

PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DA RESISTÊNCIA A
***Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs EM POPULAÇÕES DE MILHO**

TEODORO PATRICIO NARRO LEÓN
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

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

P I R A C I C A B A
Estado de São Paulo - Brasil
Janeiro - 1996

**PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DA RESISTÊNCIA A
Exserohilum turcicum (Pass.) Leonard & Suggs EM POPULAÇÕES DE MILHO**

TEODORO PATRICIO NARRO LEÓN

Aprovada em: 08.04.1996

Comissão julgadora:

Prof. Dr. Roland Vencovsky	ESALQ/USP
Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho	ESALQ/USP
Prof. Dr. Eric Balmer	ESALQ/USP
Dr. Manoel Xavier Dos Santos	EMBRAPA/CNPMS
Dra. Marlene Lima	IAC/Campinas



Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO
Orientador

A minha esposa Talia
e a meu filho Henry

OFEREÇO

A meus pais
Aurelio e Elcira
e aos meus irmãos

DEDICO

AGRADECIMENTOS

O autor expressa seus agradecimentos às seguintes pessoas, Instituições e Empresas:

Ao Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho pela orientação e apoio durante a realização deste trabalho;

Ao Prof. Dr. Roland Vencovsky pelo valioso apoio e ensinamentos recebidos;

Ao Prof. Dr. Eric Balmer, pela colaboração na realização deste trabalho;

Ao amigo Dr. Luciano Nass pelo apoio e auxílio na elaboração deste trabalho;

Aos docentes do Departamento de Genética da ESALQ/USP pelos ensinamentos e aos seus funcionários pela presteza e colaboração;

À Empresa FT-Pesquisa e Sementes e a seus funcionários pelo apoio na condução dos experimentos em Ponta Grossa-PR;

Ao Sr. Ciro Branco de Miranda pelo apoio na condução dos experimentos em Rio Verde-GO;

Aos funcionários Antônio Miotto, Marcos Cella, Benedito Edson Soares e Valdomiro Marsolla pelo apoio na condução dos experimentos;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelas bolsas concedidas;

Ao Centro de Informática na Agricultura da Universidade de São Paulo (CIAGRI), Campus de Piracicaba pelo apoio nas análises estatísticas;

A todos aqueles que de alguma forma colaboraram com a realização deste trabalho.

ÍNDICE

	Página
RESUMO	vii
SUMMARY	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Aspectos gerais sobre o fungo <i>Exserohilum turcicum</i>	3
2.2. Importância econômica	4
2.3. Formas de controle genético do fungo <i>Exserohilum turcicum</i>	5
2.3.1. Resistência qualitativa	5
2.3.1.1. Natureza da resistência	10
2.3.1.2. Raças fisiológicas	11
2.3.2. Resistência quantitativa	12
2.3.2.1. Número de genes controlando a resistência	17
2.3.2.2. Natureza da resistência	18
2.4. Ação gênica da resistência	18
2.5. Herdabilidade	20
2.6. Correlações fenotípicas	21
2.7. Correlações genéticas	22
2.8. Respostas correlacionadas e progresso genético	23
2.9. Seleção divergente	24
2.10. Germoplasma de milho com resistência às doenças	25
3. MATERIAL E METODOS	30
3.1. Material	30

3.1.1. Caracterização do material em estudo	30
3.1.2. Caracterização dos locais experimentais	34
3.1.3. Obtenção do inóculo	35
3.2. Métodos	36
3.2.1. Execução experimental	36
3.2.2. Inoculação do fungo <i>Exserohilum turcicum</i>	37
3.2.3. Avaliação de doenças e caracteres agronômicos	38
3.2.4. Correções e transformações de dados	41
3.2.5. Análise da variância	42
3.2.5.1. Análise da variância individual por local	42
3.2.5.2. Análise da variância agrupada por local	43
3.2.5.3. Análise da variância conjunta reunindo locais	44
3.2.5.4. Análise da variância de um ciclo de seleção divergente	47
3.2.6. Análise da covariância	48
3.2.6.1. Análise da covariância individual por local	48
3.2.6.2. Análise da covariância agrupada por local	49
3.2.6.3. Análise da covariância conjunta reunindo locais	50
3.2.7. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos	51
3.2.7.1. Estimação de variâncias genéticas e parâmetros relacionados	51
a. Estimação de variâncias genéticas e parâmetros relacionados para um local	51
b. Estimação de variâncias genéticas e parâmetros relacionados para dois locais	52
3.2.7.2. Estimação de covariâncias, correlações e respostas correlacionadas	54
a. Estimação de covariâncias, correlações e respostas	

correlacionadas para um local	54
b. Estimação de covariâncias, correlações e respostas	
correlacionadas para dois locais	55
3.2.7.3. Progresso genético na seleção	56
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	57
4.1. Análise da variância	57
4.2. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos	61
4.2.1. Variância genética e fenotípica	61
4.2.2. Herdabilidade	63
4.2.3. Correlações genéticas e fenotípicas	65
4.2.4. Progresso na seleção	66
4.2.5. Respostas correlacionadas	67
4.3. Seleção divergente para a mancha da folha por <i>Exserohilum turcicum</i> .	68
4.3.1. Efeito direto da seleção divergente para <i>E. turcicum</i> e indireto por	
outras doenças	68
4.3.2. Produtividade de grãos e seus componentes	71
4.3.3. Caracteres agronômicos	73
5. CONCLUSÕES	76
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	78
TABELAS	94
FIGURAS	142

**PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DA RESISTÊNCIA A
Exserohilum turcicum (Pass.) Leonard & Suggs EM POPULAÇÕES DE MILHO**

Autor : TEODORO PATRICIO NARRO LEÓN

Orientador : Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

RESUMO

Com a finalidade de conhecer a variabilidade genética da resistência à mancha da folha causada pelo fungo *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs, foram estimados parâmetros genéticos e fenotípicos em quatro populações de milho (CEX). Além disso foram avaliadas as respostas direta e indireta de um ciclo de seleção divergente para diferentes níveis de resistência a esta doença.

As estimativas de parâmetros genéticos foram baseadas nos dados da porcentagem de doença, em progênies de meios irmãos, avaliadas nos locais de Ponta Grossa-PR (Local 1) e Rio Verde-GO (Local 2); a avaliação do ciclo de seleção divergente foi feita em Piracicaba - SP. As progênies foram avaliadas em delineamento de blocos casualizados e o ciclo de seleção divergente em blocos casualizados com parcelas subdivididas. Neste experimento também foram avaliados sintomas do vírus do mosqueado clorótico do milho (MCMV), do vírus da risca (MRFV), do enfezamento (Corn Stunt) e *Puccinia polysora* Underw. Em todos os experimentos foi considerada a produtividade, altura da planta e espiga, florescimento, umidade de grão e acamamento.

Foram detectadas diferenças entre progênies, evidenciando a possibilidade de sucesso da seleção para resistência a *E. turcicum*. As estimativas da variância genética aditiva foram de maior magnitude nas populações exóticas (CEX-3 e CEX-4), indicando que os cruzamentos com ESALQ-PB1 para gerar CEX-1 e CEX-2, causaram alterações nas frequências gênicas diminuindo a variabilidade genética.

Os coeficientes de herdabilidade da resistência a *E. turcicum* estimados em locais individuais foram altos no Local 2. Para os dois locais, essas estimativas, com base na média de progênies, foram de 62,4%, 58,8%, 54,2% e 50,2% para CEX-1, CEX-3, CEX-4 e CEX-2, respectivamente. As correlações aditivas e fenotípicas entre a porcentagem de doença por *E. turcicum* e a produtividade foram geralmente negativas. Nas correlações aditivas nos locais individuais foram detectadas diferenças entre populações e entre locais. Essas correlações em dois locais foram -0,35, -0,22, -0,21 e -0,09, para CEX-4, CEX-1, CEX-3 e CEX-2, respectivamente. Selecionando-se para resistência as respostas correlacionadas na PG foram, em geral positivas. As estimativas expressas em porcentagem foram de 3,43%, 1,88%, 1,83% e 0,60%, para CEX-4, CEX-1, CEX-3 e CEX-2, nos dois locais, respectivamente. Tais resultados mostram que, mesmo tratando-se de valores de baixa magnitude, a seleção para resistência a *E. turcicum*, pode ser um critério importante para melhorar a produtividade de grãos do milho.

Foi detectado que a seleção divergente foi efetiva para modificar o nível de resistência a *E. turcicum* nas quatro populações. A seleção para resistência esteve associada a um aumento de resistência ao MCMV, possivelmente devido à ação de genes ligados e/ou a efeitos pleiotrópicos. Para as outras doenças, não foram obtidas respostas correlacionadas consistentes. A seleção também esteve associada com menor produtividade, devido à maior suscetibilidade a outras doenças, maior número de dias para florescimento masculino, maior umidade de grão, menor acamamento de raiz, enquanto as respostas para altura de espiga variaram em função da população. Com a seleção para suscetibilidade para *E. turcicum*, foi incrementada a resistência a *P. polysora* e ao enfezamento, diminuída a resistência ao MCMV, menor número de dias para florescimento masculino, menor altura de espiga, maior acamamento de raiz, enquanto para MRFV e umidade de grão, as respostas variaram em função da população.

**GENETIC AND PHENOTYPIC PARAMETERS OF THE RESISTANCE TO
Exserohilum turcicum (Pass.) Leonard & Suggs IN MAIZE POPULATIONS**

Author : TEODORO PATRICIO NARRO LEÓN

Adviser : Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

SUMMARY

Genetic and phenotypic parameters were estimated in four maize populations (CEX) to estimate genetic variability for resistance to leaf blight *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs. Also, direct and indirect response to one cycle of divergent selection for this disease was evaluated.

Genetic parameters were estimated based on percentage of leaf blight severity using half sib progenies evaluated at Ponta Grossa-PR (site 1) and Rio Verde-GO (site 2). Divergent selection was studied at Piracicaba-SP. Progenies were evaluated using randomized complete block design and divergent selection was evaluated on randomized complete block design with split-split plot arrangement. Other traits evaluated in Ponta Grossa and Rio Verde were yield and its components, plant and ear height, male flowering, and lodging. In addition to these traits, Maize Chlorotic Mottle Virus (MCMV), Maize Rayado Fino Virus (MRFV), Corn Stunt, and *Puccinia polysora* Underw., were evaluated at Piracicaba.

Differences for leaf blight were observed among progenies which is an evidence of selection efficiency for resistance to *E. turcicum*. Estimates of additive genetic variance were greater for CEX-3 and CEX-4 than for CEX-1 and CEX-2 which means that crossing CEX-3 and CEX-4 to ESALQ-PB1 to generate CEX-1 and CEX-2 changed genetic frequencies, decreasing genetic variability.

Heritability estimates were greater in site 2. Based on progeny means for sites, heritabilities were 62.4%, 58.8%, 54.2%, and 50.2.% for CEX-1, CEX-3, CEX-4, and CEX-2, respectively. In general, additive and phenotypic correlations between *E. turcicum* damage and yield were negative. Based on additive correlations for each site, differences among populations and between sites were detected. Based on both sites genetic correlations were -0.35, -0.22, -0.21, and -0.09 for CEX-4, CEX-1, CEX-3, and CEX-2, respectively. The reason for these small figures could be low fungus infection which did not allow full expression of genes for resistance. Based on results at both sites, correlated response to selection for *E. turcicum* resistance and yield were positive, with values of 3.43%, 1.88%, 1.83%, 0.60% for CEX-4, CEX-1, CEX-3, and CEX-2, respectively. These results show that, although for these low observed values, selection for resistance to *E. turcicum* could be an important criteria to improve maize yield.

Divergent selection was effective to modify the level of resistance of *E. turcicum* in the four populations. Selection for resistance to *E. turcicum* increased the resistance to MCMV likely due to linkage or pleiotropy. Correlated response for the other diseases was not consistent. Also, selection caused decrease in yield because of increased susceptibility for other diseases, increase in days to male flowering and grain moisture, and decrease in root lodging. Response to ear height depended on the population. Selection for increasing susceptibility to *E. turcicum* increased resistance to *P. polysora*, corn stunt, and root lodging, and decreased resistance to MCMV, days to male flowering, plant and ear height. For MRFV and grain moisture, responses depended on the population.

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é cultivado em uma ampla faixa de latitudes, altitudes e de variações de clima. Por esse motivo, a cultura está exposta a um grande número de fatores bióticos (doenças, insetos, entre outros) e abióticos (seca, temperatura, geadas, salinidade, toxidez mineral, entre outros). Cada um destes fatores afeta a produção de milho em maior ou menor grau, dependendo principalmente da região geográfica e do nível tecnológico utilizado.

A importância das doenças na cultura de milho é relativamente recente com relação às outras culturas. Trata-se de um fator dinâmico que está intimamente relacionado com o genótipo e com fatores climáticos tais como precipitação, temperatura, luz, ar e propriedades físicas e químicas do solo; mesmo assim, sua importância está sendo incrementada rapidamente nos últimos anos, constituindo-se em um fator limitante da produção deste importante cereal.

O controle das doenças do milho deve ser focalizado num sentido integral. O controle genético através de variedades resistentes é uma forma factível de ser aplicado, pelo fato de reduzir os custos de produção; além disso, é possível incorporar outros métodos de controle integrado sem causar distúrbios no ambiente.

