.; ROBERT, A.L.; FINDLEY JUNIOR, W.R. Inheritance of resistance to *Helminthosporium turcicum* leaf blight in populations of F₃ progenies. **Agronomy Journal**, v.44, p.438-342, 1952.
- JENKINS, M.T.; ROBERT, A.L.; FINDLEY JÚNIOR, W.R. Recurrent selection as a method for concentrating genes for resistance to *Helminthosporium turcicum* leaf blight in corn. **Agronomy Journal**, v.46, p.89-94, 1954.
- JORDAN, E.G.; PERKINS, J.M.; SCHALL, R.A. et al. Occurrence of race 2 of *Exserohilum turcicum* on corn in the central and eastern United States. **Plant Disease**, v.67, p.1163-1165, 1983.
- KIM, S.K. Quantitative genetics of *Puccinia sorghi* resistance and busk number in *Zea mays*. 1974. Thesis (Ph.D) - University of Hawaii.
- KIM, S.K.; BREWBAKER, J.L. Inheritance of general resistance in maize to *Puccinia sorghi* Schw. **Crop Science**, v.17, p.456-461, 1977.
- KRUG, C.A.; VIEGAS, G.P.; PAOLIERE, P. Híbridos comerciais de milho. **Bragantia**, v.3, p.367-552, 1943.
- LALLMAHOMED, G.M.; CRAIG, J. Races of *Puccinia polysora* in Nigeria. **Plant Disease Report**, v.52, p.136-8, 1968.

- LEE, M. Genetic analysis of resistance to european corn borer and northern corn leaf blight in maize. In: ANNUAL CORN & SORGHUM INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 48., Chicago, 1993. **Proceedings**. Washington: American Seed Trade Association, 1993. p. 213-223.
- LEE, B.H.; HOOKER, A.L.; RUSSELL, W. A. et al. Genetic relationships of alleles on chromosome 10 for resistance to *Puccinia sorghi* in 11 corn lines. **Crop Science**, v.3, p.24-26, 1963.
- LEMOES, M.A.; GAMA, E.E.G.; OLIVEIRA, A.C.; ARAÚJO, M.R.A. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais em progênies de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.27, 1563-1569, 1992.
- LEONARD, K.J.; LEATH, S. Evidence that race 1 of *Setosphaeria turcica* caused the 1985 northern corn leaf blight epidemic in North Caroline. **Plant Disease**, v.70, p.981, 1986.
- LIM, S.M.; HOOKER, A.L.; PAXTON, D.J. Isolation of phytoalexins from corn with monogenic resistance to *Helminthosporium turcicum*. **Phytopathology**, v.60, p. 1071-1074, 1970.
- LIMA, M.; PATERNIANI, E. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-VD2 MI-HSIII e suas implicações no melhoramento. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, ESALQ/USP, v.11, p.84-89, 1977.
- LIMA, M.; GIMENES FERNANDES, N.; MIRANDA FILHO, J.B. et al. Introduction of maize (*Zea mays* L.) germplasms as sources for downy mildew (*Peronosclerospora sorghi*) resistance. **Maydica**, v.27, p.159-168, 1982.

- LIMA, M.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; DUDIENAS, C. et al. Avaliação da resistência à ferrugem tropical em linhagens de milho. **Bragantia**, v.55, p.269-273, 1996.
- LIMA, M., MIRANDA FILHO, J.B., DUDIENAS, C. et al. Inheritance of the resistance to tropical rust cause by *Physopella zea* in maize. **Maydica**, 1998. /No prelo/
- LONNQUIST, J.H. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. **Bulletin "University Nebraska College Agricultural Research"**, v.197, p.1-33, 1961.
- LORDELO, J.A.C. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão-VD2 e Piranão-VF1. Piracicaba, 1982. 63p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- MAINS, E.B. Inheritance of resistance to rust, *Puccinia sorghi*, in maize. **Journal Agricultural Research**, v.43, p.419-430, 1931.
- MARQUES, J.R.B. Seleção recorrente com endogamia em duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1988. 145p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- MATHER, K. **Biometrical genetics**. London: Methuen, 1949. 162p.
- MATHER, K.; JINKS, J.L. **Biometrical genetics: study of continuous variations**. 2.ed. London: Chapman & Hall, 1971. 382p.
- MC GEE, D.C. **Maize disease: a reference source for seed technologists**. 2.ed. St Paul: Press. American Phytopathological Society, 1990, 150p.
- MELCHING, J.S. Corn rusts: Types, races and destructive potential. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 30., **Proceedings**. Washington: American Seed Trade Association, 1975. p. 90-115.

- MENTEN, J.O.M.; PARADELA, A.L.; MARTINS, L.M.O. et al. Potencial de produtividade e reação à *Phaeosphaeria maydis* de genótipos de milho em Pinhal-SP In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 21. Londrina, 1996. **Resumos**. Londrina: IAPAR, 1996. p. 7.
- MIRANDA FILHO, J.B. Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta. Piracicaba, 1974. 116p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ-PB1. **Relatório Científico do Instituto de Genética, ESALQ/USP**, v.11, p.90-99, 1977.
- MIRANDA FILHO, J.B. Herdabilidade da altura da planta e da espiga na população ESALQ-PB1. **Relatório Científico do Instituto de Genética, ESALQ/USP**, v.12, p.116-121, 1978.
- MIRANDA FILHO, J.B. Breeding methodologies for tropical maize. In: BRANDOLINI, A.; SALAMINI, F. (Ed.), **Breeding strategies for maize production improvement in the tropics**. Firenze: Ist. Agron. per l'Oltremare, 1985. p.177-206.
- MIRANDA FILHO, J.B. Analysis of diallel tables with reciprocal crosses. **Revista Brasileira de Genética**, v.18, p.633-637, 1995.
- MIRANDA FILHO, J.B.; CHAVES, L.J. Procedures for selecting composites based on prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics**, v.81, p.265-271, 1991.
- MIRANDA FILHO, J.B.; CHAVES, L.J. Analysis of diallel tables with F₂ generations. **Revista Brasileira Genética**, v.19, p.127-132, 1996
- MIRANDA FILHO, J.B.; GERALDI, I.O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **Revista Brasileira Genética**, v.7, p.677-688, 1984.

- MIRANDA FILHO, J.B.; VENCovsky, R. Predição de médias na formação de alguns compostos de milho visando a produção de grãos e o porte da planta. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, ESALQ/USP, Piracicaba, v.7, p.117-126, 1973.
- MIRANDA FILHO, J.B.; VENCovsky, R. Analysis of diallel crosses among open pollinated varieties of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.29, p.217-234, 1984.
- MIRANDA FILHO, J.B.; VENCovsky, R. Analysis of variance with interaction of effects. **Revista Brasileira Genética**. v.18, n.1, p.129-134, 1995.
- MIRANDA FILHO, F.B.; VENCovsky, R.; PATERNIANI, E. Variância genética aditiva da produção de grãos em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, ESALQ/USP, v.6, p.67-73, 1972.
- MIRANDA FILHO, F.B.; VENCovsky, R.; PATERNIANI, E. Variância genética aditiva da altura da planta e da espiga em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, ESALQ/USP, v.8, p.104-108, 1974.
- MIRANDA FILHO, J.B.; VIEGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E; VIEGAS, G.P. (Ed.) **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. cap.7, p.277-340.
- MÔRO, J.R.; NASPOLINI FILHO, V.; VIANNA, R.T. et al. Introdução de novos germoplasmas de milho no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.16, p.867-882, 1981.
- MÔRO, J.R. Avaliação de quinze sintéticos de milho (*Zea mays* L.) em cruzamentos dialélicos. Piracicaba, 1987, 65p. Tese (Livre-Docência) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

- MOLL, R.H.; ROBINSON, H.F. Quantitative genetic investigation of yield of maize. **Der Zuchter**, v.37, p.1992-1999, 1967.
- MOLL, R.H.; STUBER, C.W. Comparison of response to alternative selection procedures initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.11, 706-711, 1971.
- NARRO LEON, T.P. Parâmetros genéticos e fenotípicos da resistência à *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs em populações de milho. Piracicaba, 1996, 146p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- NASS, L.L. Variabilidade genética de populações semi exóticas de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1992, 141 p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- OSLER, R.D. Practical means of solving maize virus disease problems in the less developed countries. In: WILLIAMS, L.E. et al. **Maize virus disease colloquium workshop**. Agricultural Research and Development Center, 1976. p.132-135.
- PARENTONI, S.N.; TAVARES, F.; MAGNAVACA, R. et al. Avaliação de cruzamentos dialélicos para tolerância a *Phyllosticta* sp em milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 20., Goiânia, 1994. **Resumos**. p.18.
- PARLEVLIET, J.E. Can horizontal resistance be recognized in the presence of vertical resistance exposed to a mixture of pathogen races? **Plant Disease**, v.73, p.379, 1993.
- PATAKY, J.K. Quantitative relationships between sweet corn yield and common rust, *Puccinia polysora*. **Phytopathology**, v.77, p.1066-1041, 1987a.

- PATAKY, J.K. Reaction of sweet corn germplasm to common rust and an evaluation of Rp resistance in Illinois. **Plant Disease**, v.71, p.824-828, 1987b.
- PATAKY, J.K.; EASTBURN, D.M. Comparing partial resistance to *P. sorghi* and applications of fungicides for controlling common rust on sweet corn. **Phytopathology**, v.83, p.1046-1051, 1993.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de Populações. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.) **Melhoramento e Produção do Milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. cap.6, p.217-274.
- PEDERSEN, W.L.; BRANDENBURG, L.J. Mating types, virulence and cultural characteristics of *Exserohilum turcicum* race 2. **Plant Disease**, v.70, p.290-292. 1986.
- PEREIRA, O.A.P. Situação atual de Doenças da cultura do milho no Brasil e estratégias de controle. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 12., Piracicaba, 1995. **Anais**. Piracicaba: Departamento de Genética/ ESALQ, 1995. p. 25-30.
- PEREIRA, O.A.P.; BALMER, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Inheritance of the resistance to stalk rot in maize (*Zea mays* L.) caused by *Colletotrichum graminicola* (CES).Wils. **Revista Brasileira Genética**, v.12, p.53-65, 1989.
- PETERSON, P.A. The isolation of *En-1* in the wx84-4 allele. **Maize Genetic Cooperation Newsletter**, v.59, p.3, 1985.
- PETERSON, P.A. Mobile elements in maize. **Plant Breeding Reviews**, v.4, p.3-122, 1986.

- PRATT, R.C.; ADIPALA, E.; LIPPS, P.E. Characterization of race-nonspecific resistant to *E. turcicum* races 0 and 1 in maize Oh1051 progenies. **Plant Disease**, v.77, p. 1227-1232, 1993.
- PRYOR, A.J. The origin and structure of fungal disease resistance genes in plants. **Trends Genetics**, v.3, p.157-161, 1987.
- RAID, R. N.; PENNYPACKER, S. P.; STEVENSON, R. E. Characterization of *Puccinia polysora* epidemics in Pennsylvania and Maryland. **Phytopathology**, v.78, p.579-585, 1988.
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intra populacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, 1977. 122p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- RANDLE, W.M.; DAVIS, D.W.; GROTH, J.V. Improvement and genetic control of partial resistance in Sweet corn to corn leaf rust. **Journal of American Society Horticultural Science**, v.109, p.777-781, 1984.
- RAYMUNDO, A.D.; HOOKER, A.L.; PERKINS, J.M. Effect of gene Ht_N on the development of northern corn leaf blight epidemic. **Plant Disease**, v.65, p.327-330, 1981.
- REGITANO NETO, A. Avaliação quantitativa da estrutura genética de uma população de milho pipoca. Piracicaba, 1993, 106 p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- RENFRO, B.L. Breeding for disease resistance in tropical maize and its genetic control. In: BRANDOLINI, A. SALAMINI, F. (Ed.) **Breeding strategies for maize production improvement in the tropics**. Publication n.100. Firenze: Ist.Agron. per l Oltremare. Italy-FAO, 1985.

- REZENDE, I.C.; SILVA, H.P.; PEREIRA, O.A.P. Perda da produção de milho causada por *Puccinia polysora* Underw. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 20. Goiânia. 1994. **Resumos**. p.174.
- RHOADES, V.H. The location of a gene for disease resistance in maize. **Proceeding National Academic Science**, v.21, p.243-246, 1935.
- RICHTER, T.E. New rust resistance specificities associated with recombination in the Rp1 complex in maize. **Genetics**, v.141, p.373-381, 1995
- ROBERT, A.L. Hust ranges and races of the corn rust. **Phytopathology**, v.52, p.1010-1012, 1962.
- ROBINSON, R.A. Horizontal resistance. **Review Plant Pathology**, v.52, p.483-501, 1973.
- RODRIGUEZ-ARODON, R.; SCOTT, G.E.; KING, S.B. Maize yield losses caused by southern corn rust. **Crop Science**, v.20, p.812-814, 1980.
- RUSSELL, W.A. Effect of corn leaf rust on grain yield and moisture in corn. **Crop Science**, v.5, p.95-96, 1965.
- SAMPAIO, N.F. Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-PB4 e ESALQ-PB5. Piracicaba, 1986. 105p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- SAMPAIO, N.F. Potencial genético de progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) na obtenção de híbridos intermediários. Piracicaba, 1989. 171p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

- SANTOS, M.X. Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento. Piracicaba, 1985. 186p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- SANTOS, M.X.; NASPOLINI FILHO, V. Estimativas de parâmetros genéticos para peso de espigas na população de milho "Flint composto nordeste". **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.21, p.739-746, 1986.
- SANZ-ALFEREZ, S.; RICHTER, T.E.; HULBERT, S.H.; BENNETZEN, J.L. The Rp3 disease resistance gene of maize: mapping and characterization of introgressed alleles. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 91, p. 25-32, 1995.
- SAXENA, K.M.S. ; HOOKER, A.L. On the structure of a gene for disease resistance in maize **Proceeding National Academic Science**, v.68, p.1300-1305, 1968.
- SAXENA, K.M.S.; HOOKER, A.L. A study on the structure of gene Rp3 for rust resistance in *Zea mays* L. **Canadian Journal Genetic Cytology**, v.16, p.857-60, 1974
- SAWAZAKI, E.; DUDIENAS, C.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z. et al. Reação de cultivares de milho a mancha de *Phaeosphaeria* no Estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v.32, p.585-589, 1997.
- SCHEIBER, E.; DICKSON, J.G. Pathogenicity studies with *Physopella zeae* on corn. **Phytopathology**, v. 53, p.25, 1963.
- SCOTT, G.E.; ZUMMO, N. Effect of genes with show-rusting characteristics on southern corn rust in maize. **Plant Disease**, v.73, p.114-116, 1989.
- SCOTT, G.E.; KING, S.B.; ARMOUR, J.W. Inheritance of resistance to southern corn rust in maize populations, **Crop Science**, v. 24, p. 265-267, 1984.

- SHEPHERD, K.W.; MAYO, G.M.E. Genes conferring specific plant disease resistance. **Science**, v.175, p.375-380, 1972.
- SILVA, J.W. & LONNQUIST, J.H. Genetic variances in populations developed from full-sib and S₁ testcross progeny selection in an open-pollinated variety of maize. **Crop Science**, v.8, p.201-204, 1968.
- SILVA, S.O. Estimativas de parâmetros genéticos em populações de milho braquítico, pelo delineamento I de Comstock e Robinson. Piracicaba, 1990. 153p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- SMITH, D.R.; WHITE, D.G. Disease of corn In: SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W. (Ed.) **Corn and corn improvement**. 3.ed. Madison: American Society of Agronomy, 1988. p.678-786.
- SOARES FILHO, W.S. Características fenotípicas e genéticas das populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico Piranão-VD2B e Piranão-VF1B. Piracicaba, 1987. 185p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- SOTCHENKO, V.S. Evaluation of combining ability of maize lines in top-crosses and diallel crosses. **Seleksiya i Semenovodstvo Kukuruzu**, p. 298-303, 1971. /Resumo em **CAB Abstracts on CD-ROM**, 1972-75/
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Análise de cruzamentos dialélicos e predições de médias de compostos de milho (*Zea mays* L.) braquítico. Piracicaba, 1981. 102p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

- SOUZA JÚNIOR, C.L. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e inter populacional. Piracicaba, 1983. 102p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Genetic variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra – and interpopulation recurrent selection. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, p.271-285, 1989.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Estimação de parâmetros genéticas e fenotípicas de alguns caracteres na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, ESALQ/USP, v.14, p.146-152, 1980.
- SPRAGUE, G.F., TATUM, L.A. General vs specific combining ability in single crosses of corn. **Journal American Society Agronomic**, v.34, p.923-932, 1942.
- SUDUPAK, M.A.; HULBERT, S.H. Mechanism of instability of Rp1-J. **Maize Genetic Cooperation Newsletter**, v.66, p.72, 1992.
- SUDUPAK, S.D.; BENNETZEN, J.L.; HULBERT, S.H. Unequal exchange and meiotic instability of disease-resistance genes in the Rp1 region of maize. **Genetics**, v.133, p.119-125, 1993.
- ULLSTRUP, A.J. Inheritance and linkage of a gene determining resistance in maize to an american race of *Puccinia polysora* **Phytopathology**, v.55, p.425-428, 1965.
- ULLSTRUP, A.J. A comparison of monogenic and polygenic resistance to *Helminthosporium turcicum* in corn. **Phytopathology**, v.60, p. 1597-1599, 1970.

- VENCOVSKY, R. Aspectos teóricos e aplicados do cruzamento dialélico de variedades. Piracicaba, 1970. 59p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. 3.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. cap.5, p.137-214.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992. 496p.
- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2. Raleigh, 1987. **Proceedings**. Sunderland, Sinauer Associates, 1988. p.465-477.
- VIEGAS, G.P.; PEETEN, H. Sistemas de Produção. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. 3.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. cap.12, p.451-540.
- WILKINSON, D.R.; HOOKER, A.L. Genetics of reaction to *Puccinia sorghi* in ten corn inbredlines from Africa and Europe. **Phytopathology**, v.58, p.605-608, 1968.
- WRIGHT, S. The effects of inbreeding and crossbreeding on guinea pigs. III. Crosses between highly inbred families. USDA, Bull 1121, 1922.
- ZIMBACK, L. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em uma variedade de milho dentado braquítico opaco (*Zea mays* L.). Piracicaba, 169p. 1985. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

- ZOCCOLI, T.T. Componentes de heterose e depressão endogâmica quanto à reação a *Puccinia polysora*, *Physopella zae* e *Phaeosphaeria maydis* em quatro populações de milho. Goiânia, 96p. 1998. Dissertação (Mestrado) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás.
- ZOCCOLI, T.T.; CASELA, C.R.; GUIMARÃES, F.B. Avaliação de genótipos de milho (*Zea mays* L.) quanto à resistência à mancha de *Phaeosphaeria*. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 21. Londrina, 1996. **Resumos**. Londrina: IAPAR, 1996. p. 315.
- ZUMMO, N. Components contributing to partial resistance in maize to *Puccinia polysora*. **Plant Disease**, v.72, p.157-160, 1988.

ANEXO

Tabela 8. Valores de intervalo de confiança (IC) da média com limites inferior (L_I) e superior (L_S) para nível de confiança de 95%, média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T_1 (resistente) e T_2 (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter resistência à *Puccinia polysora* (POLY). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	IC		Progênies			Testemunhas		CVe%
	L_I	L_S	Média	Máximo	Mínimo	T_1	T_2	
NAP21	1,9	3,5	2,7	4,3	2,0	2,6	4,4	26,9
NAP47	1,4	3,0	2,2	4,0	1,3	3,0	4,8	31,3
NAP48	1,7	2,5	2,1	3,0	1,7	2,4	4,8	17,4
NAP49	1,6	3,0	2,3	3,7	2,0	3,1	6,7	25,8
NAP66	2,0	3,8	2,9	4,7	2,0	3,1	6,4	26,3
NAP75	1,8	2,4	2,1	2,7	1,7	3,0	6,1	14,2
NAP97	1,6	3,6	2,6	5,0	2,0	3,2	6,7	33,4
NAP105	1,5	3,3	2,4	4,0	2,0	3,1	6,5	31,9
NAP114	1,8	3,2	2,5	5,0	2,0	3,1	5,3	25,0
NAP128	1,9	3,1	2,5	3,7	2,0	2,7	5,3	22,9

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade).

Tabela 9. Valores de intervalo de confiança (IC) da média com limites inferior (L_I) e superior (L_S) para nível de confiança de 95%, média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T_1 (resistente) e T_2 (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter resistência à *Physopella zae* (PHYS). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	IC		Progênies			Testemunhas		CVe%
	L_I	L_S	Média	Máximo	Mínimo	T_1	T_2	
NAP21	4,1	6,1	5,1	6,7	3,3	4,1	5,1	17,9
NAP47	4,0	5,6	4,8	6,3	3,3	4,1	5,4	14,2
NAP48	4,0	5,8	4,9	6,0	3,3	4,0	4,7	16,2
NAP49	2,9	4,7	3,8	5,7	2,7	4,9	6,3	20,1
NAP66	4,0	6,0	5,0	7,0	3,3	4,5	6,5	18,3
NAP75	3,7	5,7	4,7	6,3	3,3	4,5	6,7	18,8
NAP97	4,2	5,8	5,0	6,7	3,0	4,5	5,9	14,7
NAP105	3,8	5,8	4,8	6,3	3,0	4,5	6,1	18,6
NAP114	3,5	5,7	4,6	6,0	3,0	3,5	5,3	20,7
NAP128	3,4	5,4	4,4	6,3	3,0	4,1	4,9	19,9

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade).

Tabela 10. Valores de intervalo de confiança (IC) da média com limites inferior (L_I) e superior (L_S) para nível de confiança de 95%, média, máximo e mínimo de progênes de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T_1 (resistente) e T_2 (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter resistência à *Phaeosphaeria maydis* (PHAE). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	IC		Progênes			Testemunhas		CVe%
	L_I	L_S	Média	Máximo	Mínimo	T_1	T_2	
NAP21	3,0	5,2	4,1	6,7	3,0	1,5	3,0	24,7
NAP47	2,2	4,0	3,1	6,0	2,0	2,0	2,8	26,4
NAP48	3,3	5,3	4,3	5,7	3,0	2,5	3,1	21,7
NAP49	4,4	6,4	5,4	7,7	4,0	2,0	2,9	17,3
NAP66	2,9	5,7	4,3	6,7	3,0	2,1	3,5	28,8
NAP75	4,0	6,6	5,3	6,7	3,3	2,0	4,5	21,1
NAP97	3,3	5,9	4,6	7,7	2,7	1,9	4,4	24,4
NAP105	3,7	6,3	5,0	6,7	3,0	2,1	3,6	23,1
NAP114	3,4	5,4	4,4	6,3	2,7	1,7	4,4	19,7
NAP128	3,9	6,1	5,0	7,0	3,3	2,0	4,4	18,8

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade).

Tabela 11. Valores de intervalo de confiança (IC) da média com limites inferior (L_I) e superior (L_S) para nível de confiança de 95%, média, máximo e mínimo de progênes de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T_1 (resistente) e T_2 (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter resistência à *Phaeosphaeria maydis* (PHAE). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	IC		Progênes			Testemunhas		CVe%
	L_I	L_S	Média	Máximo	Mínimo	T_1	T_2	
NAP21	2,3	3,7	3,0	4,0	1,7	1,2	2,5	21,9
NAP47	2,1	3,3	2,7	4,0	1,7	1,1	3,0	19,8
NAP48	1,4	2,6	2,0	3,0	1,0	1,0	2,7	25,7
NAP49	2,2	3,2	2,7	4,0	1,3	1,0	2,8	17,1
NAP66	1,3	2,7	2,0	3,0	1,3	1,0	2,5	29,4
NAP75	2,3	3,5	2,9	4,0	2,0	1,0	3,3	20,0
NAP97	1,8	3,0	2,4	4,0	1,3	1,2	2,7	22,5
NAP105	2,5	3,9	3,2	4,3	2,0	1,1	3,2	19,6
NAP114	2,1	3,3	2,7	3,7	2,0	1,1	3,0	19,9
NAP128	2,5	3,7	3,1	4,3	2,0	1,1	3,2	17,7

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (altamente resistente) a 9 (altamente suscetível).

Tabela 12. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP e coeficientes de variação experimental (CVe%), obtidos na análise conjunta para o caráter resistência à *Phaeosphaeria maydis* (PHAE). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações	Progênies			CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	
NAP21	3,5	5,0	2,5	24,1
NAP47	2,9	5,0	2,0	23,9
NAP48	3,2	4,2	2,5	23,8
NAP49	4,0	5,7	2,8	18,2
NAP66	3,2	4,7	2,3	30,7
NAP75	3,9	5,2	2,5	22,7
NAP97	3,5	5,8	2,0	25,1
NAP105	4,1	5,5	2,7	22,7
NAP114	3,6	4,5	2,5	20,3
NAP128	4,0	5,7	3,2	19,1

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade),

Tabela 13. Valores de intervalo de confiança (IC) da média com limites inferior (L_I) e superior (L_S) para nível de confiança de 95%, média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T_1 (resistente) e T_2 (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter porcentagem de espigas doentes (%ED). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	IC		Progênies			Testemunhas		CVe%
	L_I	L_S	Média	Máximo	Mínimo	T_1	T_2	
NAP21	-1,7	9,9	4,1	12,6	0,0	7,7	1,0	125,8
NAP47	-1,4	10,4	4,5	12,6	0,0	7,7	1,0	115,3
NAP48	-2,1	16,6	7,3	31,1	0,0	8,6	1,4	113,9
NAP49	2,2	24,0	13,1	35,4	1,8	5,1	4,1	73,5
NAP66	-1,0	15,4	7,2	38,0	0,0	1,8	4,2	100,6
NAP75	-3,0	13,9	5,4	18,3	0,0	8,2	3,1	137,8
NAP97	-2,3	13,9	5,8	21,8	0,0	6,6	4,8	123,9
NAP105	-0,6	14,4	6,9	21,5	0,0	8,9	9,2	96,6
NAP114	-1,4	16,1	7,4	20,9	0,0	3,1	11,1	105,1
NAP128	-1,1	14,8	6,9	50,2	0,0	8,6	10,8	102,3

Tabela 14. Valores de intervalo de confiança (IC) da média com limites inferior (L_I) e superior (L_S) para nível de confiança de 95%, média, máximo e mínimo de progênes de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T_1 (resistente) e T_2 (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter resistência à *Exserohilum turcicum* (ET). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	IC		Progênes			Testemunhas		CVe%
	L_I	L_S	Média	Máximo	Mínimo	T_1	T_2	
NAP21	1,6	2,4	2,0	2,7	1,7	1,5	1,7	17,5
NAP47	1,8	2,2	2,0	2,3	1,7	1,8	2,0	8,2
NAP48	1,6	2,4	2,0	3,0	1,3	1,7	1,9	17,3
NAP49	1,5	2,3	1,9	2,3	1,3	1,1	1,8	18,6
NAP66	1,5	2,3	1,9	2,7	1,7	1,5	1,9	20,4
NAP75	1,7	2,5	2,1	2,7	1,7	1,5	2,0	17,6
NAP97	1,8	2,2	2,0	2,7	1,7	1,5	2,0	8,1
NAP105	1,7	2,3	2,0	2,3	1,7	1,8	2,1	11,4
NAP114	1,7	2,5	2,1	3,7	1,7	1,8	2,0	16,7
NAP128	1,7	2,3	2,0	2,7	1,7	1,5	1,9	13,4

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (altamente resistente) a 6 (altamente suscetível).