A importância da doença conhecida como mancha da folha, produzida pelo fungo *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs, tem sido reconhecida no mundo todo. No Brasil, sua importância tem sido destacada por vários pesquisadores, constituindo-se na doença mais estudada do milho.

O germoplasma de milho apresenta ampla variabilidade genética na reação a esta doença (HOOKER, 1982); portanto o controle por meio de resistência genética apresenta um quadro muito promissor.

A resistência quantitativa ou resistência horizontal foi considerada por diversos autores como a forma mais efetiva de controle desta doença. É controlada por vários genes, sendo efetiva contra todas as raças do patógeno. Posteriormente, com o advento de outra corrente de pesquisadores motivados pelos resultados obtidos em outras culturas, a resistência qualitativa ou vertical, passou a ser por mais de 20 anos a forma mais utilizada para o controle desta doença.

O aparecimento de novas raças do fungo ao final da década de 80 e início desta década redirecionaram os planos do controle genético desta doença, focalizando o controle de todas as raças através de resistência horizontal, por tratar-se de um fungo patogenicamente variável, visando obter materiais com resistência a múltiplas doenças, além de boa produtividade e boas características agronômicas.

A importância de estimar parâmetros genéticos em caracteres quantitativos tais como a produtividade e caracteres agronômicos em milho, tem sido enfatizada por muitos pesquisadores. Para *E. turcicum*, a estimativa destes parâmetros é factível, já que a resistência quantitativa desta doença está correlacionada com caracteres fenotípicos do sintoma, que são facilmente avaliados no campo.

Os objetivos do presente trabalho foram:

- a) Estimar parâmetros genéticos e fenotípicos relacionados com a resistência a *Exserohilum turcicum*, em quatro populações de milho (CEX);
- b) Avaliar os efeitos direto e indireto sobre um ciclo de seleção divergente, da porcentagem de sintoma por *E. turcicum* nas quatro populações de milho estudadas.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Aspectos gerais sobre o fungo *Exserohilum turcicum*

O fungo *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs, é sinônimo de *Helminthosporium turcicum* (Pass.), agente causal da mancha da folha do milho; *Setosphaeria turcica* (Luttrell) Leonard & Suggs, é a fase sexuada do fungo. Os esporos do fungo apresentam coloração marrom escura, formato fusiforme, ligeiramente curvos com três a oito septos, hilo saliente; germinam frequentemente de uma ou ambas as células polares. Os conidióforos são de cor oliváceo com dois a quatro septos (SHURTLEFF, 1980; ALCORN, 1988).

E. turcicum é uma espécie que apresenta alta variabilidade patogênica (JENKINS & ROBERT, 1952), a infecção é através de superposição de ciclos (HOOKER & PERKINS, 1980); a incidência da doença é maior em condições de alta umidade e temperatura moderada, na faixa de 18° a 27°C (ULLSTRUP, 1970; DUNN & NAMM, 1970; CALUB et al., 1974a; HOOKER & PERKINS, 1980; DE LEÓN, 1984). Ambientes com baixa umidade e reduzida precipitação afetam negativamente o desenvolvimento da doença (SHURTLEFF, 1980).

A mancha da folha por *E. turcicum* é uma das mais importantes doenças do milho das áreas temperadas, subtropicais e tropicais do mundo (HUGHES & HOOKER, 1971; HOOKER, 1977; HOOKER & PERKINS, 1980; RENFRO, 1985; MIRANDA FILHO, 1985; CEBALLOS et al., 1991 e PANDEY &

GARDNER, 1992). No Brasil esta doença tem sido reportada nas regiões centro-oeste, sudeste e sul (FERNANDES & BALMER, 1990; PEREIRA, 1995).

2.2. Importância econômica

A redução na produção causada pelo fungo *E. turcicum*, basicamente depende do estágio de crescimento da planta em que ocorre a infecção e da severidade da doença (PERKINS & PEDERSEN, 1987; HOOKER & PERKINS, 1980). PEREIRA (1995) observou danos significativos na produtividade em plantios fora de época (setembro e safrinha). Perdas na produtividade superiores a 30% foram detectadas por PERKINS & HOOKER (1981) e entre 0% e 18% por PERKINS & PEDERSEN (1987). As plantas infectadas por *E. turcicum* apresentam maior predisposição às podridões de colmo e às podridões do sistema radicular (HOOKER & KIM, 1973; FAJEMISIN & HOOKER, 1974; RAYMUNDO & HOOKER, 1981).

ULLSTRUP (1970) observou que híbridos com resistência quantitativa e qualitativa a *E. turcicum* apresentaram maior produtividade que os híbridos suscetíveis; os híbridos com resistência quantitativa produziram 21,4% mais que os híbridos com resistência qualitativa e 35,4% mais que os híbridos suscetíveis.

LEATH & PEDERSEN (1986) avaliaram o comportamento da raça 2 do fungo *E. turcicum*, em quatro híbridos com diferentes níveis de resistência quantitativa, um moderadamente resistente (B73xMo17), dois moderadamente suscetíveis (Mo17xA634 e Mo17xN28), e o híbrido suscetível A632xA619, além das versões homozigóticas dominantes e as versões heterozigóticas do gene Ht, de cada um dos híbridos estudados. Os resultados mostraram que o híbrido A632HtxA619 foi mais produtivo que os híbridos A632HtxA619Ht e A632xA619; nos outros híbridos não foram detectadas diferenças significativas na produtividade. PERKINS

& PEDERSEN (1987) utilizaram três híbridos simples com diferentes níveis de resistência quantitativa à raça 1 de *E. turcicum*: A632xA619 e B73xMo17, com baixo e médio nível de resistência quantitativa, respectivamente e B73xOh45. Foram estudadas as versões homocigótica para o alelo Ht e homocigótica para o alelo ht nos dois primeiros híbridos e a versão heterocigótica e homocigótica para o alelo ht em B73xOh45. Os autores observaram maior produtividade de grãos na versão homocigótica dominante.

PATAKY (1994) avaliou, durante três anos, o comportamento de híbridos de milho doce obtidos a partir de germoplasmas com diferentes tipos de resistência às raças 0 e 1 de *E. turcicum*. Os híbridos com resistência quantitativa e o gene Ht apresentaram produtividade 10% menor que os mesmos materiais sem inoculação, porém estas diferenças não foram significativas. Os híbridos somente com resistência quantitativa, foram semelhantes em produção às testemunhas; os híbridos suscetíveis sem o gene Ht produziram de 6% a 51% menos que as testemunhas, enquanto que os híbridos suscetíveis com o gene Ht, foram de 6% a 18% menos produtivos que as testemunhas. Não foram observadas diferenças na produtividade entre materiais inoculados com as raças 0 e 1.

2.3. Formas de controle genético do fungo *Exserohilum turcicum*

2.3.1. Resistência qualitativa

A resistência qualitativa também é conhecida como resistência específica, resistência vertical ou resistência oligogênica. É determinada pelos genes Ht, Ht2 e Ht3, sendo expressa por lesão clorótica de resistência com marcada diminuição da esporulação do fungo (HILU & HOOKER, 1963; HOOKER & KIM, 1973; HOOKER & PERKINS, 1980; HOOKER, 1961; 1977); e pelo gene HtN que

é expresso atrasando o desenvolvimento das lesões em plantas adultas (GEVERS, 1975).

O gene Ht tem-se mostrado efetivo por cerca de 20 anos no controle da doença (SMITH & KIMSEY, 1980; TURNER & JOHNSON, 1980), com expressão de bom nível de resistência nos híbridos comercializados nos Estados Unidos e Europa (HOOKER, 1977). Inicialmente o gene Ht foi restrito para germoplasma com endosperma dentado; posteriormente foi revelado nos germoplasmas com diferentes tipos de endosperma conhecidos incluindo milho doce e pipoca (HOOKER & YEAN-KAI, 1980; HOOKER et al., 1964).

HOOKER (1961) verificou que a linhagem GE-440 e a variedade "Ladyfinger" apresentaram resistência caracterizada pelo tipo de lesão. Observações preliminares mostraram que esta classe de resistência apresentou herança simples. HOOKER (1963b) estudou a herança da resistência a *E. turcicum* nestes materiais e os resultados de reação de plântulas concordam com a hipótese que um gene dominante determinou lesão clorótica de resistência. Observações de campo, ratificaram a hipótese que um gene dominante determinou lesão clorótica de resistência a *E. turcicum* na linhagem GE-440 e na variedade "Ladyfinger"; foi proposto o símbolo Ht para nomear este gene (HOOKER, 1963a ; HOOKER & YEAN-KAI, 1980). Os genes que determinam a resistência nestes materiais parecem ser alelos ou genes ligados (HOOKER, 1963a; HOOKER, 1963b; HOOKER & YEAN-KAI, 1980).

Avaliando diferentes níveis de ploidia dos alelos Ht e ht obtidos na linhagem R223, não foram detectadas diferenças na resistência a *E. turcicum* para o alelo Ht, porém foi observado que, ao nível de plântulas, três ou quatro doses desse alelo conferem um maior nível de resistência que uma ou duas doses. As plantas heterozigóticas diplóides (Ht ht) apresentaram um menor nível de resistência que os

outros níveis de ploidia testados neste estudo. Plântulas diplóides, triplóides e tetraplóides, para o alelo ht, não apresentaram diferenças significativas no grau de suscetibilidade, porém as plântulas monoplóides foram mais suscetíveis que os outros níveis de ploidia do alelo ht (DUNN & NAMM, 1970).

Utilizando gerações F2 e o cruzamento teste obtido com as linhagens Bw e 713, que apresentam o gene Ht, e a linhagem NN14B, com o gene Ht2, foi observado que a lesão clorótica de resistência determinada pelo gene Ht, segregou independentemente do gene Ht2 (HOOKER, 1977; HOOKER & YEAN-KAI, 1980).

Estudos com marcadores moleculares ligados ao gene Ht que confere resistência à raça 1 de *E. turcicum*, foram efetuados por BENTOLILA et al. (1991) com as linhagens isogênicas B73, A619, W153R e CM105, e 95 progênes F2 geradas do cruzamento entre a linhagem resistente LH146HT e a linhagem suscetível DF20; foi estimada em 0,8 centimorgans a distância entre o gene Ht e o marcador UMC150B, concluindo-se que o gene Ht está localizado no braço longo do cromossomo 2.

Estudos com gerações segregantes obtidas do cruzamento da linhagem NN14 da Austrália com as linhagens suscetíveis B14, SynA e R168, mostraram que a resistência na linhagem NN14 foi determinada por dois genes dominantes não ligados; o gene em NN14A apresenta lesão clorótica de resistência em reações de planta adulta e está ligado ao gene Ht. O gene Ht2 foi observado na linhagem NN14B, que também apresenta lesão clorótica de resistência, porém não esteve ligado ao gene Ht (HOOKER, 1977).

Observações de campo e em casa de vegetação mostraram que os genótipos com os genes Ht e Ht2 apresentam um maior grau de resistência que genótipos com apenas um deles. Os genótipos com esses dois genes apresentaram

lesão clorótica de menor tamanho e permaneceram por maior tempo sem apresentar necroses. Os genótipos homozigóticos dominantes (Ht2Ht2), apresentaram lesões com cloroses pronunciada em relação aos genótipos heterozigóticos para esse gene (HOOKER, 1977).

Com base em 124 plantas F2 obtidas do cruzamento das linhagens A619Ht2xW644, ZAITLIN et al. (1992) detectaram que oito "restriction fragments length polymorphism" (RFLP), dos 20 testados para resistência à raça 1 de *E. turcicum* apresentaram ligação com o gene Ht2 no cromossomo 8, localizado entre os marcadores x975 e r51. A ordem dos marcadores e as distâncias relativas de ligação concordam com as encontradas por SHOEMAKER et al. (1992).

O gene Ht3 foi isolado de *Tripsacum floridanum* e introduzido em milho por meio de sucessivas gerações de retrocruzamento; foi observado que este gene segregou de forma similar a um gene dominante, apresentando lesão clorótica de resistência. Os genótipos homozigóticos dominantes (Ht3Ht3) apresentaram maiores níveis de resistência que os genótipos heterozigóticos (HOOKER, 1981).

O gene HtN, isolado da raça "Pepitilla" do México, não confere lesão clorótica de resistência porém reduz o número de lesões e incrementa o período latente. O gene é efetivo para todas as raças do patógeno, porém não é estável na sua expressão em ambientes diferentes, proporcionando resistência só até o estágio de florescimento e três semanas após o florescimento observa-se quebra dos mecanismos de resistência, provavelmente devido à presença de genes modificadores (GEVERS, 1975). RAYMUNDO et al. (1981) encontrou que o gene HtN aumenta o período de incubação do fungo.

GARDINER et al. (1993) utilizando a geração F2 do cruzamento das linhagens Tx303 x CO159, detectaram ligação entre o marcador UMC16 e o gene HtN, localizado na posição de mapa 136 sobre o braço longo do cromossomo

3. SIMCOX & BENNETZEN (1993a) obtiveram os mesmos resultados com o cruzamento W22HtN x A619Ht1. SIMCOX & BENNETZEN (1993b) observaram ligação do gene HtN na região *Idh1* sobre o cromossomo 8, com os marcadores UMC30A e UMC117.