Tabela 15. Valores de intervalo de confiança (IC) da média com limites inferior (L_I) e superior (L_S) para nível de confiança de 95%, média, máximo e mínimo de progênes de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T_1 (resistente) e T_2 (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter resistência ao complexo enfezamento (CSTUN). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	IC		Progênes			Testemunhas		CVe%
	L_I	L_S	Média	Máximo	Mínimo	T_1	T_2	
NAP21	0,8	1,6	1,2	2,0	1,0	1,0	1,0	32,7
NAP47	0,9	1,1	1,0	1,3	1,0	1,0	1,0	8,1
NAP48	0,8	1,8	1,3	2,3	1,0	1,2	1,1	35,3
NAP49	0,7	1,7	1,2	2,0	1,0	1,0	1,0	36,6
NAP66	0,8	1,2	1,0	2,7	1,0	1,1	1,0	20,1
NAP75	0,8	1,4	1,1	2,7	1,0	1,0	1,0	26,4
NAP97	0,9	1,1	1,0	1,3	1,0	1,0	1,0	8,1
NAP105	0,8	1,4	1,1	1,7	1,0	1,0	1,0	28,2
NAP114	0,7	1,5	1,1	2,3	1,0	1,1	1,0	27,9
NAP128	0,9	1,3	1,1	3,0	1,0	1,0	1,0	13,3

Nota: Avaliação de resistência através de 3 notas: 1 = sem sintomas; 2 = com sintomas, mas sem dano aparente; 3 = com sintomas e apresentando danos.

Tabela 16. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter resistência à *Puccinia polysora* (POLY). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	1251,2**	507,89	18,4	0,594	0,69
NAP47	1028,7**	483,40	19,4	0,530	0,62
NAP48	214,42*	136,46	7,7	0,364	0,44
NAP49	471,29ns	350,48	8,7	0,256	0,34
NAP66	1496,6**	569,66	19,2	0,619	0,73
NAP75	106,30ns	87,890	3,7	0,173	0,26
NAP97	1057,0ns	756,60	12,2	0,284	0,37
NAP105	710,88ns	572,93	8,9	0,194	0,28
NAP114	1078,2**	389,66	19,2	0,639	0,78
NAP128	289,12ns	326,67	---	---	---

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

* : Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} (graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98).

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade).

Tabela 17. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter resistência à *Physopella zae* (PHYS). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	1433,5**	817,14	8,9	0,430	0,50
NAP47	1401,3**	461,36	11,7	0,671	0,82
NAP48	872,93ns	617,82	6,0	0,292	0,38
NAP49	1415,0**	581,09	13,9	0,589	0,69
NAP66	2339,6**	835,51	14,2	0,643	0,77
NAP75	2114,4**	761,76	14,3	0,640	0,76
NAP97	1372,0**	533,61	10,6	0,611	0,72
NAP105	1507,6**	779,46	10,3	0,483	0,55
NAP114	1572,9**	888,84	10,4	0,435	0,50
NAP128	1455,8**	767,21	10,9	0,473	0,55

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

* : Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} (graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98).

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade).

Tabela 18. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter resistência à *Phaeosphaeria maydis* (PHAE). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	1760,0**	1003,7	12,3	0,430	0,50
NAP47	1123,3*	662,04	12,7	0,411	0,48
NAP48	1070,6ns	855,92	6,2	0,201	0,29
NAP49	2005,6**	859,05	11,5	0,572	0,66
NAP66	2358,6*	1517,0	12,3	0,357	0,43
NAP75	3097,1**	1243,7	14,8	0,598	0,70
NAP97	3963,1**	1251,3	20,7	0,684	0,85
NAP105	2632,5**	1337,0	13,1	0,492	0,57
NAP114	1731,8**	755,51	13,0	0,564	0,66
NAP128	1775,4**	890,07	10,9	0,499	0,58

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

* : Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} (graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98).

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade).

Tabela 19. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter resistência à *Phaeosphaeria maydis* (PHAE). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	830,07**	419,46	12,3	0,495	0,56
NAP47	1258,4**	280,00	21,2	0,778	1,07
NAP48	648,16**	275,51	17,6	0,575	0,68
NAP49	1292,5**	218,23	22,2	0,831	1,30
NAP66	471,29ns	360,68	9,6	0,235	0,33
NAP75	668,84**	324,76	11,7	0,514	0,58
NAP97	876,74**	300,82	18,3	0,657	0,81
NAP105	846,80**	384,76	12,3	0,546	0,63
NAP114	499,18*	293,47	9,7	0,412	0,49
NAP128	983,54**	297,01	15,4	0,698	0,87

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

* : Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} (graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98).

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade).

Tabela 20. Resumo das análises de variância conjunta dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para resistência à *Phaeosphaeria maydis* (PHAE). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações	Fontes de Variação									
	Local		Bloco/Local		Progênie		Prog x Local		Erro	
	G.L	QM	G.L	QM*	G.L	QM*	G.L	QM*	G.L	QM*
NAP21	1	90,750*	4	5466,7**	49	1683,6**	49	906,46ns	196	711,56
NAP47	1	12,403*	4	1253,3*	49	1624,6**	49	757,07*	196	471,02
NAP48	1	374,08**	4	2113,3**	49	1057,2**	49	661,56ns	196	565,71
NAP49	1	514,83**	4	11107,0**	49	2665,4**	49	632,72ns	196	538,64
NAP66	1	376,32**	4	8330,0**	49	1843,3**	49	986,67ns	196	938,84
NAP75	1	610,61**	4	3993,3**	49	2183,7**	49	1790,2**	196	772,24
NAP97	1	347,76**	4	1973,3*	49	3675,2**	49	1164,7*	196	776,05
NAP105	1	252,08**	4	1316,7ns	49	2600,1**	49	879,25ns	196	860,88
NAP114	1	211,68**	4	466,67ns	49	1394,6**	49	836,46*	196	524,49
NAP128	1	280,33**	4	916,67ns	49	2031,0**	49	727,89ns	196	593,54

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

* : Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} .

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade).

Tabela 21. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter porcentagem de espigas doentes (%ED). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	30,184ns	26,466	27,2	0,123	0,22
NAP47	44,738*	26,984	54,1	0,397	0,47
NAP48	148,30**	68,289	71,1	0,540	0,62
NAP49	166,28**	92,598	37,8	0,443	0,52
NAP66	122,68**	52,352	67,3	0,573	0,67
NAP75	68,317ns	55,744	37,8	0,184	0,27
NAP97	62,462ns	51,514	33,0	0,175	0,27
NAP105	73,191*	44,193	45,2	0,396	0,47
NAP114	81,858ns	59,879	36,8	0,269	0,35
NAP128	205,13**	49,185	105,1	0,760	1,03

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

♦ : Graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98, com exceção dos ensaios com NAP47 e NAP75 os graus de liberdade do erro = 97.

Tabela 22. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter resistência à *Exserohilum turcicum* (ET). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	166,67ns	126,67	5,8	0,240	0,33
NAP47	27,210ns	26,800	0,6	0,015	0,07
NAP48	183,54*	118,64	7,4	0,354	0,43
NAP49	130,75ns	122,59	2,7	0,062	0,15
NAP66	145,44ns	156,87	---	---	---
NAP75	95,780ns	135,78	---	---	---
NAP97	46,400*	26,800	4,0	0,422	0,50
NAP105	49,520ns	54,010	---	---	---
NAP114	325,03**	126,67	12,2	0,610	0,73
NAP128	71,430ns	73,880	---	---	---

ns, *, **: Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

*: Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} (graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98).

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 6 (alta suscetibilidade).

Tabela 23. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter resistência ao complexo enfezamento (CSTUN). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	243,40*	155,24	14,3	0,362	0,44
NAP47	6,6700ns	6,6700	0,0	0,000	0,00
NAP48	339,59*	216,74	15,6	0,362	0,44
NAP49	210,06ns	201,91	4,3	0,039	0,12
NAP66	211,70**	47,210	23,4	0,777	1,16
NAP75	268,84**	87,210	22,4	0,676	0,85
NAP97	6,6700ns	6,6700	0,0	0,000	0,00
NAP105	81,630ns	90,200	---	---	---
NAP114	205,31**	100,82	17,0	0,509	0,61
NAP128	254,29**	20,000	25,4	0,921	1,91

ns, *, **: Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

*: Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} (graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98).

Nota: Avaliação de resistência através de 3 notas: 1 = sem sintomas; 2 = com sintomas, mas sem dano aparente; 3 = com sintomas e apresentando danos.

Tabela 24. Estimativas de variâncias aditivas σ^2_{A1} (hipótese: $\sigma^2_D=0$) e σ^2_{A2} (hipótese: $\sigma^2_D=\sigma^2_A$) para experimentos com progênies de irmãos germanos de dez populações NAP avaliados para resistência à *Puccinia polysora* (POLY), *Physopella zae* (PHYS), *Phaeosphaeria maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), complexo enfezamento (CSTUN) e *Exserohilum turcicum* (ET). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações		Ribeirão Preto (SP)				Rio Verde (GO)		
		POLY*	PHYS*	PHAE*	%ED	PHAE*	CSTUN*	ET*
NAP21	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	495,54	410,91	504,20	2,4787	273,74	58,773	26,667
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	330,36	273,94	336,13	1,6524	182,49	39,182	17,778
NAP47	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	363,53	626,63	307,51	11,836	652,27	0,0000	0,2733
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	242,36	417,75	205,00	7,8907	434,84	0,0000	0,1822
NAP48	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	51,973	170,07	143,12	53,341	248,43	81,900	43,267
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	34,649	113,38	95,413	35,560	165,62	54,600	28,844
NAP49	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	80,540	555,94	764,37	49,121	716,18	5,4333	5,4400
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	53,693	370,63	509,58	32,748	477,45	3,6222	3,6267
NAP66	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	617,96	1002,7	561,07	46,885	73,740	109,66	-7,6200
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	411,97	668,48	374,04	31,257	49,160	73,107	-5,0800
NAP75	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	12,273	901,76	1235,6	8,3820	229,39	121,09	-26,667
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	8,1822	601,17	823,73	5,5880	152,92	80,724	-17,778
NAP97	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	200,27	558,93	1807,9	7,2987	383,95	0,0000	13,067
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	133,51	372,62	1205,2	4,8658	255,96	0,0000	8,7111
NAP105	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	91,967	485,43	863,67	19,332	308,03	-5,7133	-2,9933
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	61,311	323,62	575,78	12,888	205,35	-3,8089	-1,9956
NAP114	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	459,03	456,04	650,86	14,653	137,14	69,660	132,24
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	306,02	304,03	433,91	9,7684	91,427	46,440	88,160
NAP128	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	-25,033	459,06	590,22	103,96	457,69	156,19	-1,6333
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	-16,689	306,04	393,48	69,309	305,12	104,13	-1,0889

♣: Variâncias multiplicados por 10^{-3}

Tabela 25. Valores estimados de ganho de seleção (GS₁%) e médias de populações melhoradas (m₁) por seleção de progênies de irmãos germanos para resistência à *Puccinia polysora* (POLY), *Physopella zeae* (PHYS), *Phaeosphaeria maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), complexo enfezamento (CSTUN) e *Exserohilum turcicum* (ET). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações	Ribeirão Preto (SP)								Rio Verde (GO)					
	POLY		PHYS		PHAE		%ED		PHAE		CSTUN		ET	
	GS ₁ %	m ₁	GS ₁ %	m ₁	GS ₁ %	m ₁	GS ₁ %	m ₁	GS ₁ %	m ₁	GS ₁ %	m ₁	GS ₁ %	m ₁
NAP21	-6,6	2,5	-5,1	4,8	-5,2	3,9	-4,0	3,9	-5,0	2,9	0,0	1,2	0,0	2,0
NAP47	-2,4	2,1	-9,8	4,3	-1,3	3,1	-14,7	3,8	-5,8	2,5	0,0	1,0	0,0	2,0
NAP48	0,0	2,1	-3,0	4,8	-0,5	4,3	-9,4	6,6	2,9	2,1	2,8	1,3	-1,8	2,0
NAP49	0,0	2,3	-6,2	3,6	-7,4	5,0	-4,9	12,5	-9,2	2,5	-0,3	1,2	-0,3	1,9
NAP66	-10,7	2,6	-10,3	4,5	-1,7	4,2	-3,8	6,9	0,0	2,0	0,0	1,0	0,0	1,9
NAP75	0,0	2,1	-5,4	4,4	-11,3	4,7	4,3	5,7	-7,1	2,7	0,0	1,1	0,0	2,1
NAP97	-1,1	2,6	-4,9	4,8	-16,4	3,8	-1,2	5,7	-5,5	2,3	0,0	1,0	0,0	2,0
NAP105	-0,8	2,4	2,0	4,9	-3,0	4,9	-12,4	6,0	-3,4	3,1	0,0	1,1	0,0	2,0
NAP114	-7,7	2,3	-6,6	4,3	-6,4	4,1	-8,0	6,8	-1,5	2,7	0,0	1,1	0,0	2,1
NAP128	---	2,5	-4,3	4,2	-6,0	4,7	-5,5	6,5	-2,3	3,0	-8,4	1,0	0,0	2,0

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença para POLY, PHYS, PHAE utilizando notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade), para ET notas no intervalo de 1 (altamente resistente) a 6 (altamente suscetível) e para CSTUN apenas 3 notas (1 = sem sintomas; 2 = com sintomas, mas sem dano aparente; 3 = com sintomas e apresentando danos).

Tabela 26. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	7,07	9,62	5,14	6,74	5,96	10,2
NAP47	7,18	8,56	5,21	6,74	5,96	10,6
NAP48	6,92	8,51	2,05	7,44	6,31	10,9
NAP49	6,32	7,68	4,73	9,16	6,46	11,6
NAP66	6,39	8,56	2,33	7,78	5,24	15,1
NAP75	6,09	8,10	3,47	8,74	6,21	11,9
NAP97	6,51	8,61	4,60	7,64	5,44	12,6
NAP105	6,07	7,75	3,69	8,14	5,35	14,1
NAP114	6,52	8,61	2,95	8,17	5,12	15,8
NAP128	5,63	8,06	1,05	8,07	5,36	13,8

Tabela 27. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	6,80	8,58	4,98	8,91	7,11	12,0
NAP47	6,45	7,85	5,10	8,44	7,04	13,5
NAP48	6,47	7,96	2,08	7,89	6,98	14,3
NAP49	6,39	7,57	4,88	9,40	8,31	15,1
NAP66	6,25	8,78	2,55	7,96	7,03	15,6
NAP75	6,01	7,95	3,84	8,72	7,63	13,4
NAP97	6,68	8,94	4,43	8,74	7,44	14,4
NAP105	6,07	7,30	4,17	8,58	7,66	13,2
NAP114	6,06	7,70	1,89	8,49	6,64	17,3
NAP128	6,15	7,74	1,71	8,67	7,75	13,2

Tabela 28. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP e coeficientes de variação experimental (CVe%), obtidos na análise conjunta para o caráter peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações	Progênies			CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	
NAP21	6,93	8,98	5,34	11,1
NAP47	6,81	7,83	5,21	12,0
NAP48	6,70	8,22	2,06	12,6
NAP49	6,35	7,63	5,23	13,5
NAP66	6,32	7,68	2,44	15,3
NAP75	6,05	7,56	3,66	12,7
NAP97	6,59	8,25	5,13	13,5
NAP105	6,07	7,38	3,94	13,6
NAP114	6,36	7,51	2,42	16,2
NAP128	5,89	7,12	1,38	13,5

Tabela 29. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	5,69	7,97	3,87	5,46	4,84	10,8
NAP47	5,74	6,88	4,04	5,46	4,84	10,9
NAP48	5,74	7,12	1,62	6,11	5,13	11,4
NAP49	5,22	6,08	3,59	7,44	5,23	11,9
NAP66	5,20	7,21	1,88	6,35	4,28	16,1
NAP75	5,01	6,78	2,59	7,06	5,05	12,7
NAP97	5,31	6,82	3,57	6,19	4,39	12,9
NAP105	4,92	6,20	2,98	6,54	4,26	14,7
NAP114	5,34	7,26	2,36	6,69	4,13	16,8
NAP128	4,65	6,67	0,81	6,56	4,34	14,4

Tabela 30. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter número de espigas por planta (NE/P). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	1,28	1,95	1,04	0,90	1,00	13,1
NAP47	0,99	1,26	0,81	0,92	0,98	9,5
NAP48	0,95	1,14	0,43	0,99	1,00	10,3
NAP49	1,01	1,23	0,86	1,01	0,98	10,9
NAP66	0,98	1,18	0,69	0,97	0,98	13,1
NAP75	0,97	1,18	0,72	1,02	0,98	12,7
NAP97	0,97	1,09	0,82	0,98	0,98	9,9
NAP105	0,99	1,15	0,80	1,01	0,99	11,2
NAP114	0,97	1,21	0,66	0,97	0,95	12,3
NAP128	0,98	1,19	0,30	0,97	0,99	11,4

Tabela 31. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênie de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter peso de espigas corrigido (PEC, em t/ha). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênie	Erro			
NAP21	2086,2**	523,53	10,2	0,749	1,00
NAP47	1279,6**	573,59	6,8	0,552	0,64
NAP48	4299,2**	570,24	16,1	0,867	1,48
NAP49	1281,8**	533,44	7,9	0,584	0,68
NAP66	3527,1**	932,72	14,6	0,736	0,96
NAP75	3185,3**	527,43	15,5	0,834	1,30
NAP97	1968,8**	666,93	10,1	0,661	0,81
NAP105	1936,9**	729,97	10,5	0,623	0,74
NAP114	2344,2**	1058,1	10,1	0,549	0,64
NAP128	3217,6**	602,15	16,6	0,813	1,20

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

* : Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} (graus de liberdade de progênie = 49 e do erro = 98, com exceção dos ensaios NAP47 e NAP75 com graus de liberdade do erro = 97).

Tabela 32. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênie de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter peso de espigas corrigido (PEC, em t/ha). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênie	Erro			
NAP21	2169,5**	672,35	10,4	0,690	0,86
NAP47	1466,5**	756,70	7,5	0,484	0,56
NAP48	2794,0**	856,71	6,2	0,172	0,43
NAP49	1518,2*	930,47	6,9	0,387	0,46
NAP66	3254,8**	945,25	14,0	0,710	0,90
NAP75	2467,5**	647,60	13,0	0,738	0,97
NAP97	2086,3**	918,33	9,3	0,560	0,65
NAP105	1648,8**	637,81	9,6	0,613	0,73
NAP114	3335,6**	1064,2	14,4	0,681	0,83
NAP128	3294,3**	658,25	15,3	0,800	1,16

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

* : Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} (graus de liberdade de progênie = 49 e do erro = 97 para NAP47, NAP49, NAP128; erro = 96 para NAP21, NAP66, NAP75 e NAP105; erro = 95 para NAP48 e NAP97 e erro = 93 para NAP114)

Tabela 33. Resumo das análises de variância conjunta dos experimentos envolvendo progênie de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para o caráter peso de espigas corrigido (PEC, em t/ha). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações	Fontes de Variação									
	Local		Bloco/Local		Progênie		Prog x Local		Erro	
	G.L	QM	G.L	QM*	G.L	QM*	G.L	QM*	G.L	QM*
NAP21	1	5778,4ns	4	4343,2**	49	3212,7**	49	1050,5**	194	597,08
NAP47	1	39722,9**	4	570,77ns	49	1917,7**	49	811,65ns	194	664,98
NAP48	1	16099,0**	4	836,45ns	49	6087,8**	49	870,34ns	193	711,27
NAP49	1	268,13ns	4	2037,1*	49	2136,6**	49	664,24ns	195	731,05
NAP66	1	1719,9ns	4	3807,0**	49	5062,3**	49	1736,9**	194	938,88
NAP75	1	298,19ns	4	422,22ns	49	4566,0**	49	1061,9**	193	587,19
NAP97	1	1869,4ns	4	4802,0**	49	2705,7**	49	1316,4**	193	790,64
NAP105	1	14,820ns	4	3760,5**	49	2651,4**	49	952,70ns	194	684,49
NAP114	1	7642,5*	4	632,61ns	49	4356,7**	49	1312,8ns	191	1060,9
NAP128	1	19701,4**	4	305,28ns	49	4501,1**	49	2013,8**	195	630,14

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

* : Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} .

Tabela 34. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênie de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênie	Erro			
NAP21	1578,7**	380,04	11,1	0,759	1,03
NAP47	906,33**	387,32	7,3	0,573	0,67
NAP48	3185,9**	424,55	16,7	0,867	1,47
NAP49	904,48**	388,26	8,0	0,571	0,67
NAP66	2609,8**	703,28	15,3	0,731	0,95
NAP75	2305,9**	405,51	15,9	0,824	1,30
NAP97	1376,1**	471,09	10,3	0,658	0,80
NAP105	1292,3**	523,44	10,3	0,595	0,70
NAP114	1852,7**	808,55	11,0	0,564	0,66
NAP128	2268,7**	445,47	16,8	0,804	1,17

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

* : Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} (graus de liberdade de progênie = 49 e do erro = 98, com exceção dos ensaios NAP47 e NAP75 com graus de liberdade do erro = 97).

Tabela 35. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter número de espigas por planta (NE/P). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	92,162**	27,952	11,4	0,697	0,88
NAP47	16,978**	8,8090	5,3	0,481	0,56
NAP48	52,603**	9,5660	12,6	0,818	1,22
NAP49	18,061*	12,094	4,4	0,330	0,41
NAP66	40,448**	15,976	9,2	0,605	0,72
NAP75	25,175*	15,318	5,9	0,392	0,46
NAP97	14,267*	9,2533	4,2	0,351	0,43
NAP105	12,432ns	12,305	0,7	0,010	0,06
NAP114	26,432**	14,121	6,6	0,466	0,54
NAP128	46,190**	12,335	10,8	0,733	0,96

ns, *, **: Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

*: Quadrados médios multiplicados por 10^{-3} (graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98, com exceção dos ensaios NAP47 e NAP75 com graus de liberdade do erro = 97).

Tabela 36. Valores estimados de ganho de seleção ($GS_2\%$) e médias de populações melhoradas (m_I) por seleção de progênies de irmãos germanos para os caracteres peso de espiga peso de espigas corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha) e número de espigas por planta (NE/P). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

População	Ribeirão Preto (SP)						Rio Verde (GO)	
	PEC		PGC		NE/P		PEC	
	$GS_2\%$	m_I	$GS_2\%$	m_I	$GS_2\%$	m_I	$GS_2\%$	m_I
NAP21	2,1	7,21	2,0	5,80	1,1	1,29	0,7	6,85
NAP47	3,1	7,40	3,5	5,94	1,3	1,00	1,0	6,51
NAP48	4,4	7,22	4,4	5,99	1,7	0,97	0,3	6,49
NAP49	1,0	6,38	0,9	5,27	-0,2	1,01	1,6	6,49
NAP66	4,1	6,65	4,4	5,43	1,7	1,00	0,2	6,26
NAP75	1,6	6,18	2,0	5,11	0,3	0,97	1,2	6,08
NAP97	3,3	6,73	3,2	5,48	0,5	0,97	0,5	6,71
NAP105	6,6	6,47	6,1	5,22	0,0	0,99	3,4	6,28
NAP114	2,5	6,68	2,7	5,49	0,3	0,97	3,6	6,28
NAP128	6,9	6,02	7,0	4,98	2,5	1,00	2,3	6,29

Tabela 37. Estimativas de variâncias aditivas σ^2_{A1} (hipótese: $\sigma^2_D=0$) e σ^2_{A2} (hipótese: $\sigma^2_D=\sigma^2_A$) para experimentos com progênies de irmãos germanos de dez populações NAP avaliados para os caracteres peso de espiga peso de espigas corrigido (PEC, gramas²/planta²), peso de grãos corrigido (PGC, em g/planta) e número de espigas por planta (NE/P). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

População		Ribeirão Preto (SP)			Rio Verde (GO)
		PEC	PGC	NE/P*	PEC
NAP21	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	337,53	258,91	42,807	323,39
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	225,02	172,60	28,538	215,59
NAP47	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	152,49	112,11	5,4460	153,32
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	101,66	74,738	3,6307	102,21
NAP48	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	805,46	596,46	28,691	103,94
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	536,97	397,64	19,128	69,296
NAP49	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	161,65	111,50	3,9780	126,94
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	107,77	74,335	2,6520	84,629
NAP66	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	560,38	411,80	16,315	498,87
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	373,59	274,53	10,876	332,58
NAP75	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	574,09	410,49	6,5713	393,11
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	382,73	273,66	4,3809	262,07
NAP97	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	281,21	195,49	3,3425	252,28
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	187,47	130,32	2,2283	168,19
NAP105	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	260,70	166,07	0,0847	218,37
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	173,80	110,71	0,0564	145,58
NAP114	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	277,80	225,54	8,2073	490,63
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	185,20	150,36	5,4716	327,09
NAP128	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	564,95	393,82	22,570	569,39
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	376,63	262,55	15,047	379,60

♣: Variância multiplicada por 10^{-3} .

Tabela 38. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter altura de planta (AP, em cm). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	229	266	196	208	194	4,1
NAP47	220	257	184	212	196	4,6
NAP48	235	263	200	214	195	5,0
NAP49	183	202	156	203	183	4,9
NAP66	264	314	209	210	192	4,3
NAP75	195	234	160	202	185	5,4
NAP97	215	253	182	203	188	5,1
NAP105	204	235	183	201	186	5,4
NAP114	237	269	213	206	188	4,9
NAP128	205	244	153	201	182	4,8

Tabela 39. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter altura de planta (AP, em cm). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	185	200	164	174	170	5,3
NAP47	174	193	153	167	163	5,0
NAP48	186	216	162	165	164	4,7
NAP49	147	168	121	161	159	6,1
NAP66	224	259	162	168	167	4,2
NAP75	167	204	142	163	162	5,1
NAP97	182	217	158	165	163	5,1
NAP105	174	206	148	165	164	5,8
NAP114	201	226	162	172	168	5,3
NAP128	186	208	145	166	162	4,1

Tabela 40. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP e coeficientes de variação experimental (CVe%), obtidos na análise conjunta para o caráter altura de planta (AP, em cm). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações	Progênies			CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	
NAP21	202	226	176	4,8
NAP47	192	210	172	4,8
NAP48	206	232	180	4,8
NAP49	161	177	135	5,5
NAP66	240	281	180	4,2
NAP75	178	216	150	5,2
NAP97	195	228	172	5,0
NAP105	186	218	163	5,6
NAP114	215	237	182	5,1
NAP128	193	222	148	4,4

Tabela 41. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter altura de espiga (AE, em cm). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	132	161	109	120	106	5,9
NAP47	121	143	95	124	106	7,0
NAP48	129	156	97	126	108	6,7
NAP49	107	122	89	120	100	8,3
NAP66	163	197	120	122	102	6,3
NAP75	104	132	77	121	101	8,4
NAP97	120	148	97	119	100	7,0
NAP105	106	129	85	116	101	8,6
NAP114	141	164	109	120	98	6,3
NAP128	121	150	68	121	101	6,4

Tabela 42. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter altura de espigas (AE, em cm). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	94	107	76	88	83	8,2
NAP47	84	100	68	85	77	8,3
NAP48	88	106	70	84	77	8,4
NAP49	73	85	58	82	74	10,3
NAP66	124	159	97	85	78	7,0
NAP75	80	105	60	84	77	8,6
NAP97	92	118	74	83	77	8,4
NAP105	83	103	66	87	78	8,7
NAP114	107	127	68	89	80	8,4
NAP128	96	113	62	85	77	7,1

Tabela 43. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%), obtidos na análise conjunta para o caráter altura de espigas (AE, em cm). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações	Progênies			CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	
NAP21	110	128	89	7,1
NAP47	99	117	83	7,6
NAP48	104	123	80	7,5
NAP49	87	98	72	9,2
NAP66	140	174	112	6,6
NAP75	90	116	67	8,4
NAP97	103	127	86	7,7
NAP105	92	113	75	8,6
NAP114	120	139	84	7,5
NAP128	106	128	64	6,7

Tabela 44. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter posição relativa da espiga na planta (PRE). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	0,58	0,65	0,52	0,58	0,54	3,6
NAP47	0,55	0,63	0,48	0,59	0,54	4,6
NAP48	0,55	0,63	0,45	0,59	0,55	3,9
NAP49	0,58	0,65	0,53	0,59	0,54	4,9
NAP66	0,62	0,68	0,55	0,58	0,53	3,7
NAP75	0,54	0,60	0,45	0,60	0,55	5,4
NAP97	0,56	0,64	0,50	0,58	0,53	4,8
NAP105	0,52	0,57	0,45	0,58	0,54	5,0
NAP114	0,59	0,67	0,51	0,58	0,52	4,3
NAP128	0,59	0,65	0,44	0,60	0,55	3,8

Tabela 45. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter posição relativa da espiga na planta (PRE). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	0,51	0,57	0,46	0,51	0,48	5,8
NAP47	0,49	0,55	0,40	0,51	0,47	5,1
NAP48	0,47	0,54	0,42	0,51	0,47	5,7
NAP49	0,50	0,56	0,46	0,51	0,46	6,8
NAP66	0,55	0,61	0,48	0,50	0,47	5,1
NAP75	0,48	0,58	0,42	0,52	0,48	6,1
NAP97	0,50	0,60	0,46	0,51	0,47	5,0
NAP105	0,47	0,54	0,42	0,52	0,49	5,6
NAP114	0,53	0,60	0,42	0,52	0,48	5,2
NAP128	0,52	0,56	0,43	0,51	0,47	4,7

Tabela 46. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, e coeficientes de variação experimental (CVe%), obtidos na análise conjunta para o caráter posição relativa da espiga na planta (PRE). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações	Progênies			CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	
NAP21	0,54	0,57	0,49	5,0
NAP47	0,51	0,56	0,46	4,9
NAP48	0,50	0,56	0,44	5,0
NAP49	0,53	0,59	0,49	6,1
NAP66	0,58	0,63	0,52	4,6
NAP75	0,50	0,59	0,43	5,8
NAP97	0,53	0,62	0,49	4,9
NAP105	0,49	0,55	0,44	5,4
NAP114	0,56	0,63	0,46	4,8
NAP128	0,54	0,59	0,43	4,4

Tabela 47. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter porcentagem de acamamento (%AC). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	2,0	14,0	0,0	0,0	0,3	316,7
NAP47	1,0	26,1	0,0	0,0	1,3	461,5
NAP48	2,7	14,3	0,0	2,5	1,0	259,2
NAP49	2,8	21,1	0,0	0,0	1,1	318,5
NAP66	4,8	34,4	0,0	0,0	2,1	188,1
NAP75	0,4	7,4	0,0	0,0	1,1	586,3
NAP97	0,2	5,6	0,0	0,0	0,0	935,6
NAP105	0,2	4,4	0,0	0,0	0,0	663,3
NAP114	1,0	18,5	0,0	0,0	0,0	372,8
NAP128	0,6	8,5	0,0	0,0	0,0	551,6

Tabela 48. Valores de média, máximo e mínimo de progênes de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter porcentagem de quebramento (%QUE). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Progênes			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	18,0	40,5	0,0	2,3	5,0	84,2
NAP47	10,8	25,1	0,0	2,3	5,0	91,6
NAP48	15,1	57,4	0,0	2,4	2,6	79,5
NAP49	15,3	76,5	0,0	0,7	2,2	88,7
NAP66	10,8	61,6	0,0	0,0	4,2	113,4
NAP75	1,1	11,2	0,0	0,0	0,4	263,9
NAP97	4,1	21,9	0,0	0,8	0,8	180,1
NAP105	1,3	7,3	0,0	0,0	1,1	240,2
NAP114	3,8	18,6	0,0	1,0	0,7	163,8
NAP128	3,5	18,2	0,0	0,4	0,7	186,2

Tabela 49. Valores de média, máximo e mínimo de progênes de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Progênes			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	4,4	21,1	0,0	4,5	1,6	165,8
NAP47	1,0	8,7	0,0	0,0	0,7	224,1
NAP48	4,0	11,3	0,0	1,3	4,5	162,3
NAP49	9,0	19,9	0,0	3,3	9,3	96,9
NAP66	7,8	27,8	0,0	7,0	1,1	104,8
NAP75	1,6	8,1	0,0	0,8	2,7	249,1
NAP97	4,0	19,3	0,0	0,6	2,3	134,9
NAP105	1,0	8,3	0,0	0,0	2,1	344,0
NAP114	1,7	15,0	0,0	0,0	0,4	188,5
NAP128	1,4	8,4	0,0	1,4	0,8	228,3

Tabela 50. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP e coeficientes de variação experimental (CVe%), obtidos na análise conjunta para o caráter porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações	Progênies			CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	
NAP21	12,2	22,4	3,8	100,1
NAP47	6,3	14,8	0,8	121,3
NAP48	10,9	31,4	1,8	99,1
NAP49	13,5	47,3	1,8	90,2
NAP66	11,7	46,7	1,7	97,1
NAP75	1,6	7,5	0,0	249,1
NAP97	4,1	11,9	0,0	161,1
NAP105	1,2	7,1	0,0	278,6
NAP114	3,3	14,7	0,0	179,0
NAP128	2,7	9,1	0,0	205,7

Tabela 51. Valores de média, máximo e mínimo de progênies de irmãos germanos de cada população NAP, médias das testemunhas T₁ (resistente) e T₂ (suscetível) e coeficientes de variação experimental (CVe%) para o caráter dias para florescimento (FLOR). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Progênies			Testemunhas		CVe%
	Média	Máximo	Mínimo	T ₁	T ₂	
NAP21	65,1	69,3	59,0	67,9	61,6	2,6
NAP47	60,4	65,0	56,3	67,0	60,0	4,1
NAP48	65,4	74,3	61,0	68,4	61,7	2,8
NAP49	59,5	61,7	58,0	68,0	60,6	1,7
NAP66	69,1	73,7	62,3	68,5	61,1	1,3
NAP75	61,8	68,0	58,3	67,3	60,9	3,0
NAP97	66,8	70,0	60,7	67,8	60,9	2,4
NAP105	62,5	67,7	59,0	67,1	61,2	3,4
NAP114	67,2	71,3	62,3	66,9	61,0	2,4
NAP128	62,4	71,3	59,0	66,4	60,5	2,8

Tabela 52. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter altura de plantas (AP, em cm). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios [♦]		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	346,04**	88,454	4,1	0,744	0,98
NAP47	219,11**	101,25	2,9	0,538	0,62
NAP48	310,39**	139,76	3,2	0,550	0,64
NAP49	169,66**	80,482	3,0	0,526	0,61
NAP66	756,08**	128,74	5,5	0,830	1,27
NAP75	351,12**	110,46	4,6	0,685	0,85
NAP97	534,24**	119,86	5,5	0,776	1,08
NAP105	327,34**	121,59	4,1	0,629	0,75
NAP114	324,08**	133,51	3,4	0,588	0,69
NAP128	493,22**	96,711	5,6	0,804	1,17

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

♦ : Graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 49, com exceção dos ensaios NAP47 com graus de liberdade do erro = 48.

Tabela 53. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter altura de plantas (AP, em cm). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios [♦]		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	331,18**	94,660	4,8	0,714	0,91
NAP47	340,22**	74,462	5,4	0,781	1,09
NAP48	518,78**	74,989	6,5	0,856	1,41
NAP49	211,78**	79,530	4,5	0,625	0,74
NAP66	780,10**	87,055	6,8	0,888	1,63
NAP75	418,25**	71,454	6,4	0,829	1,27
NAP97	601,79**	85,716	7,2	0,858	1,42
NAP105	389,81**	101,35	5,6	0,740	0,97
NAP114	355,31**	113,22	4,5	0,681	0,85
NAP128	475,81**	58,814	6,3	0,876	1,54

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

♦ : Graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98.

Tabela 54. Resumo das análises de variância conjunta dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para o caráter altura de plantas (AP, em cm). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

População	Fontes de Variação									
	Local		Bloco/Local		Progênies		Prog x Local		Erro	
	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM
NAP21	1	113430,6**	3	1428,0**	49	577,59**	49	102,60ns	147	92,592
NAP47	1	125087,6**	3	275,99*	49	445,18**	49	89,976ns	146	83,270
NAP48	1	142106,7**	3	571,14**	49	646,59**	49	140,90*	147	96,580
NAP49	1	80622,7**	3	667,42**	49	314,38**	49	58,635ns	147	79,847
NAP66	1	93340,3**	3	996,91**	49	1380,9**	49	150,48*	147	100,95
NAP75	1	47906,4**	3	138,09ns	49	677,39**	49	78,557ns	147	84,455
NAP97	1	63974,4**	3	505,56**	49	1028,6**	49	93,959ns	147	97,097
NAP105	1	56389,9**	3	825,63**	49	587,58**	49	117,07ns	147	108,10
NAP114	1	75501,4**	3	1268,1**	49	568,40**	49	104,74ns	147	119,98
NAP128	1	23506,6**	3	214,35*	49	881,72**	49	90,795ns	147	71,446

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 55. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter altura de espigas (AE, em cm). Ribeirão Preto. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios [♦]		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	325,17**	61,849	7,1	0,810	1,20
NAP47	197,64**	70,922	5,4	0,641	0,77
NAP48	265,63**	75,429	6,2	0,716	0,92
NAP49	141,21*	78,968	4,3	0,441	0,51
NAP66	463,00**	107,26	6,7	0,768	1,05
NAP75	232,97**	77,670	6,9	0,667	0,82
NAP97	317,52**	71,163	7,6	0,776	1,08
NAP105	215,43**	81,909	6,3	0,620	0,74
NAP114	277,90**	78,983	5,8	0,716	0,91
NAP128	378,34**	59,047	8,5	0,844	1,34

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

[♦] : Graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 49, com exceção dos ensaios NAP47 com graus de liberdade do erro = 48.

Tabela 56. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter altura de espigas (AE, em cm). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	157,51**	59,239	6,1	0,624	0,75
NAP47	181,14**	48,548	7,9	0,732	0,96
NAP48	275,78**	54,303	9,8	0,803	1,17
NAP49	104,81**	56,343	5,5	0,462	0,54
NAP66	460,66**	75,800	9,1	0,836	1,30
NAP75	232,73**	47,606	9,8	0,795	1,14
NAP97	227,29**	59,536	8,1	0,738	0,97
NAP105	202,77**	51,723	8,6	0,745	0,98
NAP114	353,92**	81,225	8,9	0,771	1,06
NAP128	285,84**	45,675	9,3	0,840	1,32

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

* : Graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98.

Tabela 57. Resumo das análises de variância conjunta dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para o caráter altura de espigas (AE, em cm). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

População	Fontes de Variação									
	Local		Bloco/Local		Progênies		Prog x Local		Erro	
	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM
NAP21	1	89505,7**	3	501,37**	49	414,61**	49	101,61**	147	60,109
NAP47	1	80179,5**	3	185,00*	49	311,54**	49	71,626ns	146	55,904
NAP48	1	100565,0**	3	148,77ns	49	441,48**	49	97,898*	147	61,345
NAP49	1	66640,0**	3	97,311ns	49	193,87**	49	59,433ns	147	63,885
NAP66	1	91478,5**	3	490,90**	49	815,93**	49	108,20ns	147	86,286
NAP75	1	34579,2**	3	16,151ns	49	402,32**	49	63,427ns	147	57,627
NAP97	1	48302,8**	3	404,60**	49	483,94**	49	78,921ns	147	63,412
NAP105	1	32461,7**	3	404,97**	49	332,27**	49	88,470ns	147	61,785
NAP114	1	68222,3**	3	685,03**	49	525,42**	49	91,191ns	147	80,478
NAP128	1	36892,5**	3	162,34*	49	599,53**	49	83,156*	147	50,133

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 58. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter posição relativa da espiga na planta (PRE). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios [♦]		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	16,573**	4,3808	347,6	0,736	0,96
NAP47	1,7768**	6,2713	112,6	0,647	0,78
NAP48	24,745**	4,5982	471,1	0,814	1,21
NAP49	19,465**	8,0182	336,8	0,588	0,69
NAP66	19,771**	5,2740	354,6	0,733	0,96
NAP75	18,577**	8,2570	343,5	0,556	0,65
NAP97	19,781**	7,1865	365,9	0,637	0,76
NAP105	18,077**	6,7309	374,0	0,628	0,75
NAP114	25,991**	6,5279	431,7	0,749	1,00
NAP128	24,003**	4,8792	427,9	0,797	1,14

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

[♦] : Quadrados médios multiplicados por 10^{-4} (graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 49, com exceção dos ensaios NAP47 com graus de liberdade do erro = 48).

Tabela 59. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter posição relativa da espiga na planta (PRE). Rio Verde, GO. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios [♦]		CVg%	h^2	b
	Progênies	Erro			
NAP21	10,790ns	8,6050	167,3	0,203	0,29
NAP47	25,719**	6,0836	522,1	0,764	1,04
NAP48	25,834**	7,1699	530,7	0,723	0,93
NAP49	17,134ns	11,637	270,7	0,321	0,40
NAP66	23,899**	7,8926	420,0	0,670	0,82
NAP75	30,509**	8,4924	564,4	0,722	0,93
NAP97	19,915**	6,2814	426,4	0,685	0,85
NAP105	23,887**	7,1335	502,8	0,701	0,89
NAP114	45,554**	7,5262	671,8	0,835	1,30
NAP128	29,294**	5,9629	536,3	0,796	1,14

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

[♦] : Quadrados médios multiplicados por 10^{-4} (graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98)

Tabela 60. Resumo das análises de variância conjunta dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para o caráter posição relativa da espiga na planta (PRE). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

População	Fontes de Variação									
	Local		Bloco/Local		Progenie		Prog x Local		Erro	
	G.L	QM*	G.L	QM*	G.L	QM*	G.L	QM*	G.L	QM*
NAP21	1	3066,0**	3	12,490ns	49	20,530**	49	7,9902ns	147	7,1969
NAP47	1	2566,9**	3	10,221ns	49	33,648**	49	8,3872ns	147	6,1453
NAP48	1	3570,8**	3	5,6879ns	49	41,951**	49	8,4105ns	147	6,3127
NAP49	1	4024,0**	3	13,403ns	49	27,709**	49	9,3558ns	147	10,431
NAP66	1	2560,8**	3	3,8520ns	49	34,624**	49	8,2197ns	147	7,0198
NAP75	1	1686,8**	3	15,535ns	49	37,795**	49	8,9043ns	147	8,4139
NAP97	1	1845,6**	3	22,198*	49	30,021**	49	9,6493*	147	6,5831
NAP105	1	1082,8**	3	16,428ns	49	31,348**	49	9,4542ns	147	6,9993
NAP114	1	2453,1**	3	38,451**	49	57,595**	49	10,037ns	147	7,1934
NAP128	1	2960,3**	3	9,7765ns	49	42,612**	49	9,6264**	147	5,6017

ns, *, **: Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

*: Quadrados médios multiplicados por 10^{-4} .

Tabela 61. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F para os caracteres porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*					
	Ribeirão Preto (SP)				Rio Verde (GO)	
	%AC		%QUE		% (AC+QUE)	
	Progênies	Erro	Progênies	Erro	Progênies	Erro
NAP21	38,603ns	38,665	286,53ns	229,18	54,921ns	53,712
NAP47	48,441**	20,055	145,57*	97,028	9,1738**	4,9351
NAP48	49,887ns	49,741	502,46**	143,82	35,356ns	42,802
NAP49	67,646ns	77,126	583,19**	184,21	93,572ns	75,437
NAP66	159,45**	82,226	333,22**	148,90	93,843*	65,960
NAP75	6,3645ns	6,3645	14,978*	8,6038	13,203ns	14,930
NAP97	2,1179ns	2,1179	52,863ns	54,148	78,930**	29,453
NAP105	1,7396ns	1,7982	9,6378ns	9,7778	11,637ns	10,846
NAP114	25,698*	14,994	59,095*	38,834	28,918**	10,438
NAP128	11,062ns	9,3622	57,238ns	42,476	10,070ns	10,339

ns, *, **: Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

*: Graus de liberdade de progênies = 49 e do erro = 98, com exceção dos ensaios NAP47 com graus de liberdade do erro = 97 para os caracteres %AC e %QUE.

Tabela 62. Resumo das análises de variância conjunta dos experimentos envolvendo progênes de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para o caráter porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

População	Fontes de Variação									
	Local		Bloco/Local		Progênes		Prog x Local		Erro	
	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM
NAP21	1	18090,0**	4	184,98ns	49	139,20ns	49	184,78ns	196	148,93
NAP47	1	8628,5**	4	304,37**	49	90,823*	49	85,818*	195	59,178
NAP48	1	14215,1**	4	302,56*	49	301,66**	49	267,97**	196	116,90
NAP49	1	6216,0*	4	662,23**	49	377,92**	49	336,42**	196	148,74
NAP66	1	4599,3*	4	298,26ns	49	454,60**	49	242,83**	196	128,27
NAP75	1	0,0067ns	4	21,675ns	49	17,938ns	49	17,455ns	196	14,830
NAP97	1	3,6344ns	4	75,859ns	49	66,270*	49	71,206*	196	44,289
NAP105	1	22,421ns	4	24,916ns	49	13,523ns	49	12,499ns	196	11,754
NAP114	1	734,78*	4	68,282ns	49	77,672**	49	37,994ns	196	34,446
NAP128	1	525,35ns	4	102,22*	49	40,521ns	49	34,622ns	196	31,564

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 63. Resumo das análises de variância dos experimentos envolvendo progênes de irmãos germanos de dez populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos e níveis de significância pelo teste F, coeficiente de variação genético (CVg%), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e índice de variação (b) para o caráter dias para o florescimento (FLOR). Ribeirão Preto, SP. 1996/97.

Populações	Quadrados Médios*		CVg%	h^2	b
	Progênes	Erro			
NAP21	30328,0**	2903,3	4,6	0,904	1,77
NAP47	14844,0**	6005,3	2,8	0,595	0,70
NAP48	21788,0**	3359,3	3,8	0,846	1,35
NAP49	1295,9ns	980,00	0,6	0,244	0,33
NAP66	10191,0**	1664,1	2,4	0,837	1,89
NAP75	12253,0**	3375,7	2,8	0,725	0,94
NAP97	15051,0**	2586,8	3,1	0,828	1,27
NAP105	11105,0**	4587,4	2,4	0,587	0,69
NAP114	9096,7**	2648,2	2,2	0,709	0,90
NAP128	18127,0**	3119,6	3,6	0,828	1,27

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

* : Variâncias multiplicados por 10^{-3} (graus de liberdade de progênes = 49 e do erro = 98).

Tabela 64. Estimativas de variâncias aditivas σ^2_{A1} (hipótese: $\sigma^2_D=0$) e σ^2_{A2} (hipótese: $\sigma^2_D=\sigma^2_A$) para experimentos com progênies de irmãos germanos de dez populações NAP avaliados para os caracteres altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE) e dias para o florescimento (FLOR). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Populações		Ribeirão Preto (SP)				Rio Verde (GO)		
		AP	AE	PRE*	FLOR*	AP	AE	PRE*
NAP21	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	171,72	175,55	8,1281	18283,1	157,68	65,514	1,4567
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	114,48	117,03	5,4188	12188,8	105,12	43,676	0,9711
NAP47	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	78,573	84,479	0,7664	5892,5	177,17	88,395	13,090
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	52,382	56,319	0,5110	3928,3	118,12	58,930	8,7268
NAP48	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	113,75	126,80	13,431	12285,8	295,86	147,65	12,443
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	75,836	84,534	8,9541	8190,5	197,24	98,434	8,2952
NAP49	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	59,452	41,495	7,6312	210,60	88,170	32,311	3,6647
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	39,635	27,663	5,0875	140,40	58,778	21,541	2,4431
NAP66	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	418,23	237,16	9,6647	5684,6	462,03	256,57	10,671
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	278,82	158,11	6,4431	3789,7	308,02	171,05	7,1140
NAP75	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	160,44	103,53	6,8800	5918,2	231,20	123,42	14,678
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	106,96	69,022	4,5867	3945,5	154,13	82,277	9,7852
NAP97	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	276,25	164,24	8,3963	8309,5	344,05	111,84	9,0891
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	184,17	109,49	5,5976	5539,6	229,37	74,56	6,0594
NAP105	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	137,17	89,014	7,5641	4345,1	192,31	100,70	11,169
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	91,444	59,343	5,0427	2896,7	128,20	67,132	7,4460
NAP114	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	127,05	132,61	12,975	4299,0	161,39	181,80	25,352
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	84,698	88,408	8,6503	2866,0	107,60	121,20	16,901
NAP128	$\hat{\sigma}^2_{A1}$	264,34	212,86	12,749	10004,9	278,00	160,11	15,554
	$\hat{\sigma}^2_{A2}$	176,23	141,91	8,4995	6670,0	185,33	106,74	10,369

♣ e ♠: Variâncias multiplicados por 10^{-4} e 10^{-3} , respectivamente.

Tabela 65. Valores estimados de ganho de seleção ($GS_2\%$) e médias de populações melhoradas (m_I) por seleção de progênies de irmãos germanos para os caracteres altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE) e dias para o florescimento (FLOR). Ribeirão Preto (SP). 1996/97.

População	Ribeirão Preto (SP)							
	AP		AE		PRE		FLOR	
	$GS_2\%$	m_I	$GS_2\%$	m_I	$GS_2\%$	m_I	$GS_2\%$	m_I
NAP21	-0,2	228	0,8	133	0,9	0,58	-0,4	64,9
NAP47	0,5	221	1,1	122	0,8	0,55	-0,7	60,0
NAP48	1,1	238	1,9	131	0,0	0,55	0,3	65,6
NAP49	0,4	184	0,3	107	0,0	0,58	0,0	59,5
NAP66	-0,2	263	0,6	164	0,8	0,62	-0,7	68,7
NAP75	0,5	196	0,9	105	0,0	0,54	-0,2	61,7
NAP97	0,7	217	2,2	123	0,8	0,56	-0,3	66,6
NAP105	1,0	206	2,3	108	1,6	0,53	-0,1	62,5
NAP114	1,2	240	2,4	144	1,7	0,60	-0,2	67,1
NAP128	2,9	211	3,3	125	0,0	0,59	-0,4	62,2

Tabela 66. Valores estimados de ganho de seleção ($GS_2\%$) e médias de populações melhoradas (m_I) por seleção de progênies de irmãos germanos para os caracteres altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE). Ribeirão Preto (SP). 1996/97.

População	Rio Verde (GO)					
	AP		AE		PRE	
	$GS_2\%$	m_I	$GS_2\%$	m_I	$GS_2\%$	m_I
NAP21	-0,3	185	0,0	94	0,0	0,51
NAP47	0,3	175	0,6	84	0,0	0,49
NAP48	1,2	188	1,2	89	0,0	0,47
NAP49	0,6	148	0,8	74	0,0	0,50
NAP66	0,5	225	0,5	125	0,0	0,55
NAP75	-0,3	166	0,0	80	0,0	0,48
NAP97	0,9	184	1,1	93	0,9	0,50
NAP105	0,0	174	0,6	83	1,0	0,47
NAP114	1,6	204	2,4	110	1,1	0,54
NAP128	2,2	190	2,9	99	0,0	0,52

Tabela 67. Médias das populações NAP e seus cruzamentos dialélicos e recíprocos para resistência à *P. polysora* (POLY), *P. zeae* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, t/ha) e número de espigas por planta (NE/P). Ribeirão Preto (SP). 1996/97.