SIMCOX & BENNETZEN (1993b) com progênies segregantes F2, obtidas do cruzamento das linhagens W22HtN1 x A619Ht2, encontraram que o gene HtN está ligado ao gene Ht2 a aproximadamente 10 centimorgans. Análises com RFLP mostraram que os genes HtN e Ht2 não são alelos. SIMCOX & BENNETZEN (1993a), com gerações F2, obtidas do cruzamento da linhagem W22HtN1 com as linhagens A619Ht1, A619Ht2 e A619Ht3, encontraram resultados similares para ligação do gene HtN com o gene Ht2, não observada porém ligação entre os genes HtN e Ht3 sobre o braço longo do cromossomo 8.

CARSON (1995) utilizando estoques com translocações recíprocas marcadas com o gene recessivo *wx*, estudou a herança da resistência de um novo gene que confere resistência à raça 0 de *E. turcicum*, na forma de halo clorótico, em gerações obtidas do cruzamento de linhagens resistentes derivadas do sintético BS19 com a linhagem susceptível A619. Foi encontrado que a resistência a esta doença é controlada por um gene recessivo localizado no braço curto do cromossoma 1, próximo ao centrômero; não foi descartada a possibilidade de que genes modificadores estejam envolvidos na expressão da resistência.

Além destes genes de resistência para a mancha da folha por *E. turcicum*, há evidências da possibilidade da existência de outros genes expressos na forma de lesão clorótica, que teriam aplicação em programas de melhoramento do milho (HOOKER & PERKINS, 1980).

2.3.1.1. Natureza da resistência

Em gerações derivadas do cruzamento de linhagens resistentes e suscetíveis com endosperma dentado, observou-se que a resistência a *E. turcicum*, determinada pelo gene Ht, está associada com a produção de fitoalexinas e a suscetibilidade está associada com a deficiência na produção desta substância. Evidências indicam que o gene Ht apresenta comportamento semelhante em vários "backgrounds" genéticos, porém pode ocorrer variação com relação à taxa e quantidade de fitoalexina produzida (LIM et al., 1970).

Foi observado que isolados do fungo *E. turcicum*, apresentam variação na sensibilidade e aptidão para induzir a formação de fitoalexinas. Os isolados com maior patogenicidade induzem à formação de fitoalexinas mais concentradas; isto indica que a reação de resistência ao fungo está relacionada com a produção de fitoalexinas, porém a quantidade produzida e a concentração pode variar com a patogenicidade do fungo. Também foi encontrado que as propriedades químicas da fitoalexina é determinada pelo genótipo da planta e não pelo genótipo do patógeno (LIM et al., 1970). Esses autores isolaram as fitoalexinas A₁ e A₂, em genótipos de milho resistentes, encontrando que a fitoalexina A₁ foi mais efetiva que a fitoalexina A₂, com relação à inibição da germinação de esporos.

CALUB et al. (1974b), utilizando diferentes genótipos de milho, encontraram que a maior inibição da germinação de esporos do fungo foi observada no genótipo HtHtBxBx e a menor inibição foi observada no genótipo hthtbxbx. Da comparação dos genótipos hthtbxbx com hthtBxBx e de HtHtbxbx com HtHtBxBx, os autores concluíram que o gene Bx não inibe a germinação dos esporos. Apesar de que a base química deste fenômeno ainda não é bem conhecida, é provável que o genótipo da planta seja determinante na produção de substâncias inibitórias.

2.3.1.2. Raças fisiológicas

A presença de novas raças fisiológicas do fungo *E. turcicum*, nos últimos anos, tem aumentado o interesse das doenças do milho (HOOKER & PERKINS, 1980). Após 1980, foram identificadas quatro raças do fungo. LEONARD et al. (1989) deduziram que, com quatro genes de virulência no patógeno para quatro genes de resistência no genótipo de milho, é provável que novas raças patogênicas possam ser identificadas; portanto, a nomenclatura disponível para nomear raças do fungo, não é satisfatória uma vez que a designação numérica destas não corresponde às formulas de virulência propostas.

A raça 1, a mais comum nos Estados Unidos, é avirulenta nos genótipos com os genes Ht, Ht2 ou Ht3 (HOOKER et al., 1965; HOOKER & PERKINS, 1980).

Em 1972 foi identificado no Hawai um isolado virulento sobre genótipos com o gene Ht e avirulento sobre genótipos com o gene Ht2 (BERGQUIST & MASIAS, 1974); este isolado foi descrito como raça 2 (BERGQUIST & MASIAS, 1974; LIM et al., 1974). Em Indiana, em 1979, foi identificado um segundo isolado idêntico à raça 2, virulento sobre genótipos com o gene Ht (TURNER & JOHNSON, 1980).

A raça 3 foi observada em 1976 no Estado de Carolina do Sul, mostrando-se virulenta sobre genótipos que apresentam os genes Ht2 e Ht3, porém avirulenta em genótipos com o gene Ht (SMITH & KINSEY, 1980).

Em 1989, foi descrita no Texas a raça 4, virulenta sobre genótipos com os genes Ht2, Ht3 e HtN, e avirulenta sobre genótipos com gene Ht (THAKUR et al., 1989).

TURNER & JOHNSON (1980) reportaram a presença de uma raça virulenta sobre a linhagem A632 contendo o gene Ht; as lesões são características de

reação de suscetibilidade, porém não foram observadas lesões cloróticas, indicando portanto tratar-se de uma nova raça do fungo *E. turcicum*.

2.3.2. Resistência quantitativa

A resistência quantitativa é também conhecida como resistência não específica, resistência horizontal, resistência poligênica ou resistência de campo. Este tipo de resistência é controlado por vários genes (JENKINS & ROBERT, 1952; JENKINS et al., 1952), principalmente com ação gênica aditiva (HOOKER, 1982). Os estudos para conhecer a herança da resistência quantitativa à mancha da folha causada pelo fungo *E. turcicum* começaram em 1942; até 1961 a resistência quantitativa foi a mais utilizada nos programas de melhoramento de milho (JENKINS & ROBERT, 1952). A resistência quantitativa é expressa principalmente por menor número de lesões nos genótipos infectados pela doença (HOOKER, 1963b; RAYMUNDO & HOOKER, 1982) e pela baixa taxa de desenvolvimento da doença (HUGHES & HOOKER, 1971; HOOKER & KIM, 1973; SIGULAS et al., 1988). A resistência quantitativa é efetiva para todas as raças fisiológicas do fungo (HOOKER & KIM, 1973), e pode ser utilizada em combinação com a resistência qualitativa, permitindo obter aumento da durabilidade da resistência qualitativa e com isso incrementar a expressão da resistência (HOOKER & KIM, 1973; LEATH & PEDERSEN, 1986).

Foi observado que "quantitative trait locis" (QTLs), que controlam o número de lesões, atuam na fase inicial da patogênese em relação aos locos herdados qualitativamente (FREYMARK et al., 1994). Diferentes mecanismos também estão envolvidos pelo fato de a resistência quantitativa ser efetiva para todas as raças conhecidas do patógeno, em contraste com a resistência qualitativa que é

específica para um determinado número de raças do fungo (SMITH & WHITE, 1988); outra evidência está relacionada com a fonte de resistência, em particular aquela conferida por lesão clorótica, que pode ser identificada no estágio de plântula; por outro lado a resistência quantitativa pode ser identificada com maior precisão no estágio de planta adulta (HILU & HOOKER, 1963).

A resistência quantitativa na linhagem Mo17, parece ser obtida pela diminuição do número de lesões do que pela diminuição do tamanho da lesão. Isto não significa que os QTLs afetando o número de lesões não podem ser diferenciados dos QTLs afetando a severidade da doença; acontece que sua contribuição é pequena em relação aos QTLs afetando o número de lesões. Em contraste à resistência qualitativa, que é caracterizada por áreas cloróticas contornando a lesão, a resistência quantitativa se caracteriza por apresentar lesões de tamanho menor, além das diferenças morfológicas no tipo de lesão, sugerindo que diferentes mecanismos de resistência podem estar envolvidos nestas duas classes de resistência (FREYMARK et al., 1994).

Em presença de novas raças do patógeno, a resistência quantitativa parece ser de maior utilidade que a resistência qualitativa (HOOKER, 1963b; HOOKER & KIM, 1973). A presença de tais raças ainda não tinham sido reportadas em trabalhos preliminares (HOOKER, 1963a). Novas raças patogênicas foram observadas após 1980 (LEONARD et al., 1989). HOOKER (1963b) destacou que um dos fatores limitantes mais importantes na transferência de genes com resistência quantitativa, está relacionado com alterações na maturidade e outras características agronômicas desejáveis. JENKINS & ROBERT (1952) salientaram que a resistência quantitativa requer um tempo relativamente longo para sua incorporação. Entretanto, CEBALLOS et al. (1991) obtiveram incrementos significativos na resistência a *E. turcicum*, com quatro ciclos de seleção. Diversos

autores (JENKINS & ROBERT, 1952; JENKINS et al., 1952; JENKINS et al., 1954) observaram que a resistência quantitativa foi diluída nas gerações obtidas do retrocruzamento da F1 para a linhagem suscetível.

JENKINS et al. (1957) estudaram a base genética da resistência a *E. turcicum*, por meio de translocações cromossômicas, em duas linhagens com diferentes níveis de resistência, a linhagem MO21A com resistência poligênica e a linhagem NC34 altamente resistente. As duas linhagens foram cruzadas com dois grupos de translocações, as plantas F1 foram retrocruzadas para as linhagens suscetíveis R4 e A188. Os retrocruzamentos para a linhagem R4, mostram que a resistência, nas linhagens MO21A e NC34 estão associadas com o braço curto do cromossomo 1, o braço longo do cromossomo 3 e ambos os braços do cromossomo 4. Nos retrocruzamentos para a linhagem A188, detectou-se comportamento diferente das linhagens; na linhagem MO21A a resistência está associada com o braço longo dos cromossomos 4, 5 e 6, e o braço curto dos cromossomos 6 e 7, e na linhagem NC34 a resistência está associada com o braço longo dos cromossomos 1 e 5 e o braço curto dos cromossomos 5 e 7.

JENKINS & ROBERT (1961) utilizaram translocações cromossômicas recíprocas em diferentes fases de transferência para a linhagem A188, mostrando que a linhagem MO21A apresentou genes para resistência a *E. turcicum* no braço curto dos cromossomos 4, 6 e 7, e no braço longo dos cromossomos 2, 4, 5 e 6. A linhagem CI90A, relacionada geneticamente com MO21A, apresentou genes de resistência localizados no braço curto dos cromossomos 3 e 7, e no braço longo dos cromossomos 1; 2; 3 e 5.

BREWSTER et al. (1992) estudaram gerações F2 obtidas do cruzamento de uma série de estoques de translocações suscetíveis marcadas com o gene *wx*, com a linhagem resistente Mo17. A resistência quantitativa da linhagem

Mo17, avaliada como severidade da doença em plantas adultas no campo, foi associada com genes localizados no cromossomo 3, braço curto do cromossomo 4 e braço longo do cromossomo 6; os genes localizados no braço curto do cromossomo 4 e braço longo do cromossomo 6, parecem estar relacionados com o menor número de lesões e com um incremento do período de incubação; estes dois componentes de resistência estiveram relacionados com a severidade da doença.

Foram testados 103 marcadores moleculares, para identificar genes relacionados com a resistência quantitativa da raça 0 de *E. turcicum*, em 150 linhagens F_{2:3}, geradas do cruzamento da linhagem Mo17 com a linhagem suscetível B52. Foi detectado que o número de lesões é determinado por três regiões cromossômicas localizadas no braço curto dos cromossomos 1 e 5, e no braço longo do cromossomo 3, cada uma destas regiões contribuiu com 6,8%, 11,8% e 13,2% da variação fenotípica, respectivamente; a severidade da doença foi associada com as mesmas regiões anteriores além do braço longo dos cromossomos 7 e 8, os quais contribuíram com 7,5% e 13,4% da variação fenotípica, respectivamente. O braço longo dos cromossomos 5 e 7 foi associado com o tamanho da lesão contribuindo com 18,1% e 12,3%, da variação fenotípica, respectivamente (FREYMARK et al., 1993; FREYMARK et al. 1994). O número de lesões e a severidade da doença parecem ser determinadas por regiões análogas dos cromossomos, isto é pelo braço longo dos cromossomos 3, 7 e 8, e pelo braço curto dos cromossomos 1 e 5; isto explica a alta correlação genética entre estes dois componentes de resistência (FREYMARK et al., 1994).

Estudando os componentes da resistência a *E. turcicum*, ou seja, o número de lesões, a severidade e o tamanho da lesão, foi observado que QTLs múltiplos são iguais à somatória dos QTLs individuais, sugerindo que, embora os QTLs expliquem porções autônomas de variação, sua ação é aditiva, LINCOLN &

LANDER, 1990 citado por FREYMARK et al. (1993). Estudando os mesmos componentes de resistência, antes referidos, ao isolado HE62 do fungo *E. turcicum*, em gerações obtidas do cruzamento da linhagem Mo17 com a linhagem suscetível B52, LEE (1993) constatou que as regiões controlando a resistência a esses componentes correspondem a 5 cromossomos, o braço curto dos cromossomos 1 e 5, e o braço longo dos cromossomos 3; 5; 7 e 8. Os mesmos QTLs que determinam severidade da doença, número de lesões e tamanho de lesões estão localizados no braço longo dos cromossomos 5 e 7, os QTLs no cromossomo 7 estão relacionados com tamanho de lesões e severidade da doença.

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 UMC88 (FREYMARK et al., 1993; LEE, 1993).