NAP	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	%T ₁	%T ₂	PGC	NE/P
21	3,0	5,7	5,6	1,8	6,96	79,7	118,8	5,64	1,12
48	2,7	4,8	4,6	3,2	6,83	78,2	116,6	5,59	0,92
49	2,8	3,9	5,7	19,4	5,21	59,7	88,9	4,26	0,96
66	3,0	4,4	4,2	5,5	5,90	67,6	100,7	4,65	0,95
75	3,3	4,3	4,4	7,2	6,70	76,8	114,3	5,52	1,03
128	3,6	5,3	5,8	4,6	6,28	71,9	107,2	5,15	1,02
47	2,8	5,1	4,3	5,4	6,71	76,9	114,5	5,32	0,95
97	2,6	5,2	3,8	8,5	6,49	74,3	110,8	5,40	0,96
105	2,9	4,3	5,0	3,9	6,38	73,1	108,9	5,23	1,03
114	2,8	5,1	4,3	4,5	7,28	83,4	124,2	5,96	0,94
21x48	2,6	5,0	5,9	5,4	7,52	86,1	128,3	6,13	1,04
48x21	2,3	4,9	4,4	2,9	7,36	84,3	125,6	5,98	1,09
21x49	2,7	4,4	4,8	3,4	7,46	85,5	127,3	6,24	1,04
49x21	2,5	4,8	5,0	10,7	6,48	74,2	110,6	5,33	0,99
21x66	2,9	5,0	5,0	4,9	7,70	88,2	131,4	6,31	1,00
66x21	3,8	5,2	4,8	3,5	6,99	80,1	119,3	5,61	1,09
21x75	3,2	4,4	5,0	2,5	6,99	80,1	119,3	5,76	1,04
75x21	2,9	4,9	5,8	2,0	7,09	81,2	121,0	5,84	1,08
21x128	3,6	5,0	5,5	7,1	7,61	87,2	129,9	6,33	1,09
128x21	3,5	4,6	5,8	3,9	7,29	83,5	124,4	5,96	1,08
21x47	2,9	4,8	6,2	3,7	7,19	82,4	122,7	5,87	1,01
47x21	2,5	5,0	5,4	5,6	7,14	81,8	121,8	5,78	0,97
21x97	2,8	4,8	4,2	5,5	7,80	89,4	133,1	6,46	1,04
97x21	3,0	5,0	4,4	4,6	7,92	90,7	135,2	6,47	1,03
21x105	2,6	4,7	4,9	3,3	6,95	79,6	118,6	5,67	1,04
105x21	2,3	4,7	5,1	3,0	6,78	77,7	115,7	5,54	1,06
21x114	3,2	5,6	4,5	2,9	7,09	81,2	121,0	5,82	0,97
114x21	3,6	5,0	5,1	2,5	7,57	86,7	129,2	6,08	1,09
48x49	2,4	4,6	4,5	8,0	7,70	88,2	131,4	6,38	1,03
49x48	3,1	4,2	4,6	7,6	6,89	78,9	117,6	5,72	0,91
48x66	2,7	4,7	4,7	4,4	6,83	78,2	116,6	5,54	0,94
66x48	3,0	4,6	4,5	5,4	7,67	87,9	130,9	6,28	1,06
48x75	2,6	5,1	4,8	3,8	6,89	78,9	117,6	5,68	0,97
75x48	2,4	4,5	3,9	2,2	6,47	74,1	110,4	5,29	1,00
48x128	2,6	4,9	4,1	3,3	7,08	81,1	120,8	5,89	0,99
128x48	2,8	4,9	5,2	6,6	7,54	86,4	128,7	6,28	1,00

continuação:

NAP	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	%T ₁	%T ₂	PGC	NE/P
48x47	2,6	4,5	4,5	3,2	6,77	77,6	115,5	5,50	0,95
47x48	2,8	4,8	5,1	4,6	6,38	73,1	108,9	5,19	0,84
48x97	3,1	4,6	4,5	3,4	6,69	76,6	114,2	5,38	0,91
97x48	3,0	5,3	4,7	7,6	7,35	84,2	125,4	6,08	1,01
48x105	2,8	4,4	4,8	3,2	7,29	83,5	124,4	5,91	1,01
105x48	2,9	4,9	4,5	7,3	7,42	85,0	126,6	6,11	1,00
48x114	2,9	5,0	4,3	4,5	7,51	86,0	128,2	6,09	0,94
114x48	2,8	5,2	4,9	2,2	7,66	87,7	130,7	6,30	0,95
49x66	2,6	4,1	4,6	2,2	6,95	79,6	118,6	5,74	0,92
66x49	2,9	4,3	4,7	1,1	7,35	84,2	125,4	6,10	0,98
49x75	2,7	4,1	5,6	4,3	6,58	75,4	112,3	5,53	1,00
75x49	2,7	3,9	4,1	2,7	6,47	74,1	110,4	5,51	1,01
49x128	2,8	4,3	5,5	8,7	6,76	77,4	115,4	5,60	1,00
128x49	2,6	4,5	5,7	6,8	6,74	77,2	115,0	5,63	0,96
49x47	2,7	3,9	5,4	6,6	6,88	78,8	117,4	5,61	1,01
47x49	3,3	4,6	5,0	6,1	6,83	78,2	116,6	5,70	0,95
49x97	2,8	4,4	4,4	4,8	7,11	81,4	121,3	5,96	1,00
97x49	3,3	4,1	5,0	3,1	7,56	86,6	129,0	6,34	0,95
49x105	2,2	4,2	5,1	3,5	6,53	74,8	111,4	5,45	1,07
105x49	2,8	4,2	4,6	8,3	6,76	77,4	115,4	5,65	1,02
49x114	2,8	4,4	4,4	1,1	7,15	81,9	122,0	5,86	0,98
114x49	2,6	4,1	5,0	5,8	7,62	87,3	130,0	6,32	1,08
66x75	2,3	5,3	4,2	5,4	6,98	80,0	119,1	5,80	1,00
75x66	2,3	4,6	4,4	2,7	6,82	78,1	116,4	5,62	0,98
66x128	2,5	5,0	4,9	5,8	6,91	79,2	117,9	5,69	1,00
128x66	3,4	4,8	4,3	3,0	7,43	85,1	126,8	6,19	0,99
66x47	2,7	4,7	3,9	3,8	7,27	83,3	124,1	5,91	1,00
47x66	3,3	5,0	4,6	3,1	6,57	75,3	112,1	5,34	0,87
66x97	2,3	4,4	4,1	3,8	7,35	84,2	125,4	5,91	0,99
97x66	2,8	4,5	4,3	5,8	7,26	83,2	123,9	5,91	0,90
66x105	2,6	4,9	4,4	3,7	6,96	79,7	118,8	5,63	0,96
105x66	2,6	4,0	5,4	2,3	7,13	81,7	121,7	5,86	0,98
66x114	2,4	4,4	3,9	5,3	7,28	83,4	124,2	5,91	0,98
114x66	3,1	4,8	5,0	6,9	6,68	76,5	114,0	5,46	0,93
75x128	2,4	4,7	4,8	2,1	6,33	72,5	108,0	5,13	0,99
128x75	2,8	4,3	4,5	2,1	6,71	76,9	114,5	5,58	1,07
75x47	2,6	4,5	4,8	6,7	6,46	74,0	110,2	5,33	1,00
47x75	2,6	4,5	4,5	3,9	6,41	73,4	109,4	5,29	0,94
75x97	2,8	4,5	4,6	0,5	6,84	78,4	116,7	5,70	1,00
97x75	3,3	4,5	4,6	2,2	7,27	83,3	124,1	5,98	0,95

continuação:

NAP	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	%T ₁	%T ₂	PGC	NE/P
75x105	3,1	3,7	5,2	5,0	6,65	76,2	113,5	5,53	1,01
105x75	2,6	5,0	4,4	7,7	6,54	74,9	111,6	5,45	1,02
75x114	3,0	4,6	4,3	1,8	6,53	74,8	111,4	5,38	0,95
114x75	2,8	5,0	5,0	1,1	6,76	77,4	115,4	5,61	0,95
128x47	3,4	4,7	5,8	4,9	6,65	76,2	113,5	5,38	1,03
47x128	3,0	4,5	5,9	4,4	6,72	77,0	114,7	5,42	1,01
128x97	3,2	4,6	4,1	6,1	6,06	69,4	103,4	4,90	0,95
97x128	2,7	4,9	5,2	2,3	7,62	87,3	130,0	6,29	1,04
128x105	2,9	4,9	5,8	4,6	7,00	80,2	119,5	5,74	1,05
105x128	2,9	4,9	5,1	5,1	6,72	77,0	114,7	5,51	1,02
128x114	3,0	4,4	4,0	3,2	7,20	82,5	122,9	5,92	0,99
114x128	2,9	5,6	4,4	4,1	7,22	82,7	123,2	5,94	1,01
47x97	2,5	4,6	4,2	3,9	7,10	81,3	121,2	5,76	0,99
97x47	2,6	4,7	4,0	4,2	7,26	83,2	123,9	5,88	0,99
47x105	2,9	4,9	6,0	4,6	6,68	76,5	114,0	5,40	1,01
105x47	3,1	4,3	6,0	3,2	6,87	78,7	117,2	5,64	1,03
47x114	3,3	5,2	4,7	2,8	7,27	83,3	124,1	5,90	0,97
114x47	2,5	5,0	5,0	8,8	6,48	74,2	110,6	5,21	0,95
97x105	2,9	4,3	5,5	4,8	6,60	75,6	112,6	5,47	0,97
105x97	2,5	4,2	4,5	3,5	5,85	67,0	99,8	4,80	0,94
97x114	2,5	5,2	4,4	8,7	6,41	73,4	109,4	5,27	0,97
114x97	2,7	4,9	3,9	2,7	6,95	79,6	118,6	5,73	0,94
105x114	2,6	4,9	4,7	5,5	6,91	79,2	117,9	5,70	0,93
114x105	2,6	4,6	5,0	1,1	7,19	82,4	122,7	5,88	1,00
TRAT _{média}	2,8	4,7	4,8	4,6	6,95	79,6	118,6	5,71	0,99
T ₁	3,0	3,9	1,6	6,4	8,73	---	---	6,99	0,96
T ₂	6,3	5,9	4,8	5,8	5,86	---	---	4,71	1,01
CVe%	24,7	16,0	18,1	87,8	10,1	---	---	10,7	7,1

Tabela 68. Médias das populações NAP e seus cruzamentos dialélicos e recíprocos para altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE) porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR). Ribeirão Preto (SP). 1996/97.

NAP	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
21	222	128	0,57	15,9	13,6	65,9
48	230	126	0,55	12,2	10,1	66,5
49	187	100	0,53	6,4	9,0	62,5
66	261	153	0,59	7,6	8,4	67,5
75	216	113	0,52	3,9	10,0	63,4
128	225	123	0,54	3,5	9,9	65,2
47	221	120	0,54	5,1	5,9	64,7
97	227	126	0,55	1,1	5,9	66,6
105	210	110	0,52	7,4	2,6	64,0
114	252	147	0,58	1,6	10,3	66,6
21x48	233	139	0,60	1,9	9,6	65,2
48x21	226	122	0,54	12,3	4,6	66,6
21x49	222	136	0,61	14,7	14,1	64,4
49x21	229	134	0,58	8,1	7,3	65,4
21x66	253	152	0,60	15,2	4,8	66,2
66x21	226	136	0,60	12,9	8,2	67,7
21x75	221	124	0,56	2,2	6,2	65,7
75x21	226	124	0,55	2,7	6,5	64,1
21x128	230	133	0,58	8,6	7,1	63,8
128x21	224	128	0,57	20,9	7,4	64,6
21x47	226	130	0,58	11,6	8,1	65,1
47x21	223	126	0,56	3,2	13,2	64,9
21x97	234	128	0,55	5,3	2,0	66,0
97x21	236	132	0,56	3,1	9,0	66,4
21x105	217	125	0,58	11,6	4,4	65,6
105x21	215	125	0,58	0,5	8,1	65,3
21x114	235	144	0,61	3,7	14,0	66,3
114x21	228	137	0,60	9,9	9,3	66,4
48x49	214	123	0,57	8,6	8,1	63,5
49x48	219	129	0,59	3,6	14,1	64,7
48x66	227	136	0,59	4,7	4,1	66,9
66x48	256	151	0,59	7,8	8,4	66,4
48x75	222	124	0,56	4,2	5,2	65,8
75x48	232	128	0,55	20,5	2,7	65,2
48x128	215	119	0,55	3,8	9,4	65,2
128x48	227	126	0,55	8,3	10,1	64,9

Continuação:

NAP	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
48x47	211	114	0,54	0,0	4,6	66,6
47x48	230	127	0,55	9,5	3,4	66,9
48x97	235	129	0,55	3,1	5,7	65,9
97x48	229	127	0,55	0,6	15,3	66,3
48x105	226	126	0,56	11,7	6,7	65,6
105x48	224	123	0,55	1,8	5,3	64,4
48x114	236	133	0,56	6,7	5,3	65,5
114x48	249	152	0,61	0,5	7,2	65,7
49x66	232	140	0,60	7,7	5,1	66,6
66x49	213	130	0,61	14,5	7,4	65,6
49x75	186	102	0,55	3,1	7,8	61,9
75x49	207	121	0,59	17,0	6,8	63,2
49x128	206	124	0,60	0,0	8,7	63,5
128x49	209	122	0,58	8,2	12,4	63,2
49x47	215	122	0,57	2,2	8,7	62,7
47x49	207	116	0,56	7,5	6,7	62,9
49x97	212	116	0,55	4,2	12,9	63,9
97x49	219	130	0,59	4,4	15,9	64,1
49x105	209	121	0,58	25,9	5,4	63,2
105x49	196	103	0,53	0,5	4,3	63,4
49x114	231	149	0,65	6,9	14,4	64,4
114x49	233	139	0,60	3,2	5,8	64,8
66x75	247	150	0,61	10,5	10,6	66,3
75x66	235	130	0,55	6,2	3,2	65,7
66x128	250	154	0,61	0,5	11,4	66,8
128x66	242	150	0,62	11,8	3,4	66,6
66x47	247	146	0,59	12,1	4,3	66,6
47x66	240	139	0,58	3,2	4,3	65,2
66x97	240	139	0,58	10,1	10,0	68,0
97x66	243	144	0,59	5,7	12,1	66,7
66x105	254	156	0,61	5,6	7,5	65,5
105x66	240	135	0,56	16,9	8,5	65,3
66x114	233	139	0,59	10,4	4,2	68,1
114x66	239	144	0,60	8,7	5,1	66,9
75x128	211	115	0,54	6,2	5,5	64,1
128x75	230	136	0,59	6,7	4,3	64,1
75x47	198	104	0,53	6,4	6,2	64,7
47x75	211	112	0,53	10,7	4,9	64,0
75x97	210	108	0,52	4,8	4,4	64,7
97x75	219	119	0,54	4,4	9,4	64,7

continuação:

NAP	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
75x105	203	108	0,53	14,2	1,3	63,3
105x75	213	115	0,54	0,5	8,8	64,1
75x114	229	133	0,58	11,9	3,2	66,2
114x75	239	139	0,58	2,1	2,1	65,7
128x47	192	101	0,52	12,7	5,7	64,1
47x128	218	124	0,57	0,6	8,6	63,6
128x97	218	123	0,56	7,5	8,9	66,7
97x128	223	123	0,55	1,9	6,9	66,1
128x105	219	119	0,54	7,0	6,6	64,6
105x128	227	123	0,54	4,2	4,3	64,7
128x114	235	138	0,59	1,6	7,8	65,9
114x128	243	140	0,58	2,1	10,1	66,4
47x97	226	130	0,57	7,8	5,8	65,9
97x47	219	126	0,57	8,3	5,2	67,1
47x105	223	121	0,54	3,7	4,6	63,3
105x47	203	110	0,54	8,3	5,2	63,4
47x114	213	123	0,57	2,9	4,1	66,3
114x47	223	127	0,57	2,0	5,9	66,0
97x105	236	135	0,57	9,2	8,4	64,9
105x97	201	112	0,55	17,4	3,7	66,5
97x114	195	107	0,55	14,5	10,2	66,6
114x97	231	136	0,59	6,0	6,8	66,8
105x114	226	130	0,57	5,8	6,7	66,2
114x105	235	134	0,57	7,2	3,8	65,6
TRAT _{média}	224	128	0,57	7,1	7,3	65,3
T ₁	209	122	0,58	1,0	0,0	67,1
T ₂	194	104	0,54	2,7	3,3	64,2
CVe%	7,3	10,9	4,9	161,4	93,1	2,0

Tabela 69. Médias das populações NAP e seus cruzamentos dialélicos e recíprocos para resistência a *P. maydis* (PHAE), complexo enfezamento (CSTU), *E. turcicum* (ET), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE) porcentagem de acamamento e quebradas (%AC+QUE). Rio Verde (GO). 1996/97.

NAP	PHAE	CSTU	ET	PEC	%T ₁	%T ₂	AP	AE	PRE	%AC+QUE
21	3,2	1,0	2,0	6,31	75,3	83,4	190	97	0,51	0,0
48	2,8	1,2	2,0	6,99	83,4	92,3	196	100	0,51	0,9
49	2,9	1,2	2,0	5,57	66,5	73,6	152	77	0,51	0,5
66	2,7	1,0	2,0	5,40	64,4	71,3	215	116	0,54	4,2
75	2,8	1,0	2,1	5,57	66,5	73,6	173	83	0,48	0,5
128	3,7	1,0	2,0	5,80	69,2	76,6	186	95	0,51	1,4
47	3,3	1,1	2,0	6,79	81,0	89,7	185	92	0,50	3,0
97	2,8	1,0	2,0	6,86	81,9	90,6	187	96	0,51	3,5
105	3,3	1,2	2,0	5,83	69,6	77,0	175	83	0,47	0,9
114	2,7	1,0	2,0	6,09	72,7	80,5	199	104	0,52	1,3
21x48	2,8	1,0	2,0	7,22	86,2	95,4	191	97	0,51	1,8
48x21	2,4	1,0	2,0	6,98	83,3	92,2	190	97	0,51	0,0
21x49	3,3	1,0	2,0	7,17	85,6	94,7	181	96	0,53	0,4
49x21	2,8	1,2	2,1	7,00	83,5	92,5	178	92	0,52	0,9
21x66	3,0	1,0	2,0	6,51	77,7	86,0	206	109	0,53	1,4
66x21	2,9	1,1	2,0	6,81	81,3	90,0	205	112	0,55	0,5
21x75	2,9	1,0	2,0	6,45	77,0	85,2	184	94	0,51	4,0
75x21	3,3	1,1	2,0	6,80	81,2	89,8	174	86	0,49	1,3
21x128	3,3	1,0	2,0	7,14	85,2	94,3	184	95	0,51	0,0
128x21	3,3	1,2	2,0	7,46	89,0	98,6	190	100	0,53	0,0
21x47	3,4	1,0	2,2	6,98	83,3	92,2	184	94	0,51	1,8
47x21	2,8	1,0	2,0	6,50	77,6	85,9	177	88	0,50	0,0
21x97	2,7	1,0	2,1	6,80	81,2	89,8	189	95	0,50	0,4
97x21	2,7	1,0	2,0	7,27	86,8	96,0	190	98	0,51	1,4
21x105	3,3	1,1	2,0	6,23	74,3	82,3	181	93	0,51	0,0
105x21	3,2	1,0	2,0	6,54	78,0	86,4	187	92	0,49	0,4
21x114	2,7	1,0	2,1	6,44	76,9	85,1	188	99	0,52	1,8
114x21	3,2	1,0	2,1	7,56	90,2	99,9	200	109	0,55	0,4
48x49	3,0	1,0	1,9	7,03	83,9	92,9	185	94	0,51	1,8
49x48	2,8	1,0	2,2	7,22	86,2	95,4	175	89	0,51	0,4
48x66	2,6	1,0	2,2	6,86	81,9	90,6	209	111	0,53	5,0
66x48	2,3	1,0	2,0	7,53	89,9	99,5	216	113	0,53	2,9
48x75	3,1	1,0	2,2	6,84	81,6	90,4	188	92	0,49	0,9
75x48	3,1	1,0	2,0	6,89	82,2	91,0	186	91	0,49	2,6

continuação:

NAP	PHAE	CSTU	ET	PEC	%T ₁	%T ₂	AP	AE	PRE	%AC+QUE
48x128	2,7	1,2	2,0	6,97	83,2	92,1	194	105	0,54	6,3
128x48	3,1	1,2	2,0	6,15	73,4	81,2	190	97	0,51	0,4
48x47	2,6	1,0	2,0	6,89	82,2	91,0	191	94	0,49	2,3
47x48	2,8	1,0	2,0	7,17	85,6	94,7	198	99	0,50	1,4
48x97	2,8	1,2	2,0	6,61	78,9	87,3	189	95	0,50	2,5
97x48	2,7	1,0	2,0	7,16	85,4	94,6	196	100	0,51	2,2
48x105	2,8	1,0	2,1	6,49	77,5	85,7	191	92	0,48	2,7
105x48	3,0	1,2	2,0	6,49	77,5	85,7	187	92	0,49	0,9
48x114	2,9	1,0	2,0	6,96	83,1	91,9	194	98	0,51	0,9
114x48	3,0	1,0	2,0	7,16	85,4	94,6	201	106	0,53	3,5
49x66	3,1	1,0	2,0	7,42	88,5	98,0	190	101	0,53	4,8
66x49	3,3	1,0	2,0	8,14	97,1	107,5	202	109	0,54	1,3
49x75	2,9	1,0	2,0	6,36	75,9	84,0	162	80	0,49	0,5
75x49	3,2	1,1	2,0	6,29	75,1	83,1	168	86	0,51	0,0
49x128	3,3	1,0	2,0	6,89	82,2	91,0	185	98	0,53	0,0
128x49	3,5	1,0	2,0	6,88	82,1	90,9	178	93	0,52	0,5
49x47	3,3	1,0	2,0	6,71	80,1	88,6	170	84	0,50	0,5
47x49	2,9	1,0	2,0	7,45	88,9	98,4	170	83	0,49	1,3
49x97	2,7	1,1	2,0	6,94	82,8	91,7	170	83	0,48	3,7
97x49	2,5	1,0	2,0	7,82	93,3	103,3	174	88	0,51	1,3
49x105	3,3	1,2	2,0	6,83	81,5	90,2	179	92	0,51	0,4
105x49	3,1	1,0	2,0	7,06	84,3	93,3	177	92	0,52	0,0
49x114	3,0	1,0	2,0	6,97	83,2	92,1	180	97	0,54	1,4
114x49	2,8	1,0	2,0	7,74	92,4	102,3	184	96	0,52	2,4
66x75	2,8	1,0	2,0	6,56	78,3	86,7	207	109	0,53	4,0
75x66	3,0	1,0	2,0	6,20	74,0	81,9	203	104	0,51	2,2
66x128	2,9	1,2	2,0	5,63	67,2	74,4	206	113	0,55	3,0
128x66	3,3	1,0	2,0	6,63	79,1	87,6	203	110	0,54	0,4
66x47	2,8	1,2	2,1	6,44	76,9	85,1	194	101	0,52	2,7
47x66	2,9	1,0	2,1	7,14	85,2	94,3	201	104	0,52	2,2
66x97	2,7	1,0	2,0	6,83	81,5	90,2	209	115	0,55	2,9
97x66	2,8	1,0	2,0	7,13	85,1	94,2	207	112	0,54	3,2
66x105	2,6	1,0	2,0	6,95	82,9	91,8	208	112	0,54	1,7
105x66	2,8	1,0	2,2	6,75	80,6	89,2	202	106	0,52	0,9
66x114	2,9	1,0	2,0	6,43	76,7	84,9	212	116	0,55	0,4
114x66	2,8	1,0	2,0	6,64	79,2	87,7	211	113	0,53	2,6
75x128	3,3	1,0	2,0	7,03	83,9	92,9	183	94	0,51	1,4
128x75	3,2	1,0	2,0	6,58	78,5	86,9	187	97	0,52	2,6
75x47	3,2	1,0	2,0	6,33	75,5	83,6	173	82	0,47	1,8
47x75	3,0	1,0	2,0	6,57	78,4	86,8	172	81	0,47	1,0
75x97	2,5	1,0	2,0	7,22	86,2	95,4	181	87	0,48	4,2
97x75	2,7	1,0	2,1	6,94	82,8	91,7	181	90	0,50	0,5

continuação:

NAP	PHAE	CSTU	ET	PEC	%T ₁	%T ₂	AP	AE	PRE	%AC+QUE
75x105	3,3	1,1	2,0	6,41	76,5	84,7	176	88	0,50	0,5
105x75	3,3	1,0	2,0	6,55	78,2	86,5	178	83	0,47	1,9
75x114	3,1	1,0	2,0	7,15	85,3	94,5	185	94	0,51	1,3
114x75	2,8	1,0	2,0	6,94	82,8	91,7	197	107	0,54	2,3
128x47	3,4	1,2	2,0	6,10	72,8	80,6	175	87	0,50	4,4
47x128	3,1	1,0	2,0	6,93	82,7	91,6	185	92	0,50	0,4
128x97	2,7	1,0	2,0	7,15	85,3	94,5	188	96	0,51	2,6
97x128	3,0	1,0	2,0	7,59	90,6	100,3	193	100	0,51	1,8
128x105	3,3	1,0	2,0	6,77	80,8	89,4	184	91	0,49	0,9
105x128	3,4	1,0	2,0	6,15	73,4	81,2	172	84	0,49	1,3
128x114	3,0	1,1	2,1	6,79	81,0	89,7	196	104	0,53	2,2
114x128	2,8	1,0	2,0	6,85	81,7	90,5	194	101	0,52	1,3
47x97	2,8	1,2	2,0	6,95	82,9	91,8	179	86	0,48	0,9
97x47	2,9	1,0	2,0	6,76	80,7	89,3	179	90	0,50	3,9
47x105	3,3	1,0	2,0	6,67	79,6	88,1	181	87	0,48	0,9
105x47	3,4	1,0	2,0	6,94	82,8	91,7	179	88	0,49	1,8
47x114	3,3	1,0	2,0	7,19	85,8	95,0	186	95	0,51	0,9
114x47	3,4	1,0	2,0	6,63	79,1	87,6	186	98	0,53	0,5
97x105	3,0	1,0	2,0	7,03	83,9	92,9	186	94	0,50	1,8
105x97	2,8	1,0	2,1	6,79	81,0	89,7	178	88	0,50	2,3
97x114	2,8	1,0	2,0	6,67	79,6	88,1	192	99	0,51	3,5
114x97	2,6	1,0	2,0	6,94	82,8	91,7	197	105	0,53	1,7
105x114	3,0	1,0	2,0	6,13	73,2	81,0	190	96	0,51	0,5
114x105	3,3	1,0	2,0	6,32	75,4	83,5	188	94	0,50	0,8
TRAT _{média}	3,0	1,0	2,0	6,77	80,8	89,4	188	96	0,51	1,6
T ₁	1,0	1,0	1,8	8,38	---	---	169	86	0,51	0,1
T ₂	3,3	1,0	2,0	7,57	---	---	166	80	0,48	1,1
CVe%	16,7	14,1	5,7	10,1	---	---	4,5	7,0	4,0	178,4

Tabela 70. Teste t (student) para contraste de médias dos tratamentos e a média das testemunha T₁ e T₂, obtidos para resistência a *P. polysora* (POLY), *P. zea* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), *E. turcicum* (ET), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR) nos ensaios de dialélicos. Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Ensaio de cruzamentos dialélicos em Ribeirão Preto		
Caracteres	Trat vs T ₁	Trat vs T ₂
POLY	-0,2**	-3,5**
PHYS	0,8**	-1,2**
PHAE	3,2**	0,0ns
%ED	-1,8**	-1,2**
PEC	-1,78**	1,09**
PGC	-1,28**	1,00**
NE/P	0,03ns	-0,02ns
AP	15**	30**
AE	6**	24**
PRE	-0,01ns	0,03ns
%AC	6,2**	4,5**
%QUE	7,3**	4,0**
FLOR	-1,8**	1,1**
Ensaio de cruzamentos dialélicos em Rio Verde		
Carateres	Trat vs T ₁	Trat vs T ₂
PHAE	2,0**	-0,3**
ET	0,2**	0,0ns
PEC	-1,60**	-0,80**
%AC+QUE	1,6**	0,5ns
AP	19**	22**
AE	10**	16**
PRE	0,00ns	0,03ns

ns, *, **: não significativos e significativos a nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 71. Resumo das análises de variância dos dialélicos 10x10 com cruzamentos recíprocos contendo os quadrados médios de efeitos (QM) com respectivos graus de liberdade (G.L) e níveis de significância pelo teste F para resistência a *P. polysora* (POLY), *P. zea* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), *E. turcicum* (ET), complexo enfezamento (CSTUN), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

QM do ensaio dialélico 10x10 com recíprocos em Ribeirão Preto								
Caracteres	Tratamento	Variedade	Heterose	Heterose			Recíproco	Erro
				Média	Variedade	Específica		
G.L	99	9	45	1	9	35	45	396
POLY(10^{-3})	106,84ns	160,13ns	122,13ns	168,10ns	68,228ns	134,68ns	80,889ns	97,800
PHYS(10^{-3})	154,22*	879,02**	63,142ns	182,04ns	86,950ns	53,623ns	100,33ns	112,26
PHAE(10^{-3})	325,93**	1512,3**	211,48*	13,611ns	188,22ns	223,11*	203,11ns	151,52
%ED	6,3789**	13,612**	7,5083**	36,792**	16,688**	4,311ns	3,8029ns	3,2096
PEC(10^{-3})	212,75**	604,68**	229,52**	2509,8**	349,61**	133,49ns	117,59 ns	98,364
PGC(10^{-3})	153,57**	341,19**	175,33**	2083,2**	274,54**	95,302ns	94,278ns	74,377
NE/P(10^{-3})	2,5703**	13,368**	1,1400ns	0,2169ns	0,4225ns	1,3509ns	1,8411**	1,0066
%AC	27,080ns	33,702ns	18,237ns	4,9963ns	14,584ns	19,555ns	34,600ns	26,530
%QUE	10,305ns	29,639**	8,4934ns	17,330ns	8,8730ns	8,1433ns	8,2501ns	9,2586
FLOR(10^{-3})	1748,6**	14844,1**	567,79**	0,2778ns	134,22ns	695,49**	310,22ns	325,52
G.L	99	9	45	1	9	35	45	99
AP	226,19**	1478,1**	101,82ns	1,7336ns	63,343ns	114,57ns	100,19ns	134,97
AE	162,69**	1103,0**	65,586ns	153,76ns	48,535ns	67,452ns	71,739ns	96,270
PRE(10^{-4})	6,7314**	39,894**	3,4566ns	37,019**	3,0331ns	2,6066ns	3,3738ns	3,9002
QM do ensaio dialélico 10x10 com recíprocos em Rio Verde								
Caracteres	Tratamento	Variedade	Heterose	Heterose			Recíproco	Erro
				Média	Variedade	Específica		
G.L	99	9	45	1	9	35	45	495
PHAE(10^{-3})	74,004**	446,37**	44,136ns	12,350ns	44,364ns	44,985ns	29,399ns	41,122
CSTUN(10^{-3})	3,5804ns	4,6144ns	3,6359ns	8,9201ns	4,7995ns	3,1857ns	3,3180ns	3,5283
ET(10^{-3})	1,9641ns	1,0803ns	1,7129ns	0,7716ns	0,9452ns	1,9373ns	2,3920ns	2,2283
AP	145,39**	1393,6**	23,346**	54,908*	35,759**	19,253*	17,792*	11,899
AE	83,156**	773,01**	15,473**	49,905**	21,220**	13,011**	12,868**	7,4600
PRE (10^{-4})	3,8416**	30,049**	1,3112**	3,3312*	1,3136ns	1,2529**	1,1304**	0,7024
%AC+QUE	1,7550ns	6,0560**	0,9108ns	0,0313ns	0,8728ns	0,9457ns	1,7389ns	1,4346
PEC(10^{-3})	235,00**	539,23**	293,88**	4736,9**	268,12**	173,56**	115,26*	77,456

ns, *, **: não significativos e significativos a nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.
 (10^{-3}), (10^{-4}): Quadrado Médio multiplicado por 10^{-3} e 10^{-4} , respectivamente.

Tabela 72. Resumo das análises de variância conjunta dos ensaios de cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos, com quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres: resistência à *P. maydis* (PHAE), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), altura de planta (AP, em cm) e espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE) e porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/97.

Caracteres	Fontes de Variação									
	Local		Bloco/Local		Tratamento		Trat. x Local		Erro	
	GL	QM	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM
PHAE(10^{-3})	1	913,34**	9	1548,3**	99	1533,6**	99	647,90*	891	473,77
PEC(10^{-3})	1	8491,6**	9	366,70ns	99	1753,1**	99	689,18**	891	476,75
AP	1	196385,0**	6	775,48**	99	969,76**	99	144,55**	594	104,68
AE	1	148271,0**	6	351,15**	99	641,18**	99	97,044**	594	69,433
PRE(10^{-4})	1	4882,4**	6	11,988*	99	27,003**	99	4,7607ns	594	4,8071
%AC+QUE	1	44692,5**	9	942,49**	99	86,974ns	99	98,735**	891	70,451

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

(10^{-3}), (10^{-4}): Quadrado Médio multiplicado por 10^{-3} e 10^{-4} , respectivamente.

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade).

Tabela 73. Estimativas dos efeitos de variedade (v_i) e de heterose de variedade (h_i) para resistência a *P. polysora* (POLY), *P. zea* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos. Ribeirão Preto (SP). 1996/97.

Estimativas dos efeitos de variedade (v_i)													
	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	PGC	NE/P	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
$\hat{v}_{21}$	0,05	0,89	0,83	-4,61	0,485	0,364	0,14	-2,8	3,3	0,023	9,44	5,02	0,61
$\hat{v}_{48}$	-0,25	-0,01	-0,17	-3,17	0,354	0,316	-0,07	4,7	1,8	-0,001	5,69	1,52	1,21
$\hat{v}_{49}$	-0,15	-0,91	0,93	12,98	-1,267	-1,009	-0,03	-38,3	-24,7	-0,017	-0,12	0,42	-2,79
$\hat{v}_{66}$	0,05	-0,41	-0,57	-0,89	-0,571	-0,626	-0,03	35,7	28,8	0,035	1,12	-0,14	2,21
$\hat{v}_{75}$	0,35	-0,51	-0,37	0,78	0,225	0,251	0,04	-9,3	-11,7	-0,028	-2,54	1,40	-1,89
$\hat{v}_{128}$	0,65	0,49	1,03	-1,79	-0,190	-0,118	0,03	-0,3	-1,7	-0,006	-3,00	1,31	-0,09
$\hat{v}_{47}$	-0,15	0,29	-0,47	-1,00	0,236	0,044	-0,04	-3,8	-4,7	-0,011	-1,35	-2,63	-0,59
$\hat{v}_{97}$	-0,35	0,39	-0,97	2,07	0,019	0,128	-0,03	2,2	1,3	0,002	-5,38	-2,68	1,31
$\hat{v}_{105}$	-0,05	-0,51	0,23	-2,46	-0,099	-0,040	0,04	-14,8	-14,7	-0,029	0,96	-5,93	-1,29
$\hat{v}_{114}$	-0,15	0,29	-0,47	-1,91	0,810	0,689	-0,05	26,7	22,3	0,032	-4,83	1,71	1,31
$\hat{\mu}$	2,95	4,81	4,77	6,38	6,48	5,27	0,99	224	124	0,55	6,46	8,56	65,3
Estimativas dos efeitos de heterose de variedade (h_i)													
$\hat{h}_{21}$	0,12	-0,21	-0,09	2,23	0,061	0,045	-0,01	5,2	2,1	-0,004	-3,56	-1,58	-0,03
$\hat{h}_{48}$	0,05	0,14	-0,08	2,01	0,009	-0,022	0,02	2,0	-0,1	-0,006	-4,12	-0,72	-0,23
$\hat{h}_{49}$	0,00	0,02	-0,38	-5,47	0,620	0,576	0,02	7,7	8,7	0,022	0,71	2,08	-0,10
$\hat{h}_{66}$	-0,05	0,22	-0,02	0,10	0,415	0,391	0,00	-0,6	1,5	0,008	1,60	-0,35	0,26
$\hat{h}_{75}$	-0,27	0,14	0,06	-1,62	-0,442	-0,346	-0,02	-1,9	-1,7	-0,003	1,54	-2,58	0,21
$\hat{h}_{128}$	-0,18	-0,15	-0,26	1,24	0,067	0,048	0,01	-1,3	-0,2	0,001	0,43	-0,06	-0,36
$\hat{h}_{47}$	0,12	-0,13	0,51	0,83	-0,313	-0,237	0,00	-5,3	-4,9	-0,009	-0,41	0,08	-0,08
$\hat{h}_{97}$	0,18	-0,23	0,11	-1,10	0,050	-0,019	0,00	-2,1	-3,8	-0,012	1,97	2,81	0,09
$\hat{h}_{105}$	-0,08	0,11	0,16	1,30	-0,151	-0,144	-0,01	2,7	1,5	0,000	0,91	1,36	-0,01
$\hat{h}_{114}$	0,12	0,10	-0,02	0,48	-0,316	-0,292	0,00	-6,4	-3,1	0,002	0,93	-1,05	0,25
$\bar{h}$	-0,137	-0,142	0,039	-2,02	0,528	0,481	0,005	-0,44	4,13	0,02	0,746	-1,388	0,01

Tabela 74. Estimativas dos efeitos de variedade (v_i) e de heterose de variedade (h_i) para resistência a *P. maydis* (PHAE), complexo enfezamento (CSTUN), *E. turcicum* (ET), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE) e porcentagem de acamamento e quebradas (%AC+QUE) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos. Rio Verde (GO). 1996/97.

Estimativas dos efeitos de variedade (v_i)								
	PHAE	CSTUN	ET	PEC	AP	AE	PRE	%AC+QUE
$\hat{v}_{21}$	0,16	-0,06	-0,01	0,189	4,3	2,4	0,003	-1,59
$\hat{v}_{48}$	-0,18	0,11	-0,01	0,868	10,7	5,5	0,002	-0,73
$\hat{v}_{49}$	-0,09	0,11	-0,01	-0,554	-33,7	-17,1	0,001	-1,13
$\hat{v}_{66}$	-0,34	-0,06	-0,01	-0,719	29,1	21,6	0,033	2,58
$\hat{v}_{75}$	-0,18	-0,06	0,07	-0,550	-13,1	-11,4	-0,027	-1,14
$\hat{v}_{128}$	0,66	-0,06	-0,01	-0,320	0,5	0,4	0,002	-0,24
$\hat{v}_{47}$	0,24	0,02	-0,01	0,672	-1,3	-2,4	-0,008	1,43
$\hat{v}_{97}$	-0,26	-0,06	-0,01	0,741	1,0	1,4	0,007	1,89
$\hat{v}_{105}$	0,32	0,11	-0,01	-0,295	-10,4	-10,8	-0,031	-0,73
$\hat{v}_{114}$	-0,34	-0,06	-0,01	-0,032	12,8	10,2	0,019	-0,34
$\hat{\mu}$	3,0	1,1	2,0	6,12	186	94	0,51	1,59
Estimativas dos efeitos de heterose de variedade (h_i)								
$\hat{h}_{21}$	-0,06	0,04	0,02	-0,055	-2,9	-0,6	0,004	-0,04
$\hat{h}_{48}$	-0,11	-0,04	0,02	-0,347	-0,3	-1,2	-0,006	0,90
$\hat{h}_{49}$	0,11	-0,05	-0,01	0,571	5,7	3,2	0,002	0,05
$\hat{h}_{66}$	0,05	0,03	0,02	0,320	4,3	3,8	0,008	-0,53
$\hat{h}_{75}$	0,16	0,01	-0,04	0,079	0,1	-0,1	0,000	0,75
$\hat{h}_{128}$	-0,15	0,06	-0,01	0,064	-0,2	0,9	0,006	0,11
$\hat{h}_{47}$	-0,01	-0,01	0,01	-0,392	-6,2	-5,3	-0,012	-0,79
$\hat{h}_{97}$	-0,15	0,03	0,00	-0,160	-1,1	-1,8	-0,008	-0,27
$\hat{h}_{105}$	0,01	-0,05	0,01	-0,112	1,2	0,6	0,001	-0,27
$\hat{h}_{114}$	0,16	0,00	0,00	0,032	-0,6	0,4	0,004	0,08
$\bar{h}$	-0,037	-0,032	0,009	0,726	2,47	2,36	0,01	0,059

Tabela 75. Estimativas extremas dos efeitos de heterose específica (s_{ij}) para resistência a *P. polysora* (POLY), *P. zeae* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos. Ribeirão Preto (SP). 1996/97.

s_{ij}	POLY	PHYS	PHAE	%ED	NE/P	%AC	%QUE	AP	AE	PRE	PEC	PGC	FLOR
máx	$s_{21 \times 66}$	$s_{66 \times 75}$	$s_{47 \times 105}$	$s_{75 \times 105}$	$s_{49 \times 114}$	$s_{21 \times 128}$	$s_{21 \times 47} =$ $s_{21 \times 114}$	$s_{49 \times 114}$	$s_{49 \times 114}$	$s_{49 \times 114}$	$s_{21 \times 97}$	$s_{21 \times 97}$	$s_{48 \times 47}$
	0,42	0,39	0,64	3,16	0,05	7,46	3,77	11,6	11,0	0,019	0,49	0,44	1,46
mín	$s_{21 \times 48}$	$s_{66 \times 114}$	$s_{47 \times 97}$	$s_{49 \times 66}$	$s_{48 \times 47}$	$s_{21 \times 75}$	$s_{21 \times 97}$	$s_{97 \times 114}$	$s_{97 \times 114}$	$s_{66 \times 114}$	$s_{97 \times 105}$	$s_{97 \times 105}$	$s_{48 \times 114}$
	-0,43	-0,33	-0,61	-3,37	-0,06	-6,20	-4,06	-17,3	-12,2	-0,02	-0,62	-0,50	-0,97

Tabela 76. Estimativas dos efeitos de heterose específica (s_{ij}) para resistência a *P. maydis* (PHAE), *E. turcicum* (ET), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE) e porcentagem de acamamento e quebradas (%AC+QUE) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos em Rio Verde (GO). 1996/97.

s_{ij}	PHAE	ET	PEC	AP	AE	PRE	%AC+QUE
máx	$s_{47 \times 114}$	$s_{21 \times 114}$	$s_{49 \times 66}$	$s_{48 \times 47}$	$s_{49 \times 105}$	$s_{49 \times 105}$	$s_{21 \times 75}$
	0,27	0,06	0,681	7,6	5,2	0,015	1,64
mín	$s_{66 \times 105}$	$s_{21 \times 66}$	$s_{49 \times 75}$	$s_{128 \times 105}$	$s_{128 \times 105}$	$s_{49 \times 97}$	$s_{49 \times 75}$
	-0,31	-0,04	-0,618	-6,5	-5,3	-0,014	-1,09

Tabela 77. Estimativas dos efeitos de heterose total ($\hat{h}_{ii}$) para resistência a *P. polysora* (POLY), *P. zeae* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos em Ribeirão Preto (SP). 1996/97.

$\hat{h}_{ii}$	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	PGC	NE/P	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
$\hat{h}_{21 \times 48}$	-0,40	-0,30	0,05	1,64	0,546	0,444	0,04	3,3	3,8	0,008	-6,93	-4,73	-0,30
$\hat{h}_{21 \times 49}$	-0,30	-0,20	-0,75	-3,49	0,886	0,839	-0,03	21,3	21,0	0,043	0,27	-0,57	0,70
$\hat{h}_{21 \times 66}$	0,35	0,05	0,00	0,59	0,912	0,818	0,00	-2,3	3,3	0,019	2,29	-4,49	0,25
$\hat{h}_{21 \times 75}$	-0,10	-0,35	0,40	-2,21	0,209	0,222	-0,02	4,3	3,5	0,005	-7,47	-5,42	0,25
$\hat{h}_{21 \times 128}$	0,25	-0,70	-0,05	2,30	0,825	0,753	0,01	3,8	5,3	0,014	5,07	-4,48	-1,35
$\hat{h}_{21 \times 47}$	-0,20	-0,50	0,85	1,08	0,330	0,348	-0,05	3,0	4,5	0,013	-3,11	0,89	-0,30
$\hat{h}_{21 \times 97}$	0,10	-0,55	-0,40	-0,09	1,130	0,947	-0,01	10,0	3,3	-0,010	-4,30	-4,22	-0,05
$\hat{h}_{21 \times 105}$	-0,50	-0,30	-0,30	0,29	0,197	0,170	-0,03	-0,3	6,3	0,031	-5,60	-1,85	0,50
$\hat{h}_{21 \times 114}$	0,50	-0,10	-0,15	-0,43	0,209	0,152	0,00	-5,3	3,0	0,026	-1,98	-0,24	0,10
$\hat{h}_{48 \times 49}$	0,00	0,05	-0,60	-3,48	1,277	1,125	0,03	8,5	13,0	0,039	-3,16	1,54	-0,40
$\hat{h}_{48 \times 66}$	0,00	0,05	0,20	0,54	0,882	0,791	0,06	-3,5	3,5	0,024	-3,65	-3,02	-0,35
$\hat{h}_{48 \times 75}$	-0,50	0,25	-0,15	-2,21	-0,081	-0,069	0,01	4,0	6,5	0,020	4,28	-6,04	0,55
$\hat{h}_{48 \times 128}$	-0,45	-0,15	-0,55	1,03	0,756	0,711	0,03	-6,5	-2,3	0,006	-1,78	-0,22	-0,80
$\hat{h}_{48 \times 47}$	-0,05	-0,30	0,35	-0,45	-0,194	-0,106	-0,04	-4,8	-2,5	0,001	-3,91	-4,03	1,15
$\hat{h}_{48 \times 97}$	0,40	-0,05	0,40	-0,35	0,358	0,234	0,02	3,8	2,0	0,000	-4,77	2,53	-0,45
$\hat{h}_{48 \times 105}$	0,05	0,10	-0,15	1,70	0,753	0,600	0,03	5,3	6,8	0,018	-3,06	-0,39	-0,25
$\hat{h}_{48 \times 114}$	0,10	0,15	0,15	-0,54	0,526	0,423	0,02	1,8	6,0	0,021	-3,31	-3,92	-0,95
$\hat{h}_{49 \times 66}$	-0,15	0,05	-0,30	-10,76	1,597	1,466	-0,01	-1,0	8,5	0,044	4,13	-2,46	1,10
$\hat{h}_{49 \times 75}$	-0,35	-0,10	-0,20	-9,80	0,572	0,629	0,01	-4,8	5,5	0,040	4,88	-2,16	-0,40
$\hat{h}_{49 \times 128}$	-0,50	-0,20	-0,15	-4,20	1,006	0,910	-0,01	1,8	11,8	0,053	-0,81	1,14	-0,50
$\hat{h}_{49 \times 47}$	0,20	-0,25	0,20	-6,04	0,894	0,865	0,03	7,3	9,3	0,027	-0,92	0,25	-0,80
$\hat{h}_{49 \times 97}$	0,35	-0,30	-0,05	-9,94	1,484	1,319	0,02	8,8	10,0	0,025	0,60	6,95	-0,55
$\hat{h}_{49 \times 105}$	-0,35	0,10	-0,50	-5,77	0,854	0,807	0,05	3,8	7,3	0,026	6,31	-0,95	0,05
$\hat{h}_{49 \times 114}$	-0,10	-0,25	-0,30	-8,46	1,141	0,978	0,08	12,5	20,8	0,063	1,08	0,44	0,05
$\hat{h}_{66 \times 75}$	-0,85	0,60	0,00	-2,27	0,595	0,627	0,00	2,8	7,0	0,027	2,56	-2,30	0,55
$\hat{h}_{66 \times 128}$	-0,35	0,05	-0,40	-0,63	1,076	1,038	0,01	3,5	13,8	0,050	0,60	-1,73	0,35
$\hat{h}_{66 \times 47}$	0,10	0,10	0,00	-2,02	0,613	0,641	-0,02	2,8	5,8	0,021	1,26	-2,89	-0,20
$\hat{h}_{66 \times 97}$	-0,25	-0,35	0,20	-2,21	1,105	0,889	-0,01	-2,5	2,0	0,016	3,56	3,89	0,30
$\hat{h}_{66 \times 105}$	-0,35	0,10	0,30	-1,72	0,908	0,808	-0,03	11,5	14,3	0,036	3,76	2,45	-0,35
$\hat{h}_{66 \times 114}$	-0,15	-0,15	0,20	1,12	0,385	0,382	0,01	-20,0	-8,5	0,013	4,96	-4,72	0,45

continuação:

$\hat{h}_{ij}$	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	PGC	NE/P	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
$\hat{h}_{75 \times 128}$	-0,85	-0,30	-0,45	-3,74	0,032	0,017	0,01	0,5	7,8	0,032	2,76	-5,01	-0,20
$\hat{h}_{75 \times 47}$	-0,45	-0,20	0,30	-0,97	-0,270	-0,107	-0,02	-14,3	-8,3	-0,001	4,03	-2,40	0,30
$\hat{h}_{75 \times 97}$	0,10	-0,25	0,50	-6,42	0,455	0,377	-0,02	-7,3	-5,5	-0,007	2,12	-1,07	-0,30
$\hat{h}_{75 \times 105}$	-0,25	0,05	0,10	0,81	0,056	0,109	-0,01	-4,8	0,3	0,013	1,63	-1,24	0,00
$\hat{h}_{75 \times 114}$	-0,15	0,10	0,30	-4,36	-0,348	-0,246	-0,04	0,0	6,5	0,030	4,21	-7,48	0,95
$\hat{h}_{128 \times 47}$	0,00	-0,60	0,80	-0,37	0,186	0,167	0,03	-18,0	-8,8	0,005	2,35	-0,78	-1,10
$\hat{h}_{128 \times 97}$	-0,15	-0,50	-0,15	-2,34	0,456	0,315	0,01	-5,3	-1,0	0,006	2,45	0,00	0,50
$\hat{h}_{128 \times 105}$	-0,35	0,10	0,05	0,57	0,528	0,430	0,01	5,5	4,5	0,008	0,19	-0,81	0,05
$\hat{h}_{128 \times 114}$	-0,25	-0,20	-0,85	-0,90	0,426	0,374	0,02	0,8	4,3	0,017	-0,72	-1,11	0,25
$\hat{h}_{47 \times 97}$	-0,15	-0,50	0,05	-2,89	0,576	0,463	0,04	-1,5	5,0	0,027	4,93	-0,37	0,85
$\hat{h}_{47 \times 105}$	0,15	-0,10	1,35	-0,77	0,234	0,244	0,03	-2,5	1,0	0,011	-0,27	0,60	-1,00
$\hat{h}_{47 \times 114}$	0,10	0,00	0,55	0,87	-0,124	-0,083	0,01	-18,5	-8,0	0,011	-0,91	-3,08	0,50
$\hat{h}_{97 \times 105}$	-0,05	-0,50	0,60	-2,00	-0,206	-0,182	-0,04	-0,3	5,8	0,026	9,03	1,79	0,40
$\hat{h}_{97 \times 114}$	-0,10	-0,10	0,10	-0,76	-0,207	-0,182	0,01	-26,3	-15,0	-0,001	8,88	0,44	0,10
$\hat{h}_{105 \times 114}$	-0,25	0,05	0,20	-0,90	0,219	0,194	-0,02	-0,5	3,5	0,019	1,97	-1,20	0,60

Tabela 78. Estimativas dos efeitos de heterose total ($\hat{h}_{ii}$) para resistência a *P. maydis* (PHAE), complexo enfezamento (CSTUN), *E. turcicum* (ET), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE) e porcentagem de acamamento e quebradas (%AC+QUE) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos em Rio Verde (GO). 1996/97.