Estima-se que a região cromossômica próxima ao gene Ht2 no cromossomo 8, na linhagem Mo17 contribua 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 (FREYMARK et al., 1993; LEE, 1993). A localização do gene Ht3 ainda não é conhecida (FREYMARK et al., 1994; LEE, 1993).

LEE (1993) sugeriu o símbolo Ht4 para denominar o gene bx1. Estudos com marcadores detectaram que o marcador UMC123 está ligado ao gene bx1 no braço curto do cromossomo 4; estimou-se que a região próxima a bx1 na linhagem Mo17 contribua com 5,0% da variação fenotípica do tamanho da lesão, além de uma pequena contribuição para o número de lesões e severidade da doença (FREYMARK et al., 1993; LEE, 1993).

O gene HtN foi recentemente localizado no braço longo do cromossoma 8 (FREYMARK et al., 1994). Este gene apresenta resistência principalmente dominante. HOOKER (1977) denominou esta resistência de "Lesion number type". É provável que este gene apresente um mecanismo de herança similar aos genes herdados quantitativamente (FREYMARK et al., 1994).

2.3.2.1. Número de genes controlando a resistência

A estimativa do número de genes controlando caracteres quantitativos apresenta um importante papel no desenvolvimento de programas de melhoramento de plantas. O método mais simples para obter estas estimativas envolve a observação de médias e variâncias dos progenitores e de seus híbridos (ZHAO-BANG et al., 1990). As estimativas do número de genes quantitativos estão baseadas nas características da distribuição dos fenótipos na população segregante, além de suposições, tais como: efeitos semelhantes dos genes individuais, distribuição independente, ação gênica semelhante e pequeno efeito de epistasia. Na prática geralmente uma ou mais destas suposições não são cumpridas obtendo-se estimativas de pouca confiabilidade (TANKSLEY, 1993). Vários métodos têm sido propostos para estimar o número de genes (CASTLE, 1921; JINKS & TOWEY, 1976; PARK, 1977). Porém o método original de WRIGHT citado por CASTLE (1921) é o método mais simples e amplamente utilizado.

JENKINS & ROBERT (1952) utilizando a fórmula de Castle, foram estimados de 1 a 7 genes controlando a resistência a *E. turcicum* nos cruzamentos CI.23xR4 e NC34x38-11, respectivamente. As reações observadas nas gerações F2 e retrocruzamentos com linhagens resistentes e suscetíveis, indicam que a resistência é controlada por um grande número de genes (JENKINS & ROBERT, 1952; JENKINS, et al., 1952).

2.3.2.2. Natureza da resistência

CALUB et al. (1974a) utilizando linhagens com diferentes tipos de resistência, qualitativa, quantitativa e com os dois tipos de resistência a *E. turcicum*, observaram que as linhagens com resistência quantitativa produziram maior inibição na produção de esporos do fungo, sendo que em todas as linhagens com este tipo de resistência a porcentagem de área infectada foi significativamente menor. A adição do gene Ht nas linhagens com resistência quantitativa diluiu a concentração de tais substâncias, além disso a porcentagem da área foliar infectada pelo patógeno foi menor. Os autores concluíram que durante os sucessivos ciclos de retrocruzamento tenham sido perdidos alguns genes quantitativos. Foi observado que as linhagens com os dois tipos de resistência (qualitativa e quantitativa) apresentaram menor nível de resistência que a mesma linhagem contendo apenas resistência quantitativa; o genótipo duplo recessivo (htbx) apresentou suscetibilidade extrema devido à produção deficiente de fitoalexina e de "2-4-dihydroxi-7-metoxi-1,4-benzonxazin-3-one", mais comumente conhecido como DIMBOA.

2.4. Ação gênica da resistência

Estudando a resistência a *E.turcicum* com gerações F2 e retrocruzamentos, em cinco linhagens resistentes e três linhagens suscetíveis, JENKINS & ROBERT (1952) encontraram que as linhagens resistentes apresentaram comportamento diferente quando cruzadas com a linhagem suscetível R4. Essa resposta sugeriu a presença de tipos diferentes de ação gênica das linhagens com respeito à resistência a esta doença. Foi detectada ação gênica aditiva em três cruzamentos e ação gênica dominante em quatro cruzamentos, no controle da resistência.

JENKINS et al. (1952) com base nos dados de médias de gerações, encontraram que a resistência a *E. turcicum* foi de natureza dominante em sete dos nove cruzamentos testados; além disso a dominância foi influenciada pelo genótipo que participa nos cruzamentos; assim a linhagem NC34 apresentou maior dominância no cruzamento com as linhagens suscetíveis 38.11 e R4. A linhagem Mo21A apresentou dominância no cruzamento com as linhagens Hy e Oh07, sendo que no cruzamento com a linhagem B2 não foi observada dominância.

Baseado nas análises de médias dos cruzamentos entre linhagens resistentes e suscetíveis, HUGHES & HOOKER (1971) verificaram que os efeitos genéticos aditivos contribuem com 46,5% a 98,5% da variabilidade genética enquanto que os efeitos de dominância contribuem apenas com 0,3% a 47%. Na maioria dos cruzamentos estudados os efeitos genéticos de dominância e de epistase aditiva x aditiva, foram de menor importância, quando comparados com os efeitos genéticos aditivos. A variância genética aditiva foi significativa nos quatro cruzamentos estudados e a estimativa da variância de dominância foi negativa em um desses cruzamentos. REGITANO NETO (1993) na população de milho pipoca "Santa Rosa", encontrou que a estimativa da variância genética aditiva foi maior para progênies de irmãos germanos ($367,72 \times 10^{-4}$), em relação às estimativas obtidas com progênies S_1 , $204,42 \times 10^{-4}$ e $163,54 \times 10^{-4}$, considerando-se $\sigma_D^2 = 0$ e $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$, respectivamente. Neste estudo a estimativa da variância de dominância foi maior que a variância aditiva. FREYMARK et al. (1994) constataram que o número de lesões e a severidade da doença são controlados principalmente por ação gênica dominante e por ação gênica sobredominante, enquanto que o tamanho de lesões é controlado principalmente por ação gênica sobredominante.

2.5. Herdabilidade

A estimativa da herdabilidade de um caráter é o principal objetivo do estudo de caracteres quantitativos (FALCONER, 1989). A herdabilidade é propriedade de um caráter e da população, dentro de uma faixa de ambientes de referência (FALCONER, 1989; GEIGER & HEUN, 1989). O conhecimento da herdabilidade é útil para eleger o método de melhoramento mais apropriado e para prever o progresso genético na seleção (VENCOVSKY, 1987; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988; GEIGER & HEUN, 1989). As estimativas de herdabilidade também são utilizadas para identificar o ambiente mais apropriado para efetuar seleção (ALLEN et al., 1978), estimaram maiores coeficientes de herdabilidade nos ambientes mais favoráveis. As estimativas de herdabilidade de um mesmo caráter apresentam ampla faixa de variação, uma parcela desta variação pode refletir diferenças entre as populações e as condições nas quais foram estudadas. Existe uma estreita relação entre magnitude da estimativa e a natureza do caráter. Em geral caracteres com menor herdabilidade estão relacionados com a aptidão reprodutiva e os caracteres de maior herdabilidade são de menor importância na determinação da aptidão natural (FALCONER, 1989).

HUGHES & HOOKER (1971) com base em médias de gerações, estimaram que a herdabilidade da resistência a *E. turcicum* no sentido amplo variou de 40% a 70%. HOOKER (1982) inferiu que a resistência a *E. turcicum* apresenta geralmente alta herdabilidade. Com linhagens F_{2:3}, foi estimada a herdabilidade do número de lesões, da severidade da doença e do tamanho de lesão em 69,6%, 62,8% e 31,9%, respectivamente (FREYMARK et al., 1993; FREYMARK et al., 1994). 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%, respectivamente. CEBALLOS et al. (1991), avaliando oito populações de

milho, deduziram que a herdabilidade da resistência desta doença foi alta pelo progresso significativo obtido em quatro ciclos de seleção.

2.6. Correlações fenotípicas

A correlação fenotípica é a associação entre dois caracteres que pode ser observada no campo (VENCOVSKY, 1987). Foi estimada correlação de 0,95 entre o número de lesões e a severidade da doença por *E. turcicum*; não foi observada correlação entre o tamanho de lesões e a severidade da doença (FREYMARK et al., 1993; FREYMARK et al., 1994). Resultados similares foram obtidos por BREWSTER et al. (1992). FREYMARK et al. (1993) estimaram correlação negativa (-0,23) entre número e o tamanho das lesões. A severidade da doença apresentou correlação positiva com o número de lesões e o período latente. A severidade da doença e tamanho de lesão na linhagem Mo17 apresentaram correlações altamente significativas com a porcentagem de homozigose do genoma; não foram observadas correlações entre esses componentes de resistência com a porcentagem de heterozigose do genoma (FREYMARK et al., 1994).

As correlações entre o número de lesões e a severidade da doença com o ciclo vegetativo da cultura foram pequenas e não significativas. O tamanho da lesão apresenta correlação positiva (0,38) com o ciclo do genótipo, sendo, que a altura de planta não foi correlacionada com a severidade da doença e com o tamanho de lesão (FREYMARK et al., 1994). CEBALLOS et al. (1991) detectaram que o aumento da resistência poligênica por *E. turcicum* apresentou correlação muito baixa com o ciclo da planta ($r=0,01$). BLEICHER et al. (1993) estimaram correlações negativas de -0,995 e -0,999 entre o peso médio de grãos e a porcentagem da área foliar infectada e com a porcentagem de folhas infectadas por *E. turcicum*, respectivamente.

2.7. Correlações genéticas.

A correlação genética aditiva mede a associação genética entre dois caracteres (VENCOVSKY, 1987). Embora a produtividade de grãos seja o caráter de maior interesse nos programas de melhoramento de milho, outros caracteres como a qualidade de grãos, o ciclo e porte da planta, qualidade de colmo, resistência a pragas e doenças, deveriam ser considerados nas avaliações de germoplasma de milho para uma eventual utilização (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

As causas genéticas das correlações aditivas são a pleiotropia, por meio da qual um ou mais genes afetam simultaneamente várias vias fisiológicas, afetando deste modo vários caracteres ou a falta de equilíbrio de ligação, a qual refere-se aos genes localizados no mesmo cromossomo que são transmitidos juntos numa população (VENCOVSKY, 1987; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988; FALCONER, 1989; VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

As correlações genéticas são úteis para medir o grau de associação entre caracteres e para determinar como estes podem alterar a seleção (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). O conhecimento das correlações genéticas entre caracteres é uma ferramenta valiosa para o melhorista, na escolha do procedimento mais eficiente a ser adotado em seu programa de melhoramento (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

MILES et al. (1980) estimaram correlações genéticas em três doenças produzidas por fungos do milho. Em todos os casos, as estimativas foram de baixas magnitude e não significativas, os valores das estimativas tendo sido de $-0,13 \pm 0,11$ para *E. turcicum* com *Diplodia maydis* (Berk.) Sacc.; de $0,14 \pm 0,10$ para *E. turcicum* com *Colletotrichum graminicola* (Ces.) G.W., infectando as folhas e de $0,14 \pm 0,1$ para *E. turcicum* com o fungo *C. graminicola*, infectando sistema radicular.

2.8. Respostas correlacionadas e progresso genético

A resposta correlacionada consiste na alteração em uma característica como consequência da seleção de outra característica em presença de correlação genética (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Em melhoramento genético, a melhora no caráter principal pode ser conseguido mais eficientemente selecionando-se apenas o caráter secundário. Neste caso, a resposta correlacionada é maior que o progresso genético obtido com o caráter principal e esta condição ocorre quando o caráter secundário tiver herdabilidade mais alta que o caráter principal e quando a correlação genética entre os dois caracteres for elevada (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). Por outro lado, HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) consideram que em milho não é possível praticar seleção indireta para caracteres complexos, tais como produtividade de grãos, pois este caráter é expressão de aptidão e mudanças drásticas, acompanhados pelo ajustamento de outro(s) componente(s) implicando portanto na presença de mudanças correlacionadas das frequências gênicas.

MILES et al. (1980), utilizando famílias de meios irmãos, não encontraram respostas correlacionadas significativas para produtividade de grãos quando seleciona-se para resistência a doenças, confirmando deste modo a baixa correlação genética entre estes dois caracteres. MILES et al. (1981) encontraram respostas correlacionadas de baixa magnitude entre as doenças produzidas pelos fungos *E. turcicum*, *D. maydis*, *C. gramilicola* e produtividade de grãos.

CEBALLOS et al. (1991) com quatro ciclos de seleção recorrente alternando progênies de irmãos germanos e progênies S_1 em oito populações de milho, obtiveram progressos em resistência a *E. turcicum* que variaram de 16,5% para 21,5%, respectivamente.

2.9. Seleção Divergente

A seleção divergente permite obter respostas em ambos os sentidos, sendo que as causas deste fenômeno podem ser genéticas e/ou evolutivas. As respostas obtidas através da seleção divergente têm aplicação prática na predição do progresso na seleção, já que esta é feita com base na herdabilidade estimada na população original, podendo ser utilizada para prever a resposta média nos dois sentidos; em presença de assimetria a resposta predita em um sentido deve diferir muito pouco da resposta observada. Com certas limitações também pode ser útil para prever a quantidade de resposta assimétrica que pode ocorrer e particularmente o sentido desta, uma vez que são muitas as possíveis causas que podem originar estas respostas e só um reduzido número dessas podem ser detectadas antes da seleção. As principais causas das diferenças nas respostas obtidas pela seleção divergente são: deriva genética, diferencial de seleção, depressão endogâmica, efeitos maternos, assimetria genética, efeitos de genes maiores, assimetria escalar e seleção indireta (FALCONER, 1989).