$\hat{h}_{ii}$	PHAE	CSTUN	ET	PEC	AP	AE	PRE	%AC+QUE
$\hat{h}_{21 \times 48}$	-0,42	-0,08	0,00	0,452	-3,2	-0,7	0,004	0,45
$\hat{h}_{21 \times 49}$	0,00	0,00	0,04	1,147	8,3	7,1	0,016	0,41
$\hat{h}_{21 \times 66}$	0,04	0,04	0,00	0,804	2,7	4,6	0,016	-1,17
$\hat{h}_{21 \times 75}$	0,13	0,04	-0,04	0,685	-2,5	0,6	0,010	2,42
$\hat{h}_{21 \times 128}$	-0,13	0,08	0,00	1,244	-0,9	1,8	0,012	-0,67
$\hat{h}_{21 \times 47}$	-0,08	-0,04	0,08	0,188	-6,8	-2,9	0,002	-0,61
$\hat{h}_{21 \times 97}$	-0,29	0,00	0,04	0,450	1,0	0,4	-0,002	-0,86
$\hat{h}_{21 \times 105}$	-0,04	-0,04	0,00	0,318	1,3	2,4	0,010	-0,22
$\hat{h}_{21 \times 114}$	0,00	0,00	0,08	0,801	-0,7	3,2	0,018	0,48
$\hat{h}_{48 \times 49}$	0,00	-0,17	0,04	0,849	5,8	3,3	0,002	0,44
$\hat{h}_{48 \times 66}$	-0,29	-0,08	0,08	1,002	6,6	4,3	0,005	1,43
$\hat{h}_{48 \times 75}$	0,25	-0,08	0,04	0,586	2,4	0,3	-0,004	1,06
$\hat{h}_{48 \times 128}$	-0,38	0,08	0,00	0,168	0,6	3,9	0,019	2,25
$\hat{h}_{48 \times 47}$	-0,38	-0,13	0,00	0,140	3,6	1,0	-0,004	-0,07
$\hat{h}_{48 \times 97}$	-0,08	0,00	0,00	-0,041	1,0	-0,4	-0,005	0,17
$\hat{h}_{48 \times 105}$	-0,17	-0,08	0,04	0,082	3,4	0,1	-0,007	0,92
$\hat{h}_{48 \times 114}$	0,21	-0,08	0,00	0,518	-0,4	-0,2	0,000	1,12
$\hat{h}_{49 \times 66}$	0,37	-0,08	0,00	2,296	12,5	8,6	0,013	0,72
$\hat{h}_{49 \times 75}$	0,17	-0,04	-0,04	0,757	2,7	3,0	0,009	-0,23
$\hat{h}_{49 \times 128}$	0,08	-0,08	0,00	1,202	12,7	9,4	0,017	-0,67
$\hat{h}_{49 \times 47}$	0,00	-0,13	0,00	0,898	1,8	-0,8	-0,010	-0,84
$\hat{h}_{49 \times 97}$	-0,25	-0,04	0,00	1,170	3,0	-0,8	-0,013	0,51
$\hat{h}_{49 \times 105}$	0,08	-0,08	0,00	1,249	14,3	11,5	0,025	-0,45
$\hat{h}_{49 \times 114}$	0,12	-0,08	0,00	1,526	6,7	5,8	0,014	1,03
$\hat{h}_{66 \times 75}$	0,17	0,00	-0,04	0,891	11,3	7,4	0,011	0,76
$\hat{h}_{66 \times 128}$	-0,08	0,08	0,00	0,529	4,1	6,3	0,022	-1,07
$\hat{h}_{66 \times 47}$	-0,08	0,04	0,08	0,695	-2,2	-1,0	0,002	-1,14
$\hat{h}_{66 \times 97}$	0,00	0,00	0,00	0,846	7,1	7,9	0,020	-0,80
$\hat{h}_{66 \times 105}$	-0,29	-0,08	0,08	1,236	9,8	9,2	0,024	-1,22
$\hat{h}_{66 \times 114}$	0,21	0,00	0,00	0,790	4,8	4,4	0,009	-1,19
$\hat{h}_{75 \times 128}$	-0,04	0,00	-0,04	1,118	5,9	6,8	0,023	1,11
$\hat{h}_{75 \times 47}$	0,04	-0,04	-0,04	0,266	-6,1	-5,8	-0,016	-0,36
$\hat{h}_{75 \times 97}$	-0,21	0,00	0,00	0,864	1,4	-0,8	-0,007	0,33
$\hat{h}_{75 \times 105}$	0,21	-0,04	-0,04	0,779	2,6	2,3	0,007	0,50
$\hat{h}_{75 \times 114}$	0,21	0,00	-0,04	1,214	5,2	6,9	0,024	0,97

continuação:

$\hat{h}_{ii'}$	PHAE	CSTUN	ET	PEC	AP	AE	PRE	%AC+QUE
$\hat{h}_{128 \times 47}$	-0,21	0,04	0,00	0,219	-5,9	-3,6	-0,003	0,23
$\hat{h}_{128 \times 97}$	-0,38	0,00	0,00	1,039	4,3	2,8	0,003	-0,21
$\hat{h}_{128 \times 105}$	-0,13	-0,08	0,00	0,646	-3,0	-1,4	0,001	0,00
$\hat{h}_{128 \times 114}$	-0,29	0,04	0,04	0,876	2,5	2,6	0,008	0,45
$\hat{h}_{47 \times 97}$	-0,13	0,04	0,00	0,028	-6,8	-5,9	-0,014	-0,88
$\hat{h}_{47 \times 105}$	0,04	-0,13	0,00	0,492	0,5	-0,5	-0,003	-0,62
$\hat{h}_{47 \times 114}$	0,38	-0,04	0,00	0,469	-5,3	-1,8	0,005	-1,48
$\hat{h}_{97 \times 105}$	-0,13	-0,08	0,04	0,567	0,8	1,6	0,007	-0,15
$\hat{h}_{97 \times 114}$	-0,04	0,00	0,00	0,329	2,1	2,0	0,005	0,24
$\hat{h}_{105 \times 114}$	0,13	-0,08	0,00	0,264	2,3	1,2	0,002	-0,40

Tabela 79. Estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação ($\hat{g}_i$) para resistência a *P. polysora* (POLY), *P. zea* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos em Ribeirão Preto (SP). 1996/97.

$\hat{g}_i$	POLY	PHY	PHAE	%ED	PEC	PGC	NE/P	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
$\hat{g}_{21}$	0,14	0,24	0,33	-0,07	0,304	0,227	0,05	3,8	3,7	0,008	1,16	0,93	0,27
$\hat{g}_{48}$	-0,08	0,13	-0,17	0,42	0,186	0,136	-0,02	4,3	0,8	-0,006	-1,28	0,04	0,37
$\hat{g}_{49}$	-0,07	-0,43	0,09	1,02	-0,014	0,071	0,00	-11,4	-3,6	0,014	0,65	2,29	-1,49
$\hat{g}_{66}$	-0,03	0,02	-0,30	-0,34	0,129	0,078	-0,02	17,3	15,9	0,026	2,16	-0,42	1,36
$\hat{g}_{75}$	-0,10	-0,12	-0,13	-1,23	-0,329	-0,221	0,01	-6,6	-7,6	-0,017	0,27	-1,88	-0,74
$\hat{g}_{128}$	0,15	0,09	0,25	0,34	-0,028	-0,011	0,02	-1,4	-1,1	-0,002	-1,07	0,59	-0,40
$\hat{g}_{47}$	0,04	0,01	0,28	0,33	-0,195	-0,215	-0,02	-7,2	-7,3	-0,014	-1,08	-1,23	-0,38
$\hat{g}_{97}$	0,01	-0,03	-0,37	-0,07	0,059	0,045	-0,02	-1,0	-3,2	-0,012	-0,72	1,47	0,75
$\hat{g}_{105}$	-0,11	-0,15	0,28	0,07	-0,201	-0,164	0,01	-4,7	-5,8	-0,014	1,39	-1,60	-0,65
$\hat{g}_{114}$	0,04	0,24	-0,25	-0,48	0,089	0,052	-0,02	6,9	8,1	0,018	-1,48	-0,19	0,91

Tabela 80. Estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação ($\hat{g}_i$) para resistência a *P. maydis* (PHAE), complexo enfezamento (CSTUN), *E. turcicum* (ET), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE) e porcentagem de acamamento e quebradas (%AC+QUE) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos dialélicos 10x10 com recíprocos em Rio Verde (GO). 1996/97.

$\hat{g}_i$	PHAE	CSTUN	ET	PEC	AP	AE	PRE	%AC+QUE
$\hat{g}_{21}$	0,02	0,01	0,01	0,040	-0,7	0,6	0,005	-0,83
$\hat{g}_{48}$	-0,20	0,01	0,01	0,087	5,0	1,6	-0,005	0,54
$\hat{g}_{49}$	0,07	0,00	-0,01	0,294	-11,2	-5,3	0,003	-0,52
$\hat{g}_{66}$	-0,12	0,00	0,01	-0,040	18,9	14,6	0,025	0,76
$\hat{g}_{75}$	0,07	-0,01	0,00	-0,196	-6,5	-5,8	-0,013	0,18
$\hat{g}_{128}$	0,18	0,03	-0,01	-0,096	0,0	1,2	0,007	-0,01
$\hat{g}_{47}$	0,11	0,00	0,00	-0,056	-6,8	-6,5	-0,016	-0,07
$\hat{g}_{97}$	-0,27	0,00	0,00	0,211	-0,6	-1,1	-0,004	0,67
$\hat{g}_{105}$	0,17	0,00	0,00	-0,260	-4,0	-4,8	-0,014	-0,63
$\hat{g}_{114}$	-0,01	-0,03	0,00	0,016	5,8	5,5	0,013	-0,08

Tabela 81. Médias dos cruzamentos “top-crosses” (TOP) e das populações (NAP), média geral de todos os cruzamentos (TOP_{média}) para resistência à *P. polysora* (POLY), *P. zea* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha) e peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P). Ribeirão Preto (SP). 1996/1997.

Trat.	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	%T ₁	%T ₂	PGC	NE/P
TOP04	2,3	4,7	4,3	6,2	6,75	76,6	112,1	5,48	0,97
TOP05	3,3	4,4	4,5	4,0	6,55	74,4	108,8	5,32	0,89
TOP07	2,3	4,3	5,4	2,2	7,50	85,1	124,6	6,15	1,00
TOP14	3,0	5,0	4,7	5,7	7,28	82,6	120,9	6,07	1,01
TOP22	2,3	4,4	4,1	2,6	8,27	93,9	137,4	6,82	1,01
TOP25	3,4	5,2	4,5	2,4	6,70	76,1	111,3	5,48	1,04
TOP43	2,8	4,5	4,8	6,5	6,92	78,6	115,0	5,65	1,02
TOP44	2,8	4,6	4,6	3,4	7,34	83,3	121,9	6,01	1,07
TOP96	3,3	5,0	4,6	2,6	6,98	79,2	116,0	5,72	0,94
TOP51	2,9	4,7	4,3	4,9	6,79	77,1	112,8	5,59	0,98
TOP52	2,3	4,6	4,4	4,6	7,06	80,1	117,3	5,73	1,02
TOP55	2,8	4,8	4,8	2,4	6,48	73,6	107,6	5,23	1,00
TOP57	2,6	4,6	4,3	2,7	6,84	77,6	113,6	5,55	0,98
TOP73	2,8	4,7	5,3	4,7	6,64	75,4	110,3	5,39	0,98
TOP74	3,1	5,1	4,8	3,6	6,55	74,4	108,8	5,37	0,99
TOP76	3,0	4,8	5,2	3,1	6,82	77,4	113,3	5,59	1,00
TOP77	2,6	4,5	5,0	3,7	6,84	77,6	113,6	5,59	0,94
TOP78	2,8	4,6	4,4	6,0	6,21	70,5	103,2	4,96	0,89
TOP79	2,8	5,0	5,1	5,3	7,25	82,3	120,4	5,97	0,96
TOP87	3,7	4,8	4,4	7,4	6,76	76,7	112,3	5,43	0,89
TOP88	3,1	5,3	3,9	4,9	6,91	78,4	114,8	5,54	1,03
TOP93	2,7	4,7	4,6	5,1	6,85	77,8	113,8	5,56	0,97
TOP94	2,7	5,2	5,3	4,2	6,80	77,2	113,0	5,58	1,00
TOP108	2,5	4,4	4,5	2,4	6,60	74,9	109,6	5,39	0,95
TOP116	2,6	4,5	4,6	1,3	6,74	76,5	112,0	5,51	0,98
TOP134	2,9	5,2	4,3	3,7	7,08	80,4	117,6	5,82	0,96
TOP21	3,0	5,0	4,8	4,3	7,08	80,4	117,6	5,78	0,99
TOP48	2,3	4,9	4,8	4,5	6,61	75,0	109,8	5,44	0,94
TOP49	3,3	4,4	4,5	4,2	6,79	77,1	112,8	5,66	1,03
TOP66	2,4	4,5	4,9	2,4	7,42	84,2	123,3	6,06	0,99
TOP128	3,3	5,3	4,8	7,0	7,04	79,9	116,9	5,77	1,00
TOP47	3,2	4,8	4,8	7,7	6,87	78,0	114,1	5,54	0,97
TOP97	2,5	4,8	4,9	4,1	7,44	84,5	123,6	6,11	0,93
TOP105	2,8	4,8	4,7	5,7	6,98	79,2	116,0	5,72	0,99
TOP114	3,3	4,8	4,0	3,1	7,70	87,4	127,9	6,39	1,00

continuação:

Trat.	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	%T ₁	%T ₂	PGC	NE/P
NAP04	2,5	4,8	3,8	8,5	6,24	70,8	103,7	5,02	0,93
NAP05	2,6	4,5	4,4	9,3	5,95	67,5	98,8	4,71	0,89
NAP07	2,3	4,6	5,1	6,5	6,73	76,4	111,8	5,48	0,94
NAP14	2,8	3,8	3,3	4,5	6,44	73,1	107,0	5,30	1,03
NAP22	2,7	4,6	3,8	6,3	7,63	86,6	126,7	6,30	1,23
NAP25	2,8	5,0	4,8	4,7	5,43	61,6	90,2	4,39	1,12
NAP43	2,9	4,9	5,7	6,9	6,38	72,4	106,0	5,28	0,91
NAP44	3,1	5,0	4,6	3,8	6,62	75,1	110,0	5,39	1,06
NAP96	3,1	5,9	3,8	5,0	7,03	79,8	116,8	5,74	0,98
NAP51	3,9	4,5	4,4	4,9	6,11	69,4	101,5	4,96	1,02
NAP52	3,0	4,6	6,2	3,3	6,40	72,6	106,3	5,13	1,00
NAP55	2,5	4,5	5,4	3,7	5,10	57,9	84,7	4,02	0,91
NAP57	2,3	4,6	5,2	1,5	5,97	67,8	99,2	4,85	0,95
NAP73	2,4	5,1	5,2	5,5	6,59	74,8	109,5	5,26	1,07
NAP74	2,8	4,8	5,0	8,2	5,55	63,0	92,2	4,53	0,99
NAP76	2,6	4,3	5,5	8,0	5,82	66,1	96,7	4,75	1,04
NAP77	3,0	4,3	5,6	3,9	5,92	67,2	98,3	4,84	1,04
NAP78	2,4	4,9	4,8	4,2	6,03	68,4	100,2	4,83	0,89
NAP79	2,4	5,1	4,3	7,0	4,82	54,7	80,1	3,79	0,85
NAP87	3,2	5,2	4,3	11,2	4,42	50,2	73,4	3,44	0,83
NAP88	6,1	5,8	4,7	8,4	5,33	60,5	88,5	4,24	0,93
NAP93	2,2	4,3	4,7	3,6	6,63	75,3	110,1	5,41	0,92
NAP94	2,8	5,0	5,5	5,0	6,32	71,7	105,0	5,10	1,06
NAP108	2,4	5,1	5,1	13,2	4,26	48,4	70,8	3,38	0,97
NAP116	2,3	4,5	4,0	6,8	6,34	72,0	105,3	4,69	0,93
NAP134	2,9	5,8	4,5	11,1	5,45	61,9	90,5	4,33	0,85
NAP21	3,3	5,3	5,9	5,4	6,93	78,7	115,1	5,55	1,22
NAP48	2,2	4,6	4,3	7,5	6,57	74,6	109,1	5,38	0,98
NAP49	3,4	4,6	5,2	16,1	5,15	58,5	85,6	4,22	0,95
NAP66	3,9	4,6	3,6	5,4	6,57	74,6	109,1	5,25	0,99
NAP128	3,5	5,1	4,9	2,6	6,41	72,8	106,5	5,29	0,99
NAP47	2,7	5,3	4,3	6,2	6,53	74,1	108,5	5,24	0,97
NAP97	3,6	5,3	4,5	2,8	6,94	78,8	115,3	5,67	0,98
NAP105	2,7	4,8	5,7	5,6	6,57	74,6	109,1	5,34	0,99
NAP114	3,5	5,3	3,7	6,3	6,81	77,3	113,1	5,62	0,99
TOP _{média}	2,8	4,8	4,7	4,2	6,96	78,9	115,5	5,69	0,98
T ₁	3,3	4,1	1,9	4,9	8,81	---	---	7,21	0,98
T ₂	6,3	5,6	4,8	4,3	6,02	---	---	4,87	1,03
CVe%	26,8	14,4	16,2	80,9	10,4	---	---	11,8	8,9

Tabela 82. Médias dos cruzamentos “top-crosses” (TOP) e das populações (NAP), média geral de todos os cruzamentos (TOP_{média}) para altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE) porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR). Ribeirão Preto (SP). 1996/1997.

Trat.	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
TOP04	229	128	0,56	5,8	8,4	67,2
TOP05	236	136	0,58	3,7	4,1	66,9
TOP07	240	141	0,59	7,7	10,6	65,5
TOP14	213	116	0,54	1,8	14,4	63,5
TOP22	242	144	0,59	3,2	4,0	66,3
TOP25	240	140	0,58	7,3	8,2	63,8
TOP43	214	119	0,55	8,2	3,4	63,7
TOP44	221	134	0,61	7,4	4,2	66,2
TOP96	252	155	0,62	1,9	5,1	67,1
TOP51	226	135	0,60	1,6	5,2	64,3
TOP52	225	127	0,57	4,0	5,6	64,4
TOP55	204	115	0,56	3,1	3,8	64,1
TOP57	227	126	0,55	6,8	4,3	66,1
TOP73	220	124	0,56	0,9	11,7	66,3
TOP74	233	139	0,60	10,0	10,7	65,2
TOP76	226	129	0,57	9,6	6,7	62,8
TOP77	221	125	0,57	0,9	9,0	64,2
TOP78	218	122	0,56	4,6	11,2	67,1
TOP79	233	140	0,60	8,6	6,3	66,1
TOP87	244	143	0,59	10,6	9,0	68,0
TOP88	250	160	0,64	3,6	12,9	66,8
TOP93	236	137	0,58	1,8	7,6	66,4
TOP94	229	136	0,59	9,4	5,4	66,5
TOP108	222	122	0,55	1,8	5,9	64,0
TOP116	216	122	0,56	0,0	1,9	65,7
TOP134	248	153	0,62	5,4	9,1	66,5
TOP21	223	128	0,57	4,3	2,0	66,1
TOP48	240	139	0,58	13,9	9,8	67,3
TOP49	208	121	0,58	9,3	10,4	63,5
TOP66	235	140	0,59	1,8	12,8	66,4
TOP128	231	138	0,60	2,3	12,6	64,9
TOP47	233	133	0,57	5,0	9,3	65,3
TOP97	234	137	0,58	7,0	5,3	66,0
TOP105	221	119	0,54	7,1	9,2	64,9
TOP114	234	136	0,58	2,5	6,4	67,0

continuação:

Trat.	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
NAP04	230	133	0,58	8,3	6,0	67,8
NAP05	223	127	0,57	6,7	2,3	67,1
NAP07	237	137	0,58	4,6	10,6	66,5
NAP14	193	103	0,53	0,9	3,1	63,5
NAP22	233	140	0,60	0,4	4,3	66,8
NAP25	210	117	0,55	0,9	10,8	64,5
NAP43	224	122	0,54	5,6	5,1	64,0
NAP44	216	124	0,58	0,4	10,6	66,5
NAP96	256	166	0,65	8,8	3,5	70,4
NAP51	222	127	0,57	11,0	4,7	64,3
NAP52	220	115	0,52	2,2	4,2	62,9
NAP55	210	110	0,52	4,8	4,1	64,8
NAP57	233	132	0,56	8,1	3,2	64,8
NAP73	231	129	0,56	0,5	15,9	65,8
NAP74	227	130	0,57	3,0	24,4	64,1
NAP76	218	127	0,58	4,4	3,5	61,1
NAP77	211	110	0,52	0,0	4,8	63,4
NAP78	222	128	0,58	2,7	4,1	67,3
NAP79	195	108	0,55	6,3	0,5	69,9
NAP87	255	159	0,62	4,7	4,0	71,3
NAP88	233	154	0,66	2,5	5,4	72,4
NAP93	236	138	0,58	0,9	10,7	67,1
NAP94	236	141	0,60	5,7	8,5	67,4
NAP108	206	110	0,53	10,5	8,1	64,5
NAP116	209	118	0,57	5,9	4,2	64,6
NAP134	223	131	0,58	9,2	0,9	70,2
NAP21	218	124	0,57	1,3	3,6	66,0
NAP48	236	138	0,58	7,6	5,9	67,1
NAP49	191	113	0,59	13,1	5,9	60,8
NAP66	262	165	0,63	4,6	5,4	67,7
NAP128	216	132	0,61	0,0	9,0	63,8
NAP47	215	123	0,57	13,0	6,3	63,8
NAP97	228	139	0,61	5,6	3,1	65,8
NAP105	205	112	0,54	0,5	1,3	62,6
NAP114	235	137	0,58	4,0	6,8	67,7
TOP _{média}	229	133	0,58	5,21	7,61	65,6
T ₁	205	120	0,59	0,96	0,57	66,9
T ₂	191	101	0,53	0,76	1,87	62,8
CVe%	4,3	6,8	3,9	175,0	100,3	2,2

Tabela 83. Médias dos cruzamentos “top-crosses” (TOP) e das populações (NAP), média geral de todos os cruzamentos (TOP_{média}) para resistência à *P. maydis* (PHAE), *E. turcicum* (ET), complexo enfezamento (CSTUN), peso de espiga sem correção (PE, em t/ha). Rio Verde (GO). 1996/1997.

Trat.	PHAE	CSTUN	ET	PE	%T ₁	%T ₂
TOP04	2,9	1,0	2,0	6,54	72,1	82,6
TOP05	3,3	1,0	2,2	7,03	77,5	88,8
TOP07	3,8	1,0	2,0	6,36	70,1	80,3
TOP14	2,4	1,0	2,0	6,71	74,0	84,7
TOP22	2,8	1,0	2,0	8,32	91,7	105,1
TOP25	3,1	1,0	2,0	6,71	74,0	84,7
TOP43	3,3	1,0	2,0	7,22	79,6	91,2
TOP44	3,0	1,2	2,2	7,02	77,4	88,6
TOP96	3,0	1,0	2,1	6,93	76,4	87,5
TOP51	2,8	1,0	2,0	6,50	71,7	82,1
TOP52	3,8	1,0	2,0	7,06	77,8	89,1
TOP55	3,2	1,0	2,0	5,84	64,4	73,7
TOP57	3,0	1,0	2,0	6,34	69,9	80,1
TOP73	3,6	1,1	2,0	6,33	69,8	79,9
TOP74	3,3	1,0	2,0	6,03	66,5	76,1
TOP76	3,6	1,0	2,0	5,66	62,4	71,5
TOP77	3,9	1,0	2,0	6,25	68,9	78,9
TOP78	3,4	1,0	2,0	6,91	76,2	87,3
TOP79	3,4	1,0	2,0	6,52	71,9	82,3
TOP87	2,8	1,0	2,0	6,64	73,2	83,8
TOP88	2,9	1,0	2,3	6,24	68,8	78,8
TOP93	3,3	1,0	2,2	6,32	69,7	79,8
TOP94	3,3	1,0	2,1	6,42	70,8	81,1
TOP108	3,2	1,0	2,0	7,17	79,1	90,5
TOP116	3,1	1,0	2,1	6,77	74,6	85,5
TOP134	2,8	1,0	2,0	6,99	77,1	88,3
TOP21	3,2	1,0	2,0	7,00	77,2	88,4
TOP48	3,0	1,0	2,0	6,70	73,9	84,6
TOP49	3,3	1,0	2,0	7,14	78,7	90,2
TOP66	3,0	1,0	2,3	6,87	75,7	86,7
TOP128	3,3	1,0	2,2	6,71	74,0	84,7
TOP47	3,3	1,0	2,0	7,12	78,5	89,9
TOP97	3,0	1,0	2,0	6,85	75,5	86,5
TOP105	3,1	1,0	2,0	7,36	81,2	92,9
TOP114	3,5	1,0	2,4	6,99	77,1	88,3

continuação:

Trat.	PHAE	CSTUN	ET	PE	%T ₁	%T ₂
NAP04	2,8	1,0	2,2	5,75	63,4	72,6
NAP05	2,9	1,1	2,0	6,36	70,1	80,3
NAP07	3,5	1,0	2,0	5,85	64,5	73,9
NAP14	2,3	1,0	2,0	6,79	74,9	85,7
NAP22	2,6	1,0	2,0	7,61	83,9	96,1
NAP25	3,8	1,0	2,0	5,16	56,9	65,2
NAP43	3,7	1,0	2,0	6,45	71,1	81,4
NAP44	3,0	1,0	2,0	6,24	68,8	78,8
NAP96	2,8	1,0	2,9	6,22	68,6	78,5
NAP51	2,7	1,0	2,1	5,53	61,0	69,8
NAP52	3,7	1,1	2,0	5,58	61,5	70,5
NAP55	3,3	1,0	2,0	5,50	60,6	69,4
NAP57	3,8	1,1	2,1	5,08	56,0	64,1
NAP73	4,2	1,0	2,2	5,86	64,6	74,0
NAP74	3,6	1,0	2,0	5,28	58,2	66,7
NAP76	3,8	1,0	2,0	6,09	67,1	76,9
NAP77	4,5	1,0	2,0	5,84	64,4	73,7
NAP78	3,3	1,0	2,3	5,45	60,1	68,8
NAP79	3,3	1,0	2,0	5,16	56,9	65,2
NAP87	3,2	1,0	2,2	5,29	58,3	66,8
NAP88	3,1	1,0	2,2	5,68	62,6	71,7
NAP93	3,3	1,0	2,1	6,40	70,6	80,8
NAP94	3,7	1,0	2,3	6,11	67,4	77,2
NAP108	5,0	1,1	2,3	3,97	43,8	50,1
NAP116	2,8	1,0	2,0	5,98	65,9	75,5
NAP134	2,7	1,0	2,1	6,08	67,0	76,8
NAP21	3,4	1,0	2,0	5,78	63,7	73,0
NAP48	2,8	1,0	2,1	6,41	70,7	80,9
NAP49	3,9	1,0	2,0	5,46	60,2	68,9
NAP66	3,1	1,0	2,3	6,20	68,4	78,3
NAP128	3,7	1,0	2,0	5,39	59,4	68,1
NAP47	3,3	1,0	2,0	6,59	72,7	83,2
NAP97	3,0	1,0	2,2	6,32	69,7	79,8
NAP105	3,5	1,0	2,0	6,45	71,1	81,4
NAP114	2,9	1,0	2,2	6,92	76,3	87,4
TOP _{média}	3,2	1,0	2,1	6,73	74,2	85,0
T ₁	1,1	1,0	2,0	9,07	---	---
T ₂	3,7	1,0	2,0	7,92	---	---
CVe%	14,4	7,3	11,6	13,7	---	---

Tabela 84. Teste t (student) realizado para contraste de médias dos tratamentos e a média das testemunha T₁ e T₂, obtidos para avaliação de resistência a *P. polysora* (POLY), *P. zeae* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), *E. turcicum* (ET), complexo enfezamento (CSTUN), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), peso de espiga sem correção (PE, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC) e quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR), dos ensaios de top-crosses. Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/1997.