A seleção divergente tem sido aplicada para vários caracteres em milho, como por exemplo, para resistência e suscetibilidade a acamamento de colmo (THOMPSON, 1970); prolificidade (TORREGROSA, 1975), comprimento de espiga (CORTEZ-MENDOZA & HALLAUER, 1979; SALAZAR & HALLAUER, 1986), conteúdo de óleo e proteína (DUDLEY, 1977; DUDLEY & LAMBERT, 1992); número de ramificações do pendão e altura de espiga (ANDRADE et al., 1986) ; teor de umidade da espiga na colheita (CROSS et al., 1987); tamanho da semente (ODHIAMBO & COMPTON, 1987); produtividade de grãos e qualidade de colmo (ALBRECHT & DUDLEY, 1987a); tamanho de pendão e posição da espiga

(ANDRADE, 1988; FARIAS, 1995); e concentração de proteína (WYSS et al., 1991).

Os programas de seleção para resistência às doenças do milho, geralmente estão orientados a incrementar gradativamente a frequência de alelos favoráveis; não se tem informação das respostas correlacionadas quando pratica-se seleção divergente para resistência a *E. turcicum*.

2.10. Germoplasma de milho com resistência às doenças

A escolha do germoplasma apropriado é de fundamental importância nos programas de melhoramento, seja para o desenvolvimento de um programa aplicado, assim como para o melhoramento de populações, desenvolvimento de linhagens ou para estudos de comparação de métodos de seleção. Se os genes de interesse não estão presentes no germoplasma escolhido, os esforços podem ser em vão, independente da técnica utilizada e do tempo empregado (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). HALLAUER (1990) salientou a importância do germoplasma para obter ganhos genéticos constantes mediante aplicação de métodos de melhoramento tradicionais e para maximizar o uso potencial da biotecnologia. GRACEN (1986) enfatizou que a geração de germoplasma com resistência a doenças, resistência a insetos e tolerância a estresses ambientais, compatíveis com as necessidades dos produtores, é um dos mais importantes impactos dos melhoradores de plantas.

Na coleção de germoplasma, os esforços passados e presentes têm sido orientados principalmente para a coleta e conservação do germoplasma; entretanto, muito pouca ênfase tem sido dada a avaliação do germoplasma (HALLAUER, 1990). SALHUANA (1986) ressaltou que os dados de avaliação de germoplasma não apresentam informações da resistência a doenças, resistência a

insetos, reação a condições adversas de clima e solo e características relacionadas com qualidade de grãos. No Brasil, NASS et al. (1993) realizaram um levantamento entre melhoristas de instituições públicas e privadas para avaliar a utilização dos bancos de germoplasma. Nesse estudo a quantidade de informações sobre os acessos disponíveis foi considerada insuficiente por 70% dos melhoristas de milho.

A utilização de germoplasma de milho com reduzida base genética nos Estados Unidos tem sido enfatizada por SPRAGUE (1980), DUVICK (1984), GOODMAN (1990), entre outros. O incremento da produtividade e uniformidade dos híbridos em relação às variedades de polinização aberta nos Estados Unidos e outros países de clima temperado têm permitido uma aparente redução da base genética do germoplasma (DUVICK, 1984). SPRAGUE (1971) mostrou que poucas linhagens foram usadas extensivamente para a produção de híbridos, e portanto a vulnerabilidade genética é um problema real. DUVICK (1984) relatou que a alta produtividade de milho nos últimos 50 anos depende de um reduzido número de cultivares; o autor estimou que apenas seis linhagens de milho foram utilizadas para a geração dos híbridos que são plantados em 71% da área cultivada com milho híbrido nos Estados Unidos. A maior evidência da redução da base genética do germoplasma de milho nos Estados Unidos, está relacionada com a epidemia causada pelo fungo *Bipolaris maydis* (Nisik.) Shoemaker, ocorrida nesse país durante a década 1970. Esta epidemia foi o resultado do aparecimento de uma nova raça do fungo (raça T) que é virulenta ao citoplasma T, que determina a esterilidade citoplasmática (ULLSTRUP, 1978).

A utilização de germoplasma exótico como uma forma de melhorar a resistência a doenças de materiais com adaptação local, é um aspecto com opiniões divergentes, mas há exemplos de genes provenientes de germoplasma exótico que foram utilizados em programas de resistência a doenças. DUVICK (1981) concluiu

que alguns materiais exóticos com resistência a doenças e insetos têm sido utilizados nos Estados Unidos, porém os melhoristas acham que linhagens ou populações melhoradas por sucessivos ciclos de seleção, podem ser mais eficientes para obter resistência para as novas doenças. HALLAUER (1990) reconheceu que o germoplasma exótico pode incrementar a base genética do germoplasma local, porém na maioria dos casos necessita-se fazer seleção para adaptação seguido de seleção de características com importância econômica. SANTOS & MIRANDA FILHO (1992) detectaram que a introdução de germoplasma exótico permitiu aumentar a base genética de uma população de milho local, porém as populações geradas apresentaram menor produtividade e menor adaptação. Os autores concluíram que as populações geradas, podem ser úteis como fonte de genes para resistência a doenças, porém para que tais genes se expressem necessita-se de ambientes apropriados.

As principais razões para utilizar germoplasma exótico em programas de melhoramento, segundo ALBRECHT & DUDLEY (1987b), estão relacionadas com os seguintes aspectos:

- a) Incremento da variabilidade genética.
- b) Fonte de genes para características específicas tais como resistência a doenças, resistência a insetos e tolerância a estresse ambiental.
- c) Fonte de genes para incrementar a variabilidade genética da produtividade de grãos.

A importância da utilização de germoplasma exótico em programas de melhoramento tem sido enfatizada entre outros por KRAMER & ULLSTRUP (1959); SPRAGUE (1980); CROSSA & GARDNER (1987); ALBRECHT & DUDLEY (1987b); HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988); HALLAUER (1990); MIRANDA FILHO (1992); SANTOS & MIRANDA FILHO (1992); NASS

(1992); MICHELINI & HALLAUER (1993) e RAGOT et al. (1995). No Brasil a introdução de germoplasma exótico muito tem contribuído para o melhoramento do milho. A partir de 1940, sucessivas introduções têm sido efetuadas, obtendo-se progressos importantes para o aumento da produtividade e melhora de características agrônômicas (MIRANDA FILHO & VIEGAS, 1987).

A maioria das pesquisas com germoplasma exótico apresentam informações relacionadas com a produtividade de grãos, componentes de rendimento (número de espigas, comprimento de espiga e número de grãos por fileira, entre outros), e caracteres agrônômicos (altura de planta, altura de espiga, dias a floração, acamamento, entre outros). Reduzida informação está disponível sobre o comportamento frente a doenças, tais como enfezamento, doenças viróticas e algumas doenças foliares, que são fatores limitantes da produção em muitos países onde o milho é cultivado extensivamente.

KRAMER & ULSTRUP (1959) avaliando 1066 introduções provenientes de 87 países verificaram que o germoplasma exótico permitiu aumentar significativamente a base genética de resistência às doenças produzidas por *Puccinia Sorghi* Schwein., *Puccinia polysora* Underw., *E. turcicum* e *B. maydis*. ALBRECHT & DUDLEY (1987b) estudaram o comportamento de quatro populações de milho, constituídas com diferente porcentagem de germoplasma exótico. Os resultados mostraram que o incremento da porcentagem de este tipo de germoplasma permitiu reduzir a severidade de doenças foliares pelos fungos *E. turcicum*, *D. maydis*, *C. graminicola* e *Bipolaris zeicola* (Stout) Shoemaker, além de diminuir a severidade da podridão do colmo produzida pelos fungos *D. maydis*, *Gibberella zeae* (Schw.) Petch, *Fusarium moniliforme* Sheld e *C. graminicola*. A severidade para as doenças foliares foram de 42,7%, 35,0%, 28,5% e 22,6%, e para

as doenças de colmo, com base numa escala de nove graus, foram de 4,42, 3,70, 3,43 e 2,63, para 0%, 25%, 50% e 100% de germoplasma exótico, respectivamente.

A literatura também tem reduzida informação relacionada com genes de resistência a doenças provenientes de germoplasma exótico. Possivelmente alguns programas de melhoramento já estão utilizando estes genes, porém os resultados ainda não são conhecidos. Assim, por exemplo, o gene Ht foi identificado em um material introduzido do Peru (HOOKER, 1963; ULLSTRUP, 1963). A linhagem NN14 da Austrália apresenta o gene Ht2 que determina resistência a *E. turcicum* (HOOKER, 1977). A raça "Pepitilla" do México apresenta o gene HtN que confere resistência a *E. turcicum* (GEVERS, 1975). A linhagem PI-163597 da Guatemala confere resistência ao fungo *P. sorghi*, e a linhagem PI-186208 da África do Sul confere resistência a *P. polysora* (KRAMER & ULLSTRUP, 1959). A linhagem 41.2504B da Argentina confere resistência à necrose letal do milho (CLNV), e a variedade "Cuba OP", apresenta resistência ao mosaico clorótico do milho (MCDV) e ao míldio pulverulento (SDM) (DUVICK, 1984). A raça "Cuzco" do Peru apresenta resistência a *P. polysora*. O sintético "Eto" da Colômbia apresenta resistência para os vírus mosaico anão do milho, MCDV e *Sclerospora sorghi* Weston Sc Uppal (GRACEN, 1986). O sintético OhS10, amplamente utilizado nos programas de melhoramento de milho, que foi sintetizado com 50% de germoplasma tropical e 50% de germoplasma temperado, apresenta resistência a raça 0 do fungo *E. turcicum* (PRATT, et al. 1993). O sintético "Amarillo Dentado 2" apresenta resistência a *Cercospora zea-maydis* Theon & Danieis (BUBECK, et al. 1993).

3.MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

3.1.1. Caracterização do material em estudo

O presente estudo foi constituído por duas etapas. A primeira consistiu na avaliação das progênes de meios irmãos de quatro populações de milho denominadas CEX, desenvolvidas pelo Departamento de Genética da ESALQ/USP e será designada neste trabalho como Experimentos do Grupo A. As progênes selecionadas nesta primeira etapa, tanto para resistência como para suscetibilidade, foram recombinadas em lotes isolados. A segunda etapa consistiu na avaliação de um ciclo de seleção divergente gerado na etapa anterior e será designada de Experimento do Grupo B.

As populações estudadas (CEX) se diferenciam por (MIRANDA FILHO, 1992):

CEX-1 - constituído por 50% de genes da população local ESALQ-PB1 e 50% de germoplasma exótico dos seguintes materiais: BSSS-S2(C)C2, Corn Belt x Brazilian Syn, BSTL (S2) C2; BSSS(R) C7, Corn Belt x Mexican Syn, Corn Belt x Caribbean, BS-17, BS-8 x SK(Kitale).

CEX-2 - constituído por 50% de genes da população local ESALQ-PB1 e 50% de germoplasma exótico dos seguintes materiais: Kenya Composite, Early x Tropical, Early x Colombian, BS-7 x CBK (Kitale), Colus 71-428-612, Antigua 2D x (BS-10 x BS-14), Eto x CBC (LAF).

CEX-3 - obtido por intercruzamento das populações exóticas utilizadas no CEX-1, que serão denominadas de Exóticos 1.

CEX-4 - obtido por intercruzamento das populações exóticas utilizadas no CEX-2, que serão denominadas de Exóticos 2.

Os experimentos do Grupo A foram constituídos por quatro CEX, os quais foram constituídos por diferente número de progênies de meios irmãos: 436 para CEX-1, 378 para CEX-2, 200 para CEX-3 e 400 para CEX-4; as progênies dos quatro CEX foram distribuídas em 27 experimentos:

População	Experimento número	Tipo de endosperma	Número de progênies
CEX-1	1	Dente	57
	2	Dente	57
	3	Dente	57
	4	Dente	56
	5	Dente	56
	6	Flint	51
	7	Flint	51
	8	Flint	51
CEX-2	9	Dente	55
	10	Dente	55
	11	Dente	54
	12	Dente	54
	13	Flint	54
	14	Flint	53
	15	Flint	53
CEX-3	16	Dente	50
	17	Dente	50
	18	Dente	50
CEX-4	19	Dente	50
	20	Dente	50
	21	Dente	50
	22	Dente	50
	23	Dente	50
	24	Flint	50
	25	Flint	50
	26	Flint	50
	27	Flint	50

O experimento do Grupo B foi constituído por número diferente de ciclos de seleção (subpopulações). O CEX-2, CEX-3 e CEX-4 foram representados pelo ciclo original, seleção para resistência e para suscetibilidade, e o CEX-1 foi representado pelo ciclo original e seleção para resistência. As intensidades de seleção utilizadas para constituir as subpopulações foram de 11,5%, 13,2%, 25,0% e 12,5% para maior e menor nível de resistência no CEX-1, CEX-2, CEX-3 e CEX-4, respectivamente. A seleção divergente das progênes nas quatro populações foi realizada com base nos dados da avaliação de apenas um local (Rio Verde).

A seguir são apresentadas algumas das características das testemunhas utilizadas nos dois grupos de experimentos.

ESALQ-PB1 - originalmente denominada Composto Planta Baixa, é uma população obtida pelo Departamento de Genética da ESALQ/USP (MIRANDA FILHO, 1974 e 1977), foi formado pelas populações Tuxpeño Crema I-Planta Baja, PR 71-A, Piracar-I, MEB-I, Mescla Amarilla (264-PL) PR 71-A, Eto Blanco Planta Baja-71-A, Antigua Gpo.2, Cateto Argentina Uruguai (MIRANDA FILHO, 1974; PATERNIANI et al., 1977). O melhoramento desta população foi feito visando incrementar a produtividade de grãos e melhorar características agronômicas, principalmente do porte de planta (MIRANDA FILHO, 1977).

FT-9043 - é um híbrido triplo, de alto potencial produtivo, apresenta excelente sanidade foliar, de colmo e de espiga, é semi-precoce, de grãos semi duros, de porte baixo, bom empalhamento e excelente germinação no frio (FT - PESQUISA E SEMENTES, s.d.).

XL-370 - é um híbrido triplo, apresenta alto nível de resistência às principais doenças foliares, alta estabilidade de produção, excelente uniformidade de plantas, ótimo arranque inicial mesmo em solos frios, espigas muito bem empalhadas,

indicado para altos índices de produtividade e responde ao uso de tecnologia (BRASKALB, s.d.).

GERMINAL 85 - é um híbrido triplo, grãos com textura dura, cor laranja, com bom aspecto, porte de planta médio a alto, ciclo precoce, e boa estabilidade de produção, resistente ao acamamento e quebramento, tolerante às podridões de colmo (BELLUCCI¹).

XL-678 - é um híbrido duplo normal, recomendado para produção de grãos e silagem, apresenta excelente rusticidade e tolerância à seca, indicado para diversos níveis de tecnologia, ótima estabilidade de produção de grãos (BRASKALB, s.d.).

CARGILL 701 - é um híbrido duplo, porte de planta médio-alto, inserção da espiga média, muito boa qualidade de colmo, boa qualidade da raiz, boa tolerância à acidez, muito boa sanidade da planta, excelente sanidade de espiga, textura de grão semidura, tipo de espiga semi cilíndrica, muito bom empalhamento, cor do grão alaranjado, ciclo precoce, muito boa estabilidade de produção, resistente a *Puccinia polysora*, suscetível a *Physopela zaeae*, *Bipolaris maydis*, *Phaeosphaeria maydis*, e resistente a enfezamento (OLIVATO²)

As testemunhas utilizadas nos experimentos não foram consideradas nas análises da variância, mas foi constatado o seu maior nível de resistência a *E. turcicum* que as progênes de meios irmãos estudadas. A utilização de testemunhas suscetíveis e resistentes pode ser de maior utilidade para comparar a resistência dos materiais avaliados. As características mais importantes das populações estudadas são apresentadas na Tabela 1. Observa-se que as populações exóticas apresentam valores menores que a população ESALQ-PB1 para todos esses caracteres, com exceção do número de fileiras.

¹BELLUCCI, A.A. (CIBA, Sociedade Agrícola Germinal Ltda., Cascavel PR.)- Comunicação pessoal, 1995.

²OLIVATO, A.V. (CARGILL AGRÍCOLA S.A., Campinas)- Comunicação pessoal, 1995.

Tabela 1. Médias de vários caracteres das populações ESALQ-PB1, Exóticos 1, Exóticos 2. Adaptada de MIRANDA FILHO (1992).

CARÁTER	ESALQ-PB1	EXÓTICOS 1	EXÓTICOS 2
Altura de planta (cm)	183,5	142,7	125,9
Altura de espiga (cm)	105,8	64,1	53,2
Número de ramificações do pendão	20,4	15,8	12,9
Comprimento de espiga (cm)	18,8	16,2	15,5
Diâmetro de espiga (cm)	4,8	4,2	4,1
Número de fileiras	13,2	13,5	13,3
Número de grãos por fileira	38,7	28,2	25,5
Peso de grãos (g/planta)	155,1	93,1	83,8
Peso de 100 grãos (g)	29,5	25,3	25,4

3.1.2. Caracterização dos locais experimentais

Foram utilizados três locais experimentais, a saber: Ponta Grossa-PR, localizado a 25° 06' de Latitude Sul, 50° 06' de Longitude Oeste, que será denominado de Local 1; Rio Verde-GO, localizado a 17° 48' de Latitude Sul, 50° 55' de Longitude Oeste, que será denominado de Local 2 e Piracicaba-SP, localizado a 22°42' de Latitude Sul, 47°38' de Longitude Oeste, que será denominado de Local 3. Na Tabela 2 apresentam-se os dados meteorológicos dos locais experimentais. Os dados de Rio Verde e Ponta Grossa correspondem a médias de 30 anos segundo as NORMAIS CLIMATOLÓGICAS DO DEPARTAMENTO NACIONAL DE METEOROLOGIA DO MINISTÉRIO DE AGRICULTURA E REFORMA AGRÁRIA (1992). Os dados do local de Piracicaba foram fornecidos pelo

Departamento de Meteorologia da ESALQ-USP. Os dados dos três locais correspondem a médias de janeiro a junho, período relativo à fase experimental.

Tabela 2. Dados meteorológicos médios durante o período experimental nos locais de avaliação.

PARÂMETRO	PONTA GROSSA	RIO VERDE	PIRACICABA
Temperatura média (°C)	17,3	22,4	23,02
Temperatura mínima (°C)	12,5	17,8	16,96
Temperatura máxima (°C)	24,0	28,9	29,07
Precipitação total (mm)	853,3	857,3	632,30
Evaporação total (mm)	271,1	563,4	691,13
Umidade relativa (%)	84,5	75,2	82,47
Altitude	970	746	546

3.1.3. Obtenção do inóculo

O isolamento do fungo *E. turcicum* foi feito a partir de amostras de folhas com lesões típicas da doença de plantas de milho do campo experimental do Departamento de Fitopatologia da ESALQ-USP. As folhas com sintoma foram desinfetadas com hipoclorito de sódio a 1% por um minuto, posteriormente foram lavadas com água destilada estéril, transferidas para placas de Petri contendo duas folhas de papel de filtro esterilizadas e umedecidas com água destilada estéril; as placas com as folhas foram postas em temperatura ambiente por dois dias. Após a esporulação do fungo, os conídios foram transferidos para placas de Petri, contendo

meio de lactose-caseína hidrolizada e incubadas a 26°C por quatro dias (TUIITE, 1969).

Para obter o inóculo foram usados de três a quatro fragmentos de meio de cultura contendo estruturas do patógeno, os quais foram depositados em frascos Erlenmeyer de 250 ml contendo grãos de sorgo granífero (*Sorghum bicolor*) esterilizados. Após a inoculação, os frascos Erlenmeyer foram colocados em um ambiente iluminado com luz branca para obter uma melhor esporulação do fungo. Os frascos contendo as sementes de sorgo com o fungo foram diariamente agitados para permitir uma uniforme colonização do fungo nas sementes. Após dez dias foi observada esporulação abundante do fungo estando em condições apropriadas para fazer a inoculação no campo.

3.2. Métodos

3.2.1. Execução experimental

Os experimentos do Grupo A correspondentes a CEX-1, CEX-2, CEX-3 e parte do CEX-4, no Local 1, foram instalados em 01 de dezembro de 1992. Os experimentos 23 a 27, correspondentes a esta última população, foram instalados em 07 de janeiro de 1993. Foram colhidos de maio a junho de 1993. No Local 2 os experimentos foram instalados nos dias 28 e 29 de outubro de 1992; a colheita foi em abril de 1993. Os lotes de recombinação foram plantados em julho de 1993 e colhidos em dezembro de 1993. O experimento do Grupo B no Local 3 foi instalado nos dias 11 e 12 de janeiro de 1994; foram depositadas duas sementes por cova e o desbaste não foi feito porque algumas plantas morreram 14 dias após a semeadura, possivelmente pelos efeitos tóxicos do herbicida aplicado. Procurou-se manter um estande de 20 plantas por parcela. Durante o enchimento de grãos houve necessidade de irrigações periódicas. O experimento foi colhido em junho de 1994.

Em todos os experimentos foram utilizadas parcelas de 4m de comprimento, 0,90m entre fileiras, 20 plantas/parcela. As práticas de cultivo foram as recomendadas para cada local de avaliação.

Nos experimentos do Grupo A, as progênies de cada uma das populações foram agrupadas constituindo grupos de experimentos. Os tratamentos foram distribuídos em blocos casualizados, com duas repetições no Local 1 e três repetições no Local 2. As testemunhas utilizadas nos experimentos foram híbridos comerciais plantados intercaladamente a cada dez fileiras de progênies de meios irmãos, sendo duas no Local 1 (FT-9034 e XL-370) e uma no Local 2 (Germinal 85). No experimento do Grupo B foi utilizado delineamento de blocos casualizados arranjados em parcelas subdivididas, com 15 repetições, as parcelas foram constituídas pelas populações e as subparcelas pelos ciclos de seleção. Devido aos problemas de estande, duas repetições foram eliminadas e os dados foram tomados nas 13 restantes. Para diminuir o efeito de uma parcela sobre outras pelo fungo *E. turcicum* foram plantadas duas fileiras do híbrido XL-678 entre as populações e quatro fileiras entre blocos com os híbridos XL-678 e Cargill 701.

3.2.2. Inoculação do fungo *Exserohilum turcicum*

O experimento do Grupo B foi inoculado com o fungo *E. turcicum*. Cada uma das plantas dos diferentes ciclos estudados foram inoculadas com duas sementes de sorgo contendo inóculo previamente obtido, descrito no item (3.1.3.). As sementes foram depositadas no cartucho das plantas de preferência durante a tarde, tratou-se de fazer as inoculações após a ocorrência de chuva, mas quando isto não ocorreu, aplicou-se água de torneira com ajuda de uma piceta. Foram feitas três inoculações em 1; 5 e 15 de fevereiro de 1994 no estágio de crescimento de cinco, seis e oito folhas verdadeiras, respectivamente.

3.2.3. Avaliação de doenças e caracteres agrônomicos

A avaliação de sintomas por *E. turcicum* nos experimentos do Grupo A, foi feita com base na avaliação visual da porcentagem média da área foliar infectada pelo fungo, onde 0% de sintoma correspondeu a planta sem doença ou traços do sintoma e 100% a plantas totalmente infectadas pelo fungo. Foram avaliadas cinco plantas por progênie no Local 1 e dez plantas no Local 2. A avaliação no Local 1 foi feita no estágio de grão pastoso (primeira data de plantio) e no estágio de florescimento e polinização (segunda data de plantio). No Local 2 a avaliação foi feita no estágio de grão leitoso. No Local 3 foi avaliada a porcentagem de plantas infectadas pelo fungo por parcela; a avaliação foi feita no estágio de grão leitoso. Neste local, em condições de infecção natural, foram ainda avaliados os seguintes patógenos: vírus da risca (MRFV), vírus do mosqueado clorótico do milho (MCMV), enfezamento e *P. polysora*. Os sintomas do vírus da risca, vírus do mosqueado clorótico e enfezamento foram avaliados com base na porcentagem de plantas com sintomas destas doenças; as duas doenças ocasionadas por vírus foram avaliadas no estágio de grão leitoso e o enfezamento foi avaliado no estágio de grão pastoso. Os sintomas por *P. polysora* foram avaliados no estágio de grão pastoso, com base numa escala sugerida por BALMER³. Foram avaliadas as plantas de cada parcela que não apresentaram sintomas de viroses ou enfezamento, onde foram considerados os seguintes graus:

Grau 1 : Ausência de sintomas ou traços do sintoma do fungo.

Grau 2 : Ausência de sintoma no terço superior, poucas pústulas no terço médio e poucas pústulas esporulando no terço inferior.

³BALMER, E. (Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP, Piracicaba, SP.)- Comunicação pessoal.

Grau 3 : Ausência de sintoma no terço superior, maior número de pústulas esporulando no terço médio e poucas pústulas esporulando no terço inferior.

Grau 4 : Infecção severa do terço superior, queima de algumas folhas do terço médio e queima das folhas do terço inferior.

Grau 5 : Infecção severa do terço superior e queima das folhas dos terços médio e inferior.

Onde grau 1, significa altamente resistente; grau 2, resistente; grau 3, moderadamente resistente; grau 4, suscetível e grau 5, altamente suscetível.

A identificação de *E. turcicum* foi com microscópio composto, os outros patógenos estudados foram identificados através de sintomas característicos da doença.

Os dados de produtividade de grão dos Experimentos Grupo A utilizados para estimar parâmetros neste trabalho, foram obtidas pelo Eng. Agr. Raimundo Nonato Viera Da Cunha, como parte de seu trabalho de dissertação.

No experimento do Grupo B, foram avaliados ainda os seguintes caracteres:

- Florescimento masculino (FM): foi avaliado como o número de dias transcorridos do plantio até a antese de 50% das plantas.
- Altura de planta (AP): foi medida em centímetros da superfície do solo até a base da inserção da última folha, sendo avaliadas, sempre que possível, cinco plantas competitivas que não apresentaram sintomas de doenças viróticas ou enfezamento, no estágio de grão pastoso.
- Altura de espiga (AE): foi medida em centímetros da superfície do solo até a base da primeira espiga.