Ensaio de “top-crosses” em Ribeirão Preto (SP)		
Caráteres	Trat. vs T ₁	Trat. vs T ₂
POLY	-0,4**	-3,4**
PHYS	0,7**	-0,8**
PHAE	2,8**	-0,1ns
%ED	0,4ns	1,0*
PEC	-2,28**	0,51**
PGC	-1,90**	0,44**
NE/P	0,00ns	-0,05ns
AP	21**	35**
AE	11**	30**
PRE	-0,01ns	0,05ns
%AC	4,1**	4,3**
%QUE	6,3**	5,0**
FLOR	-1,1**	3,0**
Ensaio de “top-crosses” em Rio Verde (GO)		
Caráter	Trat vs T ₁	Trat vs T ₂
PHAE	2,2**	-0,4**
CSTUN	0,0ns	0,0ns
ET	0,1**	0,1**
PE	-2,75**	-1,60**

ns, *, **: não significativos e significativos a nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 85. Resumo das análises de variância dos ensaios de “top-crosses” com apresentação dos quadrados médios de efeitos (QM) com respectivos graus de liberdade (G.L) e níveis de significância pelo teste F para resistência a *P. polysora* (POLY), *P. zeae* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), *E. turcicum* (ET), complexo enfezamento (CSTUN), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), peso de espiga sem correção (PE, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/1997.

QM do ensaio de “top-crosses” em Ribeirão Preto					
Caracteres	Tratamento	Variedades	heterose		Erro
			média	variedade	
G.L	69	34	1	34	345
POLY(10^{-3})	325,43**	512,44**	166,80ns	143,09*	98,900
PHYS(10^{-3})	144,50**	233,91**	200,83ns	53,444ns	79,617
PHAE(10^{-3})	313,60**	496,17**	135,82ns	136,26ns	96,535
%ED	7,0780**	8,1447**	79,822**	3,8717ns	3,0587
PEC (10^{-3})	533,99**	607,22**	12365,6**	112,76*	77,450
PGC (10^{-3})	414,46**	466,87**	9846,8**	84,629ns	65,585
NE/P(10^{-3})	4,7290**	7,9200**	0,11958ns	1,6735ns	1,2798
%AC	12,718ns	15,477ns	2,8688ns	10,249ns	12,822
%QUE	16,214**	22,129**	38,339*	9,6477ns	7,9107
FLOR (10^{-3})	4580,4**	8724,3**	2085,8*	509,95*	333,68
G.L	69	34	1	34	69
AP	207,61**	337,67**	612,13**	65,653ns	46,031
AE	182,62**	314,96**	286,03**	47,248ns	39,013
PRE (10^{-4})	7,9051**	13,9882**	1,8406ns	2,0003ns	2,4984
QM do ensaio de “top-crosses” em Rio Verde					
Caracteres	Tratamento	Variedades	heterose		Erro
			média	variedade	
G.L	69	34	1	34	345
PHAE(10^{-3})	213,72**	366,79**	406,36**	54,978*	36,595
ET (10^{-3})	21,516**	30,619**	39,679*	11,879ns	9,6033
CSTUN (10^{-3})	0,83533ns	0,71658ns	0,09918ns	0,97572ns	0,89833
PE (10^{-3})	498,22**	487,30**	11809,5**	176,46ns	124,02

ns, *, **: não significativos e significativos a nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.
 (10^{-3}), (10^{-4}): Quadrado Médio multiplicado por 10^{-3} e 10^{-4} , respectivamente.

Tabela 86. Resumo das análises de variância conjunta dos ensaios de cruzamentos “top-crosses” de 35 populações NAP, com apresentação dos quadrados médios de efeitos (QM), respectivos graus de liberdade (G.L.) e níveis de significância pelo teste F para os caracteres: resistência à *P. maydis* (PHAE) e peso de espiga sem correção por estande (PE, em t/ha). Ribeirão Preto (SP) e Rio Verde (GO). 1996/1997.

Caráter	Fontes de Variação									
	Local		Bloco/Local		Tratamento		Trat. x Local		Erro	
	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM	G.L	QM
PHAE(10^{-3})	1	430,72**	10	2404,8*	69	2593,6**	69	570,23*	690	399,39
PE(10^{-3})	1	70,354ns	10	5661,4**	69	5774,0**	69	733,34ns	690	620,71

ns, *, ** : Não significativo e significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

(10^{-3}): Quadrado Médio multiplicado por 10^{-3} .

Nota: Avaliação de resistência baseada na escala de intensidade da doença, com notas no intervalo de 1 (alta resistência) a 9 (alta suscetibilidade).

Tabela 87. Estimativas dos efeitos de variedades (v_j) para resistência a *P. polysora* (POLY), *P. zea* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos “top-crosses”. Ribeirão Preto (SP). 1996/1997.

População	Estimativas dos efeitos de variedade (v_j)												
	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	PGC	NE/P	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
NAP04	-0,42	-0,04	-0,90	2,16	0,129	0,084	-0,06	6,9	4,1	0,002	3,44	-0,16	1,81
NAP05	-0,34	-0,37	-0,32	2,93	-0,169	-0,221	-0,09	-0,1	-1,9	-0,006	1,87	-3,81	1,14
NAP07	-0,67	-0,29	0,35	0,15	0,614	0,546	-0,04	13,9	7,6	0,001	-0,21	4,48	0,56
NAP14	-0,17	-1,04	-1,48	-1,88	0,322	0,365	0,05	-30,1	-25,9	-0,042	-3,88	-2,99	-2,44
NAP22	-0,26	-0,29	-0,98	-0,04	1,512	1,366	0,24	9,9	11,1	0,024	-4,37	-1,81	0,89
NAP25	-0,09	0,13	0,10	-1,72	-0,685	-0,542	0,13	-13,1	-12,4	-0,021	-3,87	4,69	-1,44
NAP43	-0,01	0,05	0,93	0,51	0,262	0,344	-0,08	0,9	-7,4	-0,034	0,75	-1,06	-1,94
NAP44	0,16	0,13	-0,15	-2,57	0,504	0,452	0,08	-7,6	-4,9	0,000	-4,38	4,49	0,56
NAP96	0,16	1,05	-0,90	-1,34	0,913	0,803	0,00	32,4	37,1	0,073	4,01	-2,66	4,47
NAP51	0,99	-0,37	-0,32	-1,52	0,001	0,029	0,04	-1,1	-2,4	-0,006	6,14	-1,39	-1,69
NAP52	0,08	-0,29	1,43	-3,12	0,282	0,196	0,01	-3,6	-13,9	-0,052	-2,63	-1,93	-3,03
NAP55	-0,42	-0,37	0,68	-2,71	-1,013	-0,914	-0,08	-13,6	-19,4	-0,053	-0,03	-2,00	-1,19
NAP57	-0,67	-0,29	0,43	-4,87	-0,140	-0,081	-0,03	9,9	2,6	-0,012	3,31	-2,97	-1,19
NAP73	-0,51	0,21	0,43	-0,84	0,473	0,330	0,09	7,9	-0,4	-0,020	-4,36	9,73	-0,11
NAP74	-0,17	-0,04	0,27	1,87	-0,565	-0,410	0,01	3,9	1,1	-0,003	-1,81	18,26	-1,86
NAP76	-0,34	-0,54	0,77	1,62	-0,295	-0,183	0,05	-5,1	-1,9	0,006	-0,43	-2,62	-4,86
NAP77	0,08	-0,62	0,85	-2,49	-0,190	-0,095	0,06	-12,1	-18,9	-0,055	-4,81	-1,33	-2,53
NAP78	-0,51	0,05	0,10	-2,13	-0,080	-0,106	-0,10	-1,1	-0,9	0,000	-2,12	-2,08	1,31
NAP79	-0,51	0,21	-0,40	0,59	-1,296	-1,150	-0,13	-28,1	-20,9	-0,022	1,48	-5,63	3,97
NAP87	0,24	0,30	-0,40	4,79	-1,693	-1,496	-0,15	31,4	30,1	0,049	-0,16	-2,14	5,39
NAP88	3,16	0,96	-0,07	1,98	-0,781	-0,698	-0,06	9,9	24,6	0,083	-2,30	-0,75	6,47
NAP93	-0,76	-0,54	-0,07	-2,79	0,513	0,479	-0,06	12,9	8,6	0,006	-3,90	4,52	1,14
NAP94	-0,17	0,13	0,77	-1,32	0,209	0,168	0,07	12,4	11,6	0,021	0,86	2,37	1,47
NAP108	-0,51	0,21	0,35	6,85	-1,852	-1,559	-0,02	-17,6	-19,4	-0,043	5,70	2,00	-1,44
NAP116	-0,67	-0,37	-0,73	0,46	0,228	-0,245	-0,05	-14,6	-10,9	-0,010	1,08	-1,98	-1,36
NAP134	-0,01	0,96	-0,23	4,76	-0,666	-0,608	-0,13	-0,1	1,6	0,009	4,36	-5,19	4,22
NAP21	0,33	0,46	1,18	-0,95	0,817	0,613	0,24	-5,1	-5,4	-0,010	-3,56	-2,49	0,06
NAP48	-0,76	-0,29	-0,40	1,09	0,458	0,445	-0,01	12,9	9,1	0,008	2,81	-0,28	1,14
NAP49	0,49	-0,29	0,43	9,78	-0,960	-0,714	-0,04	-32,6	-15,9	0,017	8,24	-0,28	-5,11
NAP66	0,99	-0,29	-1,15	-0,93	0,460	0,320	0,00	38,4	36,1	0,055	-0,25	-0,78	1,72
NAP128	0,58	0,21	0,18	-3,72	0,295	0,356	0,00	-7,1	2,6	0,033	-4,81	2,89	-2,11
NAP47	-0,26	0,46	-0,40	-0,19	0,417	0,302	-0,01	-8,6	-6,4	-0,005	8,17	0,17	-2,19
NAP97	0,66	0,38	-0,23	-3,57	0,827	0,734	0,00	4,4	10,1	0,035	0,81	-3,04	-0,19
NAP105	-0,26	-0,04	0,93	-0,79	0,451	0,409	0,01	-18,1	-17,4	-0,032	-4,35	-4,88	-3,36
NAP114	0,58	0,38	-1,07	-0,06	0,699	0,681	0,00	11,4	7,6	0,006	-0,77	0,65	1,72
NAP _{média}	2,92	4,87	4,73	6,37	6,114	4,935	0,98	223	129	0,58	4,81	6,13	65,9

Tabela 88. Estimativas dos efeitos de variedades (v_j) para resistência a *P. maydis* (PHAE), *E. turcicum* (ET), complexo enfezamento (CSTUN), peso de espiga sem correção (PE, em t/ha) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos top-crosses em Rio Verde (GO). 1996/1997.

População	Estimativas dos efeitos de variedade (v_j)			
	PHAE	CSTUN	ET	PE
NAP04	-0,58	-0,010	0,06	-0,156
NAP05	-0,42	0,074	-0,10	0,450
NAP07	0,17	-0,010	-0,10	-0,057
NAP14	-1,08	-0,010	-0,10	0,883
NAP22	-0,75	-0,010	-0,10	1,704
NAP25	0,42	-0,010	-0,10	-0,748
NAP43	0,33	-0,010	-0,10	0,536
NAP44	-0,33	-0,010	-0,10	0,325
NAP96	-0,58	-0,010	0,81	0,310
NAP51	-0,67	-0,010	-0,02	-0,384
NAP52	0,33	0,074	-0,10	-0,328
NAP55	0,00	-0,010	-0,10	-0,406
NAP57	0,50	0,074	-0,02	-0,825
NAP73	0,83	-0,010	0,06	-0,049
NAP74	0,25	-0,010	-0,10	-0,628
NAP76	0,42	-0,010	-0,10	0,177
NAP77	1,17	-0,010	-0,10	-0,069
NAP78	-0,08	-0,010	0,23	-0,459
NAP79	0,00	-0,010	-0,10	-0,750
NAP87	-0,17	-0,010	0,06	-0,616
NAP88	-0,25	-0,010	0,06	-0,228
NAP93	0,00	-0,010	-0,02	0,488
NAP94	0,33	-0,010	0,15	0,205
NAP108	1,67	0,074	0,23	-1,939
NAP116	-0,50	-0,010	-0,10	0,073
NAP134	-0,67	-0,010	-0,02	0,165
NAP21	0,08	-0,010	-0,10	-0,133
NAP48	-0,50	-0,010	-0,02	0,495
NAP49	0,58	-0,010	-0,10	-0,452
NAP66	-0,25	-0,010	0,23	0,294
NAP128	0,33	-0,010	-0,10	-0,519
NAP47	0,00	-0,010	-0,10	0,683
NAP97	-0,33	-0,010	0,06	0,411
NAP105	0,17	-0,010	-0,10	0,539
NAP114	-0,42	-0,010	0,06	1,008
NAP _{média}	3,33	1,009	2,10	5,910

Tabela 89. Estimativas dos efeitos heterose de variedades (h_j) para resistência a *P. polysora* (POLY), *P. zea* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos “top-crosses”. Ribeirão Preto (SP). 1996/1997.

População	Estimativas dos efeitos de heterose de variedade (h_j)												
	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	PGC	NE/P	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
NAP04	-0,39	-0,08	0,15	0,97	-0,289	-0,261	0,01	-4,2	-7,9	-0,024	-1,19	0,89	0,71
NAP05	0,63	-0,17	0,01	-1,77	-0,337	-0,265	-0,05	7,5	4,3	-0,001	-2,64	-1,68	0,79
NAP07	-0,17	-0,39	0,63	-2,25	0,253	0,208	0,04	4,3	4,5	0,008	2,75	0,81	-0,40
NAP14	0,28	0,80	0,81	2,54	0,172	0,214	0,00	-1,6	-4,8	-0,016	-1,60	8,81	-0,93
NAP22	-0,39	-0,21	-0,07	-1,75	0,597	0,479	-0,10	8,0	5,3	0,003	0,13	-2,88	0,22
NAP25	0,67	0,36	-0,21	-1,04	0,094	0,070	0,00	18,1	14,1	0,017	4,30	-1,89	-1,11
NAP43	-0,08	-0,30	-0,38	2,11	-0,171	-0,222	0,08	-16,4	-11,4	-0,009	2,79	-3,93	-1,02
NAP44	-0,17	-0,26	0,01	0,51	0,137	0,102	0,05	-5,0	3,7	0,030	4,60	-6,05	0,31
NAP96	0,36	-0,30	0,41	-1,02	-0,452	-0,384	-0,04	6,7	3,2	-0,001	-5,69	-1,25	-0,80
NAP51	-0,43	0,09	-0,16	1,50	-0,177	-0,120	-0,02	-2,6	3,5	0,022	-7,10	-1,80	-0,44
NAP52	-0,56	-0,04	-1,00	2,00	-0,038	-0,061	0,04	-2,9	1,1	0,013	0,07	-1,13	0,35
NAP55	0,14	0,27	-0,25	-0,50	0,036	0,005	0,06	-19,8	-8,7	0,013	-2,23	-2,97	-0,97
NAP57	0,10	-0,04	-0,65	0,92	-0,051	-0,095	0,01	-7,4	-8,7	-0,020	-0,12	-1,93	1,15
NAP73	0,19	-0,21	0,41	0,91	-0,589	-0,485	-0,05	-14,3	-9,3	-0,006	-2,26	-0,78	0,84
NAP74	0,36	0,36	-0,03	-1,72	-0,129	-0,117	0,01	2,2	5,9	0,020	6,05	-6,41	0,53
NAP76	0,36	0,36	0,15	-2,02	0,014	-0,007	-0,01	-1,0	-3,2	-0,011	4,92	0,44	-0,35
NAP77	-0,30	0,05	-0,07	0,71	-0,021	-0,050	-0,08	-2,6	1,6	0,014	-2,07	2,18	-0,18
NAP78	0,19	-0,21	-0,30	2,98	-0,749	-0,710	-0,05	-11,1	-11,6	-0,023	0,45	4,89	0,88
NAP79	0,19	0,14	0,68	0,79	0,996	0,910	0,05	18,6	18,6	0,036	2,76	1,58	-1,59
NAP87	0,76	-0,08	-0,03	0,83	0,694	0,519	-0,02	-0,8	-5,3	-0,019	5,79	2,65	-0,31
NAP88	-1,40	0,09	-0,74	-0,40	0,368	0,221	0,09	17,0	15,7	0,019	-0,47	5,99	-2,12
NAP93	0,23	0,18	-0,03	2,38	-0,386	-0,389	0,03	0,0	-0,8	-0,005	-1,55	-2,37	0,26
NAP94	-0,08	0,36	0,32	0,63	-0,278	-0,198	-0,01	-6,6	-3,4	0,002	3,99	-3,61	0,18
NAP108	-0,08	-0,48	-0,34	-5,56	0,605	0,512	-0,02	1,9	-1,8	-0,011	-6,69	-2,89	-0,93
NAP116	0,10	-0,08	0,32	-3,34	-0,354	-0,053	0,02	-6,6	-6,3	-0,013	-6,10	-5,01	0,79
NAP134	0,10	-0,08	-0,21	-3,05	0,488	0,467	0,05	20,2	20,4	0,035	-2,09	4,28	-1,28
NAP21	0,01	0,01	-0,52	0,56	-0,301	-0,226	-0,11	-4,2	-2,9	-0,002	0,91	-4,61	0,48
NAP48	-0,12	0,32	0,32	-0,29	-0,605	-0,500	-0,04	4,3	1,6	-0,003	7,71	2,46	1,15
NAP49	0,28	-0,21	-0,38	-5,25	0,338	0,351	0,07	-5,0	-4,2	-0,006	-0,04	3,10	0,48
NAP66	-0,96	-0,13	0,90	-1,47	0,244	0,228	0,01	-14,0	-11,6	-0,013	-3,44	5,92	-0,05
NAP128	0,14	0,40	0,01	4,88	-0,071	-0,099	0,01	5,9	3,5	0,000	-0,57	3,77	0,40
NAP47	0,50	-0,17	0,41	3,75	-0,313	-0,315	0,00	8,8	3,5	-0,006	-4,61	1,66	0,79
NAP97	-0,70	-0,21	0,41	1,70	0,075	0,062	-0,05	3,0	-1,6	-0,014	1,42	-0,81 ^a	0,53
NAP105	0,06	0,01	-0,47	1,94	-0,213	-0,180	0,00	0,6	-6,1	-0,028	4,26	4,25	1,06
NAP114	0,14	-0,13	-0,12	-1,20	0,414	0,391	0,02	-0,8	-0,8	-0,001	-2,44	-1,67	0,57
$\bar{h}$	-0,101	-0,110	-0,091	-2,20	0,865	0,772	-0,003	6,09	4,16	0,003	0,417	1,524	-0,36

Tabela 90. Estimativas dos efeitos de heterose de variedades (h_i) *P. maydis* (PHAE), *E. turcicum* (ET), complexo enfezamento (CSTUN), peso de espiga sem correção (PE, em t/ha) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos top-crosses avaliados em Rio Verde (GO). 1996/1997.

População	Estimativas de heterose de variedade (h_i)			
	PHAE	CSTUN	ET	PE
NAP04	0,03	-0,003	-0,09	-0,119
NAP05	0,38	-0,047	0,17	0,078
NAP07	0,52	-0,003	0,00	-0,369
NAP14	-0,24	-0,003	0,00	-0,495
NAP22	-0,06	-0,003	0,00	0,786
NAP25	-0,32	-0,003	0,00	0,377
NAP43	-0,10	-0,003	0,00	0,234
NAP44	-0,02	0,174	0,17	0,138
NAP96	0,12	-0,003	-0,40	0,051
NAP51	-0,10	-0,003	-0,05	-0,037
NAP52	0,43	-0,047	0,00	0,522
NAP55	-0,02	-0,003	0,00	-0,728
NAP57	-0,46	-0,047	-0,05	0,024
NAP73	-0,02	0,086	-0,09	-0,400
NAP74	-0,06	-0,003	0,00	-0,406
NAP76	0,21	-0,003	0,00	-1,232
NAP77	0,16	-0,003	0,00	-0,471
NAP78	0,29	-0,003	-0,18	0,437
NAP79	0,25	-0,003	0,00	0,173
NAP87	-0,28	-0,003	-0,09	0,235
NAP88	-0,15	-0,003	0,17	-0,401
NAP93	0,16	-0,003	0,13	-0,695
NAP94	-0,10	-0,003	-0,05	-0,437
NAP108	-0,90	-0,047	-0,18	1,492
NAP116	0,16	-0,003	0,08	0,001
NAP134	-0,10	-0,003	-0,05	0,181
NAP21	-0,06	-0,003	0,00	0,357
NAP48	0,07	-0,003	-0,05	-0,299
NAP49	-0,15	-0,003	0,00	0,677
NAP66	-0,06	-0,003	0,17	-0,006
NAP128	-0,10	-0,003	0,17	0,257
NAP47	0,16	-0,003	0,00	0,046
NAP97	-0,02	-0,003	-0,09	-0,090
NAP105	-0,19	-0,003	0,00	0,377
NAP114	0,56	-0,003	0,35	-0,258
$\bar{h}$	-0,157	-0,002	-0,049	0,846

Tabela 91. Estimativas da capacidade geral de combinação (g_i) para resistência a *P. polysora* (POLY), *P. zea* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura da planta (AP, em cm), altura da espiga (AE, em cm), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC), porcentagem de quebramento (%QUE), dias para florescimento (FLOR) das populações NAP avaliadas através de cruzamentos “top-crosses” em Ribeirão Preto (SP). 1996/1997.

População	Estimativas da capacidade geral de combinação (g_i)												
	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	PGC	NE/P	AP	AE	PRE	%AC	%QUE	FLOR
NAP04	-0,60	-0,10	-0,30	2,05	-0,225	-0,219	-0,01	-0,8	-5,9	-0,023	0,52	0,82	1,61
NAP05	0,46	-0,35	-0,14	-0,30	-0,422	-0,376	-0,09	7,4	3,3	-0,004	-1,71	-3,59	1,36
NAP07	-0,50	-0,53	0,81	-2,18	0,560	0,481	0,02	11,2	8,3	0,009	2,64	3,05	-0,12
NAP14	0,19	0,28	0,07	1,60	0,333	0,396	0,03	-16,6	-17,7	-0,037	-3,54	7,31	-2,15
NAP22	-0,51	-0,36	-0,57	-1,77	1,353	1,162	0,02	12,9	10,9	0,015	-2,05	-3,78	0,66
NAP25	0,63	0,43	-0,16	-1,90	-0,248	-0,201	0,06	11,5	7,9	0,006	2,37	0,45	-1,83
NAP43	-0,08	-0,28	0,08	2,37	-0,040	-0,050	0,05	-16,0	-15,1	-0,026	3,17	-4,46	-1,99
NAP44	-0,09	-0,19	-0,06	-0,78	0,389	0,328	0,09	-8,8	1,3	0,030	2,41	-3,81	0,59
NAP96	0,44	0,22	-0,04	-1,69	0,004	0,018	-0,04	22,9	21,8	0,036	-3,69	-2,58	1,44
NAP51	0,07	-0,09	-0,32	0,74	-0,177	-0,105	0,00	-3,2	2,3	0,019	-4,03	-2,49	-1,29
NAP52	-0,53	-0,18	-0,29	0,44	0,103	0,038	0,04	-4,7	-5,9	-0,013	-1,24	-2,09	-1,16
NAP55	-0,07	0,09	0,09	-1,85	-0,471	-0,452	0,02	-26,6	-18,4	-0,014	-2,25	-3,97	-1,57
NAP57	-0,24	-0,18	-0,43	-1,52	-0,121	-0,136	0,00	-2,4	-7,4	-0,026	1,54	-3,42	0,55
NAP73	-0,07	-0,11	0,63	0,49	-0,353	-0,320	-0,01	-10,3	-9,4	-0,016	-4,44	4,08	0,78
NAP74	0,28	0,34	0,10	-0,78	-0,412	-0,322	0,01	4,1	6,4	0,018	5,15	2,72	-0,40
NAP76	0,19	0,09	0,53	-1,21	-0,133	-0,099	0,02	-3,6	-4,1	-0,008	4,71	-0,87	-2,78
NAP77	-0,26	-0,26	0,35	-0,53	-0,116	-0,097	-0,05	-8,7	-7,8	-0,013	-4,48	1,52	-1,44
NAP78	-0,07	-0,19	-0,25	1,91	-0,789	-0,763	-0,10	-11,6	-12,1	-0,023	-0,61	3,84	1,54
NAP79	-0,07	0,25	0,48	1,08	0,348	0,335	-0,02	4,5	8,1	0,025	3,50	-1,24	0,39
NAP87	0,88	0,07	-0,23	3,23	-0,152	-0,229	-0,09	14,9	9,8	0,005	5,70	1,58	2,38
NAP88	0,18	0,58	-0,77	0,60	-0,023	-0,129	0,06	22,0	28,0	0,061	-1,62	5,61	1,11
NAP93	-0,15	-0,08	-0,06	0,99	-0,130	-0,150	0,00	6,5	3,5	-0,002	-3,50	-0,11	0,83
NAP94	-0,16	0,43	0,71	-0,03	-0,173	-0,114	0,02	-0,4	2,4	0,012	4,42	-2,43	0,91
NAP108	-0,33	-0,37	-0,16	-2,14	-0,322	-0,268	-0,03	-6,9	-11,5	-0,033	-3,84	-1,89	-1,65
NAP116	-0,24	-0,27	-0,04	-3,11	-0,240	-0,176	0,00	-13,9	-11,8	-0,018	-5,56	-6,00	0,11
NAP134	0,10	0,40	-0,32	-0,67	0,155	0,163	-0,02	20,1	21,3	0,040	0,09	1,69	0,83
NAP21	0,17	0,24	0,08	0,09	0,107	0,080	0,01	-6,8	-5,6	-0,007	-0,87	-5,86	0,51
NAP48	-0,50	0,17	0,12	0,26	-0,376	-0,277	-0,05	10,7	6,2	0,001	9,11	2,32	1,72
NAP49	0,52	-0,36	-0,17	-0,36	-0,142	-0,006	0,05	-21,3	-12,2	0,002	4,08	2,96	-2,07
NAP66	-0,46	-0,27	0,32	-1,93	0,474	0,388	0,02	5,2	6,4	0,015	-3,57	5,53	0,82
NAP128	0,43	0,51	0,11	3,01	0,077	0,079	0,02	2,3	4,8	0,016	-2,98	5,21	-0,66
NAP47	0,37	0,06	0,21	3,65	-0,105	-0,164	-0,01	4,5	0,3	-0,009	-0,52	1,74	-0,30
NAP97	-0,37	-0,02	0,29	-0,09	0,488	0,429	-0,05	5,2	3,5	0,003	1,82	-2,33	0,43
NAP105	-0,07	-0,01	-0,01	1,55	0,013	0,024	0,01	-8,5	-14,8	-0,044	2,09	1,81	-0,62
NAP114	0,43	0,06	-0,65	-1,23	0,764	0,731	0,02	4,9	3,0	0,002	-2,83	-1,34	1,44

Tabela 92. Estimativas da capacidade geral de combinação (g_i) para resistência a *P. maydis* (PHAE), *E. turcicum* (ET), complexo enfezamento (CSTUN), peso de espiga sem correção (PE, em t/ha), das populações NAP avaliadas através de cruzamentos top-crosses em Rio Verde (GO). 1996/1997.