- Acamamento de raiz (AR): foi avaliado o número de plantas acamadas por parcela, imediatamente antes da colheita, considerando-se aquelas plantas que apresentaram inclinação menor que 45° com relação à superfície do solo.
- Porcentagem de umidade (PU): imediatamente após a colheita, foram tomadas amostras de 100 gramas de grãos, as quais foram colocadas por 12 horas a 30°C em secadora marca Fabbe-Primar; após este tempo as amostras foram pesadas novamente e a umidade foi determinada por diferença entre os dois pesos, e expressa em porcentagem.
- Peso da espigas (PE): após a colheita, no laboratório foram pesadas as espigas de cada tratamento em uma balança eletrônica marca Toledo com sensibilidade para dez gramas.
- Comprimento da espiga (CE): foram avaliadas individualmente todas as espigas de cada uma das parcelas, com ajuda de uma régua graduada em centímetros.
- Diâmetro de espiga (DE): nas mesmas espigas que foram avaliadas para comprimento, também foi medido o diâmetro em uma caixa com régua graduada em centímetros.
- Peso de 300 grãos (PG): foi feito utilizando uma amostra de 10 espigas obtidas ao acaso. De cada uma destas espigas foram tiradas duas a três fileiras de grãos até constituir uma amostra de 300 grãos; as amostras foram secadas em temperatura ambiente, e pesadas na mesma balança utilizada para pesar espigas.
- Peso específico (PV): avaliado na mesma amostra obtida para determinar o peso de 300 grãos (PG); foi pesada uma amostra de 100 ml de grãos.
- Comprimento de grão (CG): avaliado em uma amostra de 20 grãos tirados ao acaso da amostra utilizada para determinar PG; os grãos foram dispostos convenientemente e medidos com ajuda de uma régua graduada em centímetros.

- Espessura de grão (EG): Nos mesmos grãos avaliados para comprimento de grão também foi avaliada a EG, utilizando um aparelho adaptado para este fim. Os grãos foram colocados convenientemente e medidos com régua graduada em centímetros.

3.2.4. Correções e transformações de dados

Nos experimentos do Grupo A foram feitas correções dos totais de peso de espiga por parcela para estande ideal de 20 plantas por parcela, pelo método da covariância sugerido por MIRANDA FILHO citado por VENCOVSKY & BARRIGA (1992), através da seguinte expressão:

$$\hat{Y}_{ij} = Y_{ij} - \hat{b}(X_{ij} - N), \text{ onde:}$$

\hat{Y}_{ij} é o peso de espigas corrigido por estande; Y_{ij} é o peso de espigas observado; \hat{b} é o coeficiente de regressão linear estimado para cada experimento do peso de espigas (Kg/parcela) por seu correspondente estande; X_{ij} é o estande observado e N é o estande ideal.

O experimento do Grupo B não foi corrigido para estande porque a média geral do número de plantas do experimento foi próximo ao estande ideal (19,4). Os dados de peso de espigas foram corrigidos para 14% de umidade.

A porcentagem da área foliar afetada por *E. turcicum* dos experimentos do Grupo A; a porcentagem de plantas com sintoma do MRFV, do MCMV, de enfezamento, de *E. turcicum*, e a severidade da doença por *P. sorghi* do experimento do Grupo B foram transformadas em arco seno \sqrt{x} , segundo SNEDECOR & COCHRAN (1973).

3.2.5. Análise da variância

3.2.5.1 Análise da variância individual por local

As análises da variância individuais dos dados da porcentagem de doença por *E. turcicum* dos experimentos do Grupo A, foram realizadas segundo o esquema de blocos casualizados, através do seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijn} = \mu + p_i + b_j + e_{ij} + d_{ijn}$$

Onde Y_{ijn} é a observação feita no indivíduo n , na progênie i , no bloco j ; μ é a média geral; p_i é o efeito da progênie i ($i = 1, 2 \dots I$); b_j é o efeito do bloco j ($j = 1, 2 \dots J$); e_{ij} é o efeito do erro experimental associado à progênie i , no bloco j , onde $e_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$ e d_{ijn} é o efeito do indivíduo n , na progênie i , no bloco j .

O esquema utilizado para a análise da variância foi:

FV	GL	QM	E (QM)
Blocos	$r-1$	Q1	-.-
Progênies	$f-1$	Q2	$(1/\bar{n})\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Erro	$(r-1)(f-1)$	Q3	$(1/\bar{n})\sigma_d^2 + \sigma_e^2$
Dentro	$rf(n-1)$	Q4	σ_d^2

De acordo com o esquema de análise da variância σ_p^2 é a variância entre progênies; σ_e^2 é a variância do erro entre parcelas; σ_d^2 é a variância fenotípica média dentro de progênies. A estimativa de σ_d^2 foi obtida separadamente da análise da variância pela média ponderada dos quadrados médios dentro de parcelas; a ponderação foi feita pelo número de graus de liberdade de cada um dos quadrados médios por população e local e \bar{n} é a média harmônica do número de plantas por progênie.

Os dados de produção de grãos dos experimentos do Grupo A foram analisados com um modelo semelhante ao anterior, com exceção da fonte de variação dentro da parcela.

3.2.5.2. Análise da variância agrupada por local

As análises da variância da porcentagem de área foliar afetada por *E. turcicum* dos experimentos individuais, foram agrupadas de acordo com o tipo de endosperma (dente e flint) constituindo, desse modo, grupos de experimentos para cada população. O modelo matemático adotado para as análises desses dados foi:

$$Y_{ijkn} = \mu + \rho_{i(k)} + v_k + b_j(k) + \varepsilon_{ijk} + d_{ijkn}$$

Onde Y_{ijkn} é a observação feita no indivíduo n , na progênie i , no bloco j , no experimento k ; μ é a média geral; $\rho_{i(k)}$ é o efeito da progênie i , dentro do experimento k ($i = 1, 2 \dots I$); v_k é o efeito do experimento k ($k = 1, 2 \dots K$); $b_j(k)$ é o efeito do bloco j dentro do experimento k ($j = 1, 2 \dots J$); ε_{ijk} é o erro experimental associado à progênie i , no bloco j , do experimento k , onde $\varepsilon_{ijk} \cap N(0, \sigma_\varepsilon^2)$ e d_{ijkn} é o efeito do indivíduo n , na progênie i , no bloco j , no experimento k . O efeito de experimentos foi desdobrado em Dente, Flint e Dente vs Flint, e o efeito de progênies dentro de experimentos foi desdobrado em diferente número de experimentos para cada CEX. Neste modelo os efeitos de blocos, progênies e experimentos foram considerados aleatórios.

O esquema de análise da variância para este modelo foi:

FV	GL	QM	E(QM)	F
Blocos/Experimentos	$e(r-1)$	Q1	-	Q1/Q4
Experimentos	$(e-1)$	Q2	-	Q2/Q3
Progênies/Experimentos	$\sum_k e_k (f_i - 1)$	Q3	$(1/\bar{n})\sigma_d^2 + \sigma^2 + r\sigma_p^2$	Q3/Q4
Erro médio	$\sum g \ell_i$	Q4	$(1/\bar{n})\sigma_d^2 + \sigma^2$	
Dentro de progênies	$\sum g \ell_p$	Q5	σ_d^2	

De acordo com o esquema de análise da variância σ_p^2 é a variância de progênies dentro de experimentos; $\sum g \ell_i$ é a somatória do número de graus de

liberdade do erro das análises da variância individuais; $\sum g^{\ell}_p$ é o número de graus de liberdade dentro das parcelas.

O esquema da análise da variância agrupada por local para os dados da produtividade de grãos foi:

FV	GL	QM	E(QM)	F
Blocos/Experimentos	$e(r-1)$	Q1	--	Q1/Q4
Experimentos	$(e-1)$	Q2	--	Q2/Q3
Progênes/Experimentos	$\sum_k e_k(f_i - 1)$	Q3	$\sigma^2 + r\sigma_p^2$	Q3/Q4
Erro médio	$\sum g^{\ell}_i$	Q4	σ^2	

3.2.5.3 Análise da variância conjunta reunindo locais

Os dados das avaliações da porcentagem de sintoma por *E. turcicum* e de produtividade de grãos, obtidos em locais individuais, foram analisados conjuntamente, adotando-se o seguinte modelo para as análises estatísticas do CEX-1, CEX-2 e CEX-4:

$$Y_{ijk\psi w} = \mu + p_{i(kw)} + b_{j(k\psi w)} + v_{k(w)} + l_{\psi} + t_w + (lt)_{\psi w} + (pl)_{i\psi(kw)} + (vl)_{k\psi(w)} + \epsilon_{ijk\psi w}$$

$Y_{ijk\psi w}$ é a observação feita na progênie i , no bloco j , no experimento k , no local ψ , no tipo w ; μ é a média geral; $p_{i(kw)}$ é o efeito da progênie i dentro do experimento k , e dentro do tipo w ($i = 1, 2 \dots I$); $b_{j(k\psi w)}$ é o efeito do bloco j , dentro do experimento k , dentro do local ψ e dentro do tipo w ($j = 1, 2 \dots J$); $v_{k(w)}$ é o efeito do experimento k dentro de tipo w ($k = 1, 2 \dots K$); l_{ψ} é o efeito do local ψ ($\psi = 1, 2 \dots \psi$); t_w é o efeito de tipo de endosperma de grão w ($w = 1, 2 \dots W$); $(lt)_{\psi w}$ é o efeito da interação do local ψ por tipo w ; $(pl)_{i\psi(kw)}$ é o efeito da interação da progênie por local dentro de experimento k , dentro de tipo w ; $(vl)_{k\psi(w)}$ é a interação do experimento k por local ψ dentro de tipo w ; $\epsilon_{ijk\psi w}$ é o erro

experimental associado a progênie i , no bloco j , do experimento k , do tipo w no local s , onde $\varepsilon_{ijksw} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$.

O efeito do experimento dentro de tipo, experimento por local dentro de tipo, progênie dentro de experimento dentro de tipo; e os efeitos da interação progênie por locais dentro de experimento e dentro de tipo, foram desdobrados em dente e flint. Neste modelo os efeitos de experimentos, repetições e de progênies foram considerados aleatórios e fixos os efeitos de tipos e locais.

O esquema da análise da variância foi:

FV	GL	QM	E(QM)	F
Blocos/Exp./T/L	$\Sigma g \ell_b$	Q1	--	Q1/Q9
Locais (L)	$s-1$	Q2	--	Q2/Q6
Tipos (T)	$y-1$	Q3	--	Q3/Q5
T x L	$(y-1)(s-1)$	Q4	--	Q4/Q6
Exp./T	$\sum_w y_w (e_k - 1)$	Q5	--	Q5/Q7
Exp. x L/T	$\sum_w y_w (e_k - 1)(s-1)$	Q6	--	Q6/Q8
Progênies/Exp./T	$\sum_{w,k} \sum_{i,w} y_w e_k (f_i - 1)$	Q7	$\sigma^2 + r_1 a \sigma_p^2$	Q7/Q9
Progênies x L/Exp./T	$\sum_{w,k} \sum_{i,w} y_w e_k (f_i - 1)(s-1)$	Q8	$\sigma^2 + r_2 \left(\frac{\ell}{\ell-1}\right) \sigma_{PL}^2$	Q8/Q9
Erro médio	$\Sigma g \ell_s$	Q9	σ^2	

Conforme o esquema de análise da variância σ_p^2 é a variância entre progênies; σ_{PL}^2 é a variância da interação de progênies por locais; $\Sigma g \ell_b$ é a somatória do número de graus de liberdade de blocos das análises da variância

agrupado por local; $\sum g \ell_s$ é a somatória do número de graus de liberdade do erro das análises da variância agrupado por local.

No modelo matemático do CEX-3, pela natureza genética do material experimental não foi considerado o efeito de tipos de endosperma, portanto o modelo ficou:

$$Y_{ijk\ell} = \mu + p_{i(k)} + b_{j(k\ell)} + v_k + l_\ell + (pl)_{i\ell(k)} + (vl)_{k\ell} + \varepsilon_{ijk\ell}$$

$Y_{ijk\ell}$ é a observação feita na progênie i , no bloco j , no experimento k , no local ℓ ; μ é a média geral; $p_{i(k)}$ é o efeito da progênie i , dentro do experimento k ($i = 1, 2 \dots I$); $b_{j(k\ell)}$ é o efeito do bloco j , dentro do experimento k , dentro do local ℓ ($j = 1, 2 \dots J$); v_k é o efeito do experimento k ($k = 1, 2 \dots K$); l_ℓ é o efeito do local ℓ ($\ell = 1, 2 \dots \ell$); $(pl)_{i\ell(k)}$ é o efeito da interação de progênie i por local ℓ dentro de experimento k ; $(vl)_{k\ell}$ é o efeito da interação do experimento k por local ℓ ; $\varepsilon_{ijk\ell}$ é o erro experimental associado à progênie i , no bloco j , do experimento k , no local ℓ , onde $\varepsilon_{ijk\ell} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$.

O esquema da análise da variância foi:

FV	GL	QM	E (QM)	F
Blocos/E/Locais	$\sum g \ell_b$	Q1	--	Q1/Q7
Locais (L)	$s - 1$	Q2	--	Q2/Q4
Experimentos (E)	$e - 1$	Q3	--	Q3/Q5
E x L	$(e-1)(s-1)$	Q4	--	Q4/Q6
Progênies/E	$\sum_k e_k (f_i - 1)$	Q5	$\sigma^2 + r_1 a \sigma_p^2$	Q5/Q7
Progênies x L/E	$\sum_k e_k (f_i - 1)(s-1)$	Q6	$\sigma^2 + r_2 \left(\frac{\ell}{\ell-1}\right) \sigma_{PL}^2$	Q6/Q7
Erro médio	$\sum g \ell_s$	Q7	σ^2	

3.2.5.4. Análise da variância de um ciclo de seleção divergente

Os dados da porcentagem de sintoma por *E. turcicum* da avaliação de um ciclo de seleção divergente, assim como para as outras doenças estudadas, produtividade de grãos e seus componentes e caracteres agronômicos, foram analisados segundo o seguinte modelo matemático:

$$Y_{juz} = \mu + b_j + g_u + e_{ju} + c_{z(u)} + \epsilon_{juz}$$

Y_{juz} é a observação feita no ciclo de seleção z , na população u , no bloco j ; μ é a média geral; b_j é o efeito do bloco j ($j = 1, 2 \dots J$); g_u é o efeito da população u ($u = 1, 2 \dots U$); e_{ju} é o efeito do erro associado à parcelas, onde $e_{ju} \cap N(0, \sigma_e^2)$; $c_{z(u)}$ é o efeito do ciclo z dentro da população u ; ϵ_{juz} é o efeito do erro associado às subparcelas, onde $\epsilon_{juz} \cap N(0, \sigma_\epsilon^2)$. O efeito de ciclos dentro de populações, foi decomposto em ciclos dentro de cada um dos CEX. Neste modelo foram considerados fixos os efeitos de ciclos e populações e aleatório o efeito de blocos.

O esquema da análise da variância para este modelo foi:

FV	GL	QM	F
Blocos	$(r-1)$	Q1	Q1/Q3
Populações	$(G-1)$	Q2	Q2/Q3
Erro (a)	$(r-1)(G-1)$	Q3	
Ciclos/Populações	$\sum_{\mu,z} G_\mu(C-1)$	Q4	Q4/Q5
Erro (b)	$\sum_{\mu,z} G_\mu(C-1)(r-1)$	Q5	

3.2.6. Análise da covariância

Foram feitas análises da covariância entre os caracteres produtividade de grãos, expresso em Kg/parcela (caráter x) e a porcentagem de doença por *E. turcicum*, expresso como a porcentagem média por parcela (caráter y); para fins de processamento foi considerada a variável $z = x + y$.

A soma de produtos (SP_{xy}) das correspondentes fontes de variação das análises da covariância foram obtidas, segundo KEMPTHORNE (1966) por meio da seguinte expressão:

$$SP_{xy} = (1/2) (SQ_z - SQ_x - SQ_y)$$

SP_{xy} significa a soma dos produtos dos dois caracteres avaliados; SQ_z é a soma de quadrados do caráter z; SQ_x é a soma de quadrados do caráter x e SQ_y é a soma de quadrados do caráter y.

Os produtos médios (PM) para cada uma das fontes de variação das correspondentes análises da covariância foram obtidos dividindo-se a soma de produtos (SP_{xy}) pelos graus de liberdade (GL) da respectiva fonte de variação.

Para cada análise da covariância foram obtidas as esperanças dos produtos médios, sendo utilizados para obter estimativas de covariâncias e correlações genéticas e fenotípicas.

De forma semelhante às análises da variância, foram feitas análises da covariância agrupada para locais individuais assim como também análises da covariância agrupada por locais nas populações estudadas.

3.2.6.1. Análise da covariância individual por local

A análise da covariância para os caracteres porcentagem de doença por *E. turcicum* e produtividade de grãos dos experimentos individuais foi realizada de acordo com o seguinte esquema:

FV	GL	PM	E(PM)
Blocos	$r-1$	PM_b	--
Progênes	$f-1$	PM_p	$Cov_e + r Cov_p$
Erro	$(r-1)(f-1)$	PM_e	Cov_e

Sendo Cov_p a covariância entre progênes e Cov_e a covariância do erro.

3.2.6.2. Análise da covariância agrupada por local

Nas análises da covariância agrupada por local para os caracteres estudados; a fonte de variação experimentos foi descomposta em Dente, Flint e Dente vs. Flint, a fonte de variação progênes/experimento foi decomposta em diferentes números de experimentos para cada um dos CEX. A soma de produtos para blocos/experimentos e a soma de produtos do erro médio foram obtidas das análises de covariância individuais, apresentados no item (3.2.6.1.).

O esquema para esta análise, segundo GERALDI et al. (1978), foi:

FV	GL	PM	E(PM)
Blocos/Experimentos	$e(r-1)$	PM_B	--
Experimentos	$(e-1)$	PM_E	--
Progênes/Experimentos	$\sum_k e_k (f_i - 1)$	PM_P	$Cov_d + r Cov + nr Cov_p$
Erro médio	$\sum g \ell_i$	PM_ξ	$Cov_d + r Cov$

Sendo $\sum g \ell_i$ a somatória do número de graus de liberdade do erro das análises da covariância individuais.

3.2.6.3. Análise da covariância conjunta reunindo locais

Na análise da covariância conjunta reunindo locais para os caracteres estudados em CEX-1, CEX-2 e CEX-4, as fontes de variação foram as mesmas das análises da variância, item (3.2.5.3.). A seguir são apresentadas as fontes de variação e as esperanças dos produtos médios utilizados para estimar os correspondentes parâmetros genéticos e fenotípicos.

FV	GL	PM	E(PM)
Locais	s-1	PM _L	.-
Progênes/Exp./T	$\sum_w \sum_{k,w} y_w e_k (f_i - 1)$	PM _P	Cov + r ₁ a Cov _P
Progênes x locais/ Exp./T	$\sum_w \sum_{k,w} y_w e_k (f_i - 1)(s - 1)$	PM _{PL}	Cov + r ₂ $(\frac{\ell}{\ell - 1})$ Cov _{PL}
Erro médio	$\sum g \ell_s$	PM _E	Cov

Sendo Cov_{PL} a covariância da interação progênes por locais; e $\sum g \ell_s$ a somatória do número de graus de liberdade do erro das análises da covariância conjunta por local.

A análise da covariância conjunta reunindo locais para CEX-3, foi feita segundo o seguinte esquema:

FV	GL	PM	E(PM)
Locais	s-1	PM _L	.-
Progênes/Experimentos	$\sum_k e_k (f_i - 1)$	PM _P	Cov + r ₁ aCov _P
Progênes x locais/ Experimentos	$\sum_k e_k (f_i - 1)(s - 1)$	PM _{PL}	Cov + r ₂ $(\frac{\ell}{\ell - 1})$ Cov _{PL}
Erro médio	$\sum g \ell_s$	PM _E	Cov

3.2.7. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos dos dados da porcentagem de sintoma por *E. turcicum* e produtividade de grãos foram obtidas com base nas respectivas análises da variância e covariância. As estimativas destes parâmetros da resistência a *E. turcicum* foram feitas com dados não transformados.

3.2.7.1. Estimação de variâncias genéticas e parâmetros relacionados

a. Estimação de variâncias genéticas e parâmetros relacionados para um local

Com base nos componentes de variação fenotípica entre progênies de meios irmãos do item (3.2.5.2) foram estimados os seguintes parâmetros:

Variância genética entre progênies
$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{Q3 - Q4}{r}$$

Variância genética aditiva (COCKERHAM, 1963)
$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2$$

Coefficientes de herdabilidade, coeficiente de variação genética e índice de variação genética (VENCOVSKY, 1987)

Coefficiente de herdabilidade entre plantas individuais
$$\hat{h}_p^2 = \frac{4\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}^2 + \hat{\sigma}_p^2}$$

Coefficiente de herdabilidade entre plantas dentro de progenies
$$\hat{h}_d^2 = \frac{3\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_d^2}$$

Coefficiente de herdabilidade com base nas médias de progênies
$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\frac{Q3}{r}}$$

Coefficiente de variação genética $CV_g = \frac{\hat{\sigma}_p}{\bar{x}} \cdot 100$

Índice de variação genética $\theta = \frac{CV_g}{CV_e}$

Erro associado à variância entre progênies (VELLO & VENCOSKY, 1974)

$$\delta(\sigma_p^2) = \sqrt{\frac{2}{\bar{n}^2 r^2} \left(\frac{Q^2_3}{g_3 + 2} + \frac{Q^2_4}{g_4 + 2} \right)}$$

Sendo:

- $\hat{\sigma}_d^2$: estimativa da variância dentro da parcela,
- $\hat{\sigma}^2$: estimativa da variância do erro,
- $\hat{\sigma}_p$: desvio padrão obtido com base nas médias de progênies das análises da variância agrupada por local,
- Q3 : quadrado médio de progênies/experimentos,
- Q4 : quadrado médio do erro médio,
- r : número de repetições de experimentos por local,
- \bar{n} : número médio de plantas por parcela,
- \bar{x} : média por parcela da porcentagem de doença por *E. turcicum*,
- g₃ : graus de liberdade de progênies/experimento,
- g₄ : graus de liberdade do erro médio,
- CV_e : coeficiente de variação experimental.

b. Estimação de variâncias genéticas e parâmetros relacionados para dois locais

A variância genética e parâmetros relacionados para o CEX-1, CEX-2 e CEX-4 estimados nos dois locais com base nos componentes de variação fenotípica do item (3.2.5.3.), foram:

Variância genética entre progênies $\hat{\sigma}_p^2 = \frac{Q7 - Q9}{r_1 a}$

Variância da interação progênes x locais

$$\hat{\sigma}_{PL}^2 = \frac{Q8 - Q9}{r_2 \left(\frac{\ell}{\ell - 1} \right)}$$

Variância fenotípica

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{Q7}{r_1 a}$$

Coefficiente de herdabilidade com base nas médias de progênes

$$\hat{h}_m^2(1,2) = \frac{\hat{\sigma}_P^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

Sendo:

Q7 : quadrado médio de progênes/experimentos/tipos,

Q8 : quadrado médio de progênes x locais/experimentos/tipos,

Q9 : quadrado médio do erro médio,

Os valores r_1 e r_2 foram obtidos segundo COCHRAN & COX (1957):

r_1 : número de repetições, estimado por $\frac{\sum r_i^2}{\sum r}$, r é o número de repetições das

análises da variância individual por local,

r_2 : número de repetições, estimado por $\frac{1}{p} \sum (r_i - r_1)$, p é o número de

experimentos nos dois locais, r_i é o número de repetições dos experimentos nos dois locais; e r_1 tem o mesmo significado que no caso anterior,

a : número de locais de avaliação,

Para o CEX-3 foram utilizadas expressões semelhantes às antes referidas, segundo os correspondentes componentes de variação fenotípica do CEX-3.

O coeficiente de variação genética, índice de variação genética e as estimativas do erro associado à variância entre progênes para os dois locais foram obtidos com expressões semelhantes às utilizadas para locais individuais.

3.2.7.2. Estimação de covariâncias, correlações e respostas correlacionadas

As estimativas das covariâncias e correlações genéticas e fenotípicas, e das respostas correlacionadas entre a porcentagem de doença por *E. turcicum* (y) e produção de grãos (x), foram obtidas com base nos componentes de variação fenotípica das análises da variância e covariância, respectivos. Considerando-se que é possível praticar seleção antes do florescimento para esta doença, as respostas correlacionadas foram estimadas considerando seleção sobre ambos os sexos.

a. Estimação de covariâncias, correlações e respostas correlacionadas para um local

Estes parâmetros foram estimados segundo o item (3.2.6.2) através das seguintes expressões:

Covariância genética entre progênes
$$\text{C}\hat{\text{O}}\text{v}_{\text{p}}(x,y) = \frac{\text{PM}_{\text{p}} - \text{PM}_{\text{g}}}{nr}$$

Covariância genética aditiva
$$\text{C}\hat{\text{O}}\text{v}_{\text{A}(xy)} = 4 \text{C}\hat{\text{O}}\text{v}_{\text{p}(x,y)}$$

Correlação genética aditiva (FALCONER, 1989)
$$\hat{r}_{\text{A}(x,y)} = \frac{\text{C}\hat{\text{O}}\text{v}_{\text{A}(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{\text{A}(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{\text{A}(y)}^2}}$$

A correlação fenotípica entre médias de progênes e a resposta correlacionada na seleção (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992)

Correlação fenotípica entre médias de progênes
$$\hat{r}_{\text{F}} = \frac{\frac{1}{m} \text{C}\hat{\text{O}}\text{v}_{\text{P}(x,y)}}{\sqrt{\frac{Q^3_{(x)}}{m^2} \cdot \frac{Q^3_{(y)}}{r}}}$$

Resposta correlacionada
$$R\hat{c}(x,y) = k_e \frac{(1/4)C\hat{ov}_{A(x,y)}}{\hat{\sigma}_{\bar{F}(y)}} + k_d \frac{(3/4)C\hat{ov}_{A(x,y)}}{\hat{\sigma}_{d(y)}}$$

Sendo:

$\hat{\sigma}_{A(x)}^2$: Variância aditiva estimada para o caráter produtividade de grãos (x),

$\hat{\sigma}_{A(y)}^2$: Variância aditiva estimada para o caráter porcentagem de doença (y),

$\hat{\sigma}_{\bar{F}(y)}$: desvio padrão fenotípico médio estimado para o caráter (y),

$\hat{\sigma}_{d(y)}$: desvio padrão dos quadrados médios dentro de parcelas estimado para o caráter (y),

PM_p : produto médio