População	Estimativas da capacidade geral de combinação (g_i)			
	PHAE	CSTUN	ET	PE
NAP04	-0,26	-0,007	-0,06	-0,198
NAP05	0,17	-0,010	0,12	0,303
NAP07	0,60	-0,007	-0,05	-0,397
NAP14	-0,78	-0,007	-0,05	-0,054
NAP22	-0,43	-0,007	-0,05	1,638
NAP25	-0,12	-0,007	-0,05	0,003
NAP43	0,06	-0,007	-0,05	0,502
NAP44	-0,18	0,169	0,12	0,301
NAP96	-0,17	-0,007	0,01	0,206
NAP51	-0,44	-0,007	-0,06	-0,229
NAP52	0,59	-0,010	-0,05	0,359
NAP55	-0,02	-0,007	-0,05	-0,932
NAP57	-0,21	-0,010	-0,06	-0,389
NAP73	0,40	0,081	-0,06	-0,424
NAP74	0,07	-0,007	-0,05	-0,720
NAP76	0,41	-0,007	-0,05	-1,143
NAP77	0,74	-0,007	-0,05	-0,505
NAP78	0,25	-0,007	-0,07	0,208
NAP79	0,25	-0,007	-0,05	-0,202
NAP87	-0,36	-0,007	-0,06	-0,073
NAP88	-0,27	-0,007	0,21	-0,515
NAP93	0,16	-0,007	0,12	-0,451
NAP94	0,06	-0,007	0,03	-0,335
NAP108	-0,07	-0,010	-0,07	0,523
NAP116	-0,09	-0,007	0,03	0,037
NAP134	-0,44	-0,007	-0,06	0,264
NAP21	-0,02	-0,007	-0,05	0,290
NAP48	-0,18	-0,007	-0,06	-0,052
NAP49	0,14	-0,007	-0,05	0,451
NAP66	-0,18	-0,007	0,29	0,141
NAP128	0,06	-0,007	0,12	-0,003
NAP47	0,16	-0,007	-0,05	0,387
NAP97	-0,18	-0,007	-0,06	0,115
NAP105	-0,11	-0,007	-0,05	0,647
NAP114	0,35	-0,007	0,38	0,246

Tabela 93. Médias individuais e geral dos compostos de diferentes tamanhos (k), estimadas para resistência à *P. polysora* (POLY), *P. zea* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC) e porcentagem de quebramento (%QUE), a partir das médias individuais das cinco populações NAP selecionadas e seus cruzamentos dialélicos e recíprocos avaliados em Ribeirão Preto (SP). 1996/1997.

Composto	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	PGC	NE/P	AP	AE	PRE	%AC	%QUE
(k=2)												
C _D 12	2,7	5,1	5,1	3,3	7,17	5,83	1,04	227	129	0,57	10,6	9,5
C _D 13	2,8	4,7	5,3	8,8	6,53	5,37	1,03	215	124	0,58	11,3	11,0
C _D 14	2,9	5,2	4,5	5,1	7,29	5,99	1,04	230	128	0,56	6,3	7,6
C _D 15	3,2	5,4	4,9	2,9	7,23	5,87	1,03	234	139	0,59	7,8	11,8
C _D 23	2,8	4,4	4,9	9,6	6,66	5,49	0,95	212	119	0,56	7,7	10,3
C _D 24	2,9	5,0	4,4	5,7	6,84	5,61	0,95	230	127	0,55	4,2	9,3
C _D 25	2,8	5,0	4,5	3,6	7,32	5,99	0,94	241	139	0,58	5,2	8,2
C _D 34	2,9	4,4	4,7	8,9	6,59	5,49	0,97	211	118	0,56	4,0	10,9
C _D 35	2,8	4,4	4,9	7,7	6,82	5,60	0,99	225	133	0,59	4,5	9,8
C _D 45	2,7	5,1	4,1	6,1	6,79	5,59	0,95	226	129	0,57	5,8	8,3
Média	2,9	4,9	4,7	6,2	6,92	5,68	0,99	225	129	0,57	6,7	9,7
(k=3)												
C _D 123	2,7	4,7	5,0	6,9	6,93	5,70	1,01	220	126	0,57	9,3	10,1
C _D 124	2,8	5,0	4,7	4,8	7,21	5,90	1,01	230	128	0,56	6,2	8,4
C _D 125	2,9	5,1	4,8	3,3	7,31	5,95	1,01	234	136	0,58	7,2	9,3
C _D 134	2,8	4,7	4,8	6,9	7,00	5,79	1,01	221	125	0,57	7,0	10,0
C _D 135	2,9	4,8	4,9	5,8	6,98	5,72	1,02	226	134	0,59	7,8	10,9
C _D 145	2,9	5,2	4,5	4,6	7,16	5,87	1,01	229	131	0,57	6,8	9,0
C _D 234	2,9	4,4	4,6	7,3	6,82	5,64	0,95	218	123	0,56	5,2	10,6
C _D 235	2,8	4,6	4,7	6,2	7,09	5,83	0,97	228	133	0,58	5,5	9,4
C _D 245	2,8	5,0	4,4	5,0	7,02	5,76	0,95	231	131	0,57	5,1	8,5
C _D 345	2,8	4,6	4,5	6,5	6,87	5,68	0,97	221	127	0,58	5,4	10,1
Média	2,8	4,8	4,7	5,7	7,04	5,78	0,99	226	129	0,57	6,6	9,6
(k=4)												
C _D 1234	2,8	4,7	4,8	6,2	7,08	5,84	1,00	223	126	0,57	6,6	9,8
C _D 1235	2,8	4,8	4,9	5,4	7,14	5,86	1,00	228	133	0,58	7,3	9,8
C _D 1245	2,9	5,1	4,6	4,4	7,21	5,90	1,00	231	132	0,57	6,1	8,7
C _D 1345	2,9	4,8	4,7	5,6	7,07	5,82	1,00	224	130	0,58	6,8	10,0
C _D 2345	2,8	4,7	4,6	5,9	7,03	5,79	0,97	225	129	0,57	5,2	9,8
Média	2,8	4,8	4,7	5,5	7,11	5,84	0,99	226	130	0,57	6,4	9,6
(k=5)												
C _D 12345	2,8	4,8	4,7	5,4	7,14	5,87	0,99	226	130	0,58	6,3	9,6

Nota: os números 1, 2, 3, 4 e 5 correspondem as populações NAP21, NAP48, NAP49, NAP97 e NAP114, respectivamente.

Tabela 94. Médias individuais e geral de compostos de diferentes tamanhos (k), estimadas para resistência à *P. maydis* (PHAE), *E. turcicum* (ET), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+%QUE), a partir das médias individuais das cinco populações NAP selecionadas e seus cruzamentos dialélicos e recíprocos avaliados em Rio Verde (GO). 1996/1997.

Composto	PHAE	HT	PEC	AP	AE	PRE	%AC+QUE
(k=2)							
C _D 12	2,8	2,0	6,88	192	98	0,51	0,7
C _D 13	3,0	2,0	6,51	175	90	0,52	0,4
C _D 14	2,8	2,0	6,81	189	96	0,51	1,3
C _D 15	2,9	2,0	6,60	194	102	0,53	0,9
C _D 23	2,9	2,0	6,70	177	90	0,51	0,9
C _D 24	2,8	2,0	6,90	192	97	0,51	2,3
C _D 25	2,9	2,0	6,80	197	102	0,52	1,6
C _D 34	2,7	2,0	6,80	171	86	0,50	2,2
C _D 35	2,9	2,0	6,59	179	94	0,52	1,4
C _D 45	2,7	2,0	6,64	194	101	0,52	2,5
Média	2,8	2,0	6,72	186	96	0,52	1,4
(k=3)							
C _D 123	2,9	2,0	6,83	182	93	0,51	0,7
C _D 124	2,7	2,0	6,91	191	97	0,51	1,4
C _D 125	2,8	2,0	6,86	194	101	0,52	1,2
C _D 134	2,8	2,0	6,86	179	91	0,51	1,3
C _D 135	2,9	2,0	6,76	183	96	0,52	1,0
C _D 145	2,8	2,0	6,77	192	100	0,52	1,6
C _D 234	2,8	2,0	6,92	178	90	0,50	1,7
C _D 235	2,9	2,0	6,86	185	96	0,52	1,4
C _D 245	2,8	2,0	6,83	195	100	0,51	2,2
C _D 345	2,7	2,0	6,84	182	94	0,52	2,1
Média	2,8	2,0	6,84	186	96	0,51	1,5
(k=4)							
C _D 1234	2,8	2,0	6,94	183	93	0,51	1,3
C _D 1235	2,9	2,0	6,90	186	97	0,52	1,1
C _D 1245	2,8	2,0	6,88	193	100	0,52	1,6
C _D 1345	2,8	2,0	6,88	184	96	0,52	1,5
C _D 2345	2,8	2,0	6,92	186	95	0,51	2,0
Média	2,8	2,0	6,90	186	96	0,52	1,5
(k=5)							
C _D 12345	2,8	2,0	6,94	187	96,2	0,51	1,5

Nota: os números 1,2 3, 4 e 5 correspondem as populações NAP21, NAP48, NAP49, NAP97 e NAP114, respectivamente.

Tabela 95. Médias individuais e geral de compostos de diferentes tamanhos (k), estimadas para resistência à *P. polysora* (POLY), *P. zeae* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), posição relativa da espiga na planta (PRE), porcentagem de acamamento (%AC) e porcentagem de quebramento (%QUE), a partir das médias individuais dos cruzamentos top-crosses (TOP) e das populações (NAP) selecionadas, média geral de todos os 35 cruzamentos top-crosses (TOP_{média}) e das 35 populações (NAP_{média}) avaliadas em Ribeirão Preto (SP). 1996/1997.

Composto	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	PGC	NE/P	AP	AE	PRE	%AC	%QUE
(k=2)												
C _T 12	2,1	4,2	4,7	3,3	8,04	6,62	1,05	244	145	0,60	4,2	7,2
C _T 13	2,5	4,4	5,1	3,2	7,30	5,97	1,05	229	136	0,60	6,4	8,8
C _T 14	2,4	4,6	5,3	3,3	7,43	6,10	0,95	239	141	0,59	7,4	7,6
C _T 15	2,8	4,6	4,6	3,6	7,54	6,23	0,99	241	140	0,58	4,7	9,0
C _T 23	2,5	4,5	4,1	3,3	7,92	6,52	1,12	229	139	0,61	3,0	3,8
C _T 24	2,5	4,6	4,3	3,4	8,06	6,65	1,03	239	144	0,60	4,0	2,7
C _T 25	2,9	4,7	3,6	3,7	8,16	6,78	1,06	240	143	0,59	1,3	4,0
C _T 34	2,9	4,8	4,7	3,3	7,32	6,00	1,02	224	135	0,60	6,2	4,2
C _T 35	3,2	4,9	4,0	3,6	7,42	6,13	1,06	225	134	0,60	3,5	5,6
C _T 45	3,2	5,0	4,2	3,7	7,55	6,25	0,97	235	139	0,59	4,5	4,5
Média	2,7	4,6	4,5	3,5	7,67	6,33	1,03	235	140	0,60	4,5	5,7
(k=3)												
C _T 123	2,3	4,3	4,7	2,5	8,01	6,59	1,07	236	142	0,60	5,4	5,9
C _T 124	2,2	4,4	4,8	2,7	8,09	6,66	1,00	243	145	0,60	5,7	5,7
C _T 125	2,6	4,4	4,3	2,6	8,19	6,79	1,03	244	144	0,59	3,5	6,6
C _T 134	2,4	4,5	5,1	2,9	7,55	6,19	1,01	232	139	0,60	7,7	6,4
C _T 135	2,8	4,5	4,6	2,8	7,65	6,32	1,04	232	138	0,60	5,5	7,3
C _T 145	2,7	4,6	4,8	3,0	7,73	6,40	0,97	240	141	0,59	5,8	7,1
C _T 234	2,5	4,6	4,4	3,0	8,00	6,59	1,04	232	140	0,61	5,2	2,7
C _T 235	2,8	4,6	3,9	2,9	8,11	6,71	1,08	233	140	0,60	2,9	3,6
C _T 245	2,8	4,7	4,0	3,1	8,19	6,79	1,00	240	143	0,59	3,3	3,4
C _T 345	3,0	4,8	4,3	3,3	7,65	6,32	1,01	229	137	0,60	5,2	4,1
Média	2,6	4,5	4,5	2,9	7,92	6,54	1,03	236	141	0,60	5,0	5,3
(k=4)												
C _T 1234	2,3	4,4	4,8	2,5	8,03	6,61	1,03	237	143	0,60	6,4	5,0
C _T 1235	2,6	4,4	4,4	2,3	8,12	6,72	1,06	237	142	0,60	4,6	5,6
C _T 1245	2,5	4,5	4,5	2,5	8,18	6,77	1,00	243	144	0,59	4,7	5,6
C _T 1345	2,7	4,6	4,7	2,7	7,75	6,40	1,01	234	139	0,60	6,4	6,0
C _T 2345	2,7	4,6	4,1	2,9	8,11	6,71	1,03	234	141	0,60	4,3	3,1
Média	2,6	4,5	4,5	2,6	8,04	6,64	1,03	237	142	0,60	5,3	5,1
(k=5)												
C _T 12345	2,5	4,5	4,5	2,4	8,11	6,71	1,02	237	142	0,60	5,4	4,9

Nota: os números 1, 2, 3, 4 e 5 correspondem as populações NAP07, NAP22, NAP44, NAP97 e NAP114, respectivamente.

Tabela 96. Médias individuais e geral de compostos de diferentes tamanhos (k), estimadas para resistência à *P. maydis* (PHAE), *E. turcicum* (ET) e peso de espiga sem correção (PE, em t/ha), a partir das médias individuais dos cruzamentos top-crosses (TOP) e das populações (NAP) selecionadas, média geral de todos os 35 cruzamentos top-crosses (TOP_{média}) e das 35 populações (NAP_{média}) avaliadas em Rio Verde (GO). 1996/1997.

Composto	PHAE	HT	PE
(k=2)			
C _T 12	3,2	2,0	7,36
C _T 13	3,4	2,1	6,35
C _T 14	3,4	2,0	6,28
C _T 15	3,7	2,2	6,49
C _T 23	2,7	2,1	7,81
C _T 24	2,7	2,0	7,74
C _T 25	2,9	2,2	7,95
C _T 34	2,9	2,1	6,72
C _T 35	3,2	2,3	6,94
C _T 45	3,2	2,3	6,87
Média	3,1	2,1	7,05
(k=3)			
C _T 123	3,1	2,0	7,38
C _T 124	3,1	2,0	7,30
C _T 125	3,3	2,2	7,43
C _T 134	3,3	2,1	6,56
C _T 135	3,5	2,3	6,68
C _T 145	3,5	2,2	6,61
C _T 234	2,7	2,1	7,66
C _T 235	2,9	2,3	7,78
C _T 245	2,9	2,2	7,71
C _T 345	3,1	2,3	6,96
Média	3,1	2,2	7,21
(k=4)			
C _T 1234	3,1	2,0	7,31
C _T 1235	3,3	2,2	7,40
C _T 1245	3,3	2,1	7,34
C _T 1345	3,4	2,2	6,75
C _T 2345	2,9	2,2	7,62
Média	3,2	2,1	7,28
(k=5)			
C _T 12345	3,2	2,2	7,33

Nota: os números 1,2 3, 4 e 5 correspondem as populações NAP07, NAP22, NAP44, NAP97 e NAP114, respectivamente.

APÊNDICE

Tabela A. Médias quinzenais de temperaturas máximas e mínimas e total quinzenal de precipitação em Ribeirão Preto (SP) no período de condução dos experimentos.

Período	Temperatura (°C)		Precipitação (mm)
	Máxima	Mínima	
01 a 15/12/1996	29,3	19,0	76,5
16 a 31/12/1996	30,1	19,2	132,8
01 a 15/01/1997	29,7	19,4	169,4
16 a 31/01/1997	28,7	20,0	155,6
01 a 15/02/1997	29,9	19,0	70,9
16 a 28/02/1997	30,9	19,6	28,9
01 a 15/03/1997	30,1	18,5	68,0
16 a 31/03/1997	28,6	17,8	17,5
01 a 15/04/1997	28,8	15,7	22,2
16 a 30/04/1997	28,1	15,8	23,2
01 a 15/05/1997	27,4	15,0	7,4

Plantio: 16 a 17/12/96;

Florescimento: 17 a 28/02/1997;

Avaliação da resistência a doenças: 24 a 28/03/1997

Colheita: 13 a 16/05/1997.

Tabela B. Médias individuais das cinco populações NAP selecionadas e seus cruzamentos dialélicos e recíprocos para avaliações de resistência à *P. polysora* (POLY), *P. zeae* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), posição relativa da espiga na planta (PREP), porcentagem de acamamento (%AC) e porcentagem de quebramento (%QUE) em Ribeirão Preto (SP). 1996/1997.

NAP	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	PGC	NE/P	AP	AE	PREP	%AC	%QUE
21	3,0	5,7	5,6	1,77	6,96	5,64	1,12	222	128	0,57	15,90	13,58
48	2,7	4,8	4,6	3,21	6,83	5,59	0,92	230	126	0,55	12,15	10,08
49	2,8	3,9	5,7	19,37	5,21	4,26	0,96	187	100	0,53	6,35	8,98
97	2,6	5,2	3,8	8,46	6,49	5,40	0,96	227	126	0,55	1,08	5,88
114	2,8	5,1	4,3	4,48	7,28	5,96	0,94	252	147	0,58	1,64	10,27
21x48	2,6	5,0	5,9	5,38	7,52	6,13	1,04	233	139	0,60	1,86	9,61
48x21	2,3	4,9	4,4	2,89	7,36	5,98	1,09	226	122	0,54	12,34	4,59
21x49	2,7	4,4	4,8	3,43	7,46	6,24	1,04	222	136	0,61	14,68	14,14
49x21	2,5	4,8	5,0	10,72	6,48	5,33	0,99	229	134	0,58	8,12	7,28
21x97	2,8	4,8	4,2	5,46	7,80	6,46	1,04	234	128	0,55	5,31	2,03
97x21	3,0	5,0	4,4	4,59	7,92	6,47	1,03	236	132	0,56	3,08	8,99
21x114	3,2	5,6	4,5	2,91	7,09	5,82	0,97	235	144	0,61	3,70	14,02
114x21	3,6	5,0	5,1	2,48	7,57	6,08	1,09	228	137	0,60	9,88	9,34
48x49	2,4	4,6	4,5	7,98	7,70	6,38	1,03	214	123	0,57	8,60	8,08
49x48	3,1	4,2	4,6	7,63	6,89	5,72	0,91	219	129	0,59	3,58	14,07
48x97	3,1	4,6	4,5	3,36	6,69	5,38	0,91	235	129	0,55	3,13	5,68
97x48	3,0	5,3	4,7	7,60	7,35	6,08	1,01	229	127	0,55	0,56	15,34
48x114	2,9	5,0	4,3	4,45	7,51	6,09	0,94	236	133	0,56	6,67	5,30
114x48	2,8	5,2	4,9	2,16	7,66	6,30	0,95	249	152	0,61	0,50	7,21
49x97	2,8	4,4	4,4	4,84	7,11	5,96	1,00	212	116	0,55	4,23	12,91
97x49	3,3	4,1	5,0	3,10	7,56	6,34	0,95	219	130	0,59	4,41	15,86
49x114	2,8	4,4	4,4	1,08	7,15	5,86	0,98	231	149	0,65	6,94	14,35
114x49	2,6	4,1	5,0	5,83	7,62	6,32	1,08	233	139	0,60	3,20	5,78
97x114	2,5	5,2	4,4	8,67	6,41	5,27	0,97	195	107	0,55	14,47	10,20
114x97	2,7	4,9	3,9	2,74	6,95	5,73	0,94	231	136	0,59	6,00	6,83

Tabela C. Médias individuais das cinco populações NAP selecionadas e seus cruzamentos dialélicos e recíprocos para avaliações de resistência à *P. maydis* (PHAE), *E. turcicum* (ET), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), posição relativa da espiga na planta (PREP), porcentagem de acamamento e quebramento (%AC+QUE) em Rio Verde (GO). 1996/1997.

NAP	PHAE	HT	PEC	AP	AE	PREP	%AC+QUE
21	3,2	2,0	6,31	190	97	0,51	0,00
48	2,8	2,0	6,99	196	100	0,51	0,86
49	2,9	2,0	5,57	152	77	0,51	0,46
97	2,8	2,0	6,86	187	96	0,51	3,48
114	2,7	2,0	6,09	199	104	0,52	1,25
21x48	2,8	2,0	7,22	191	97	0,51	1,76
48x21	2,4	2,0	6,98	190	97	0,51	0,00
21x49	3,3	2,0	7,17	181	96	0,53	0,41
49x21	2,8	2,1	7,00	178	92	0,52	0,88
21x97	2,7	2,1	6,80	189	95	0,50	0,41
97x21	2,7	2,0	7,27	190	98	0,51	1,36
21x114	2,7	2,1	6,44	188	99	0,52	1,78
114x21	3,2	2,1	7,56	200	109	0,55	0,44
48x49	3,0	1,9	7,03	185	94	0,51	1,75
49x48	2,8	2,2	7,22	175	89	0,51	0,44
48x97	2,8	2,0	6,61	189	95	0,50	2,50
97x48	2,7	2,0	7,16	196	100	0,51	2,17
48x114	2,9	2,0	6,96	194	98	0,51	0,87
114x48	3,0	2,0	7,16	201	106	0,53	3,48
49x97	2,7	2,0	6,94	170	83	0,48	3,67
97x49	2,5	2,0	7,82	174	88	0,51	1,28
49x114	3,0	2,0	6,97	180	97	0,54	1,38
114x49	2,8	2,0	7,74	184	96	0,52	2,39
97x114	2,8	2,0	6,67	192	99	0,51	3,49
114x97	2,6	2,0	6,94	197	105	0,53	1,72

Tabela D. Médias individuais dos cruzamentos “top-crosses” (TOP) e das populações (NAP) selecionadas, média geral de todos os 35 cruzamentos “top-crosses” (TOP_{média}) e das 35 populações (NAP_{média}), para avaliações de resistência à *P. polysora* (POLY), *P. zeae* (PHYS), *P. maydis* (PHAE), porcentagem de espigas doentes (%ED), peso de espiga corrigido (PEC, em t/ha), peso de grãos corrigido (PGC, em t/ha), número de espigas por planta (NE/P), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), posição relativa da espiga na planta (PREP), porcentagem de acamamento (%AC) e porcentagem de quebramento (%QUE) em Ribeirão Preto (SP). 1996/1997.

TRAT	POLY	PHYS	PHAE	%ED	PEC	PGC	NE/P	AP	AE	PREP	%AC	%QUE
TOP07	2,3	4,3	5,4	2,18	7,50	6,15	1,00	240	141	0,59	7,70	10,61
TOP22	2,3	4,4	4,1	2,56	8,27	6,82	1,01	242	144	0,59	3,15	4,00
TOP44	2,8	4,6	4,6	3,43	7,34	6,01	1,07	221	134	0,61	7,36	4,15
TOP97	2,5	4,8	4,9	4,05	7,44	6,11	0,93	234	137	0,58	6,96	5,33
TOP114	3,3	4,8	4,0	3,07	7,70	6,39	1,00	234	136	0,58	2,53	6,37
NAP07	2,3	4,6	5,1	6,52	6,73	5,48	0,94	237	137	0,58	4,59	10,61
NAP22	2,7	4,6	3,8	6,33	7,63	6,30	1,23	233	140	0,60	0,44	4,32
NAP44	3,1	5,0	4,6	3,79	6,62	5,39	1,06	216	124	0,58	0,43	10,62
NAP97	3,6	5,3	4,5	2,80	6,94	5,67	0,98	228	139	0,61	5,62	3,09
NAP114	3,5	5,3	3,7	6,30	6,81	5,62	0,99	235	137	0,58	4,04	6,78
TOP _{média}	2,83	4,76	4,65	4,23	6,955	5,685	0,98	229	133	0,58	5,21	7,61
NAP _{média}	2,92	4,87	4,73	6,37	6,114	4,935	0,98	223	129	0,58	4,81	6,13

Tabela E. Médias individuais dos cruzamentos “top-crosses” (TOP) e das populações (NAP) selecionadas, média geral de todos os 35 cruzamentos “top-crosses” (TOP_{média}) e das 35 populações (NAP_{média}) para avaliações de resistência à *P. maydis* (PHAE), *E. turcicum* (ET) e peso de espiga sem correção (PE, em t/ha) em Rio Verde (GO). 1996/1997.

TRAT	PHAE	HT	PE
TOP07	3,8	2,0	6,36
TOP22	2,8	2,0	8,32
TOP44	3,0	2,2	7,02
TOP97	3,0	2,0	6,85
TOP114	3,5	2,4	6,99
NAP07	3,5	2,0	5,85
NAP22	2,6	2,0	7,61
NAP44	3,0	2,0	6,24
NAP97	3,0	2,2	6,32
NAP114	2,9	2,2	6,92
TOP _{média}	3,33	2,10	5,910
NAP _{média}	3,18	2,05	6,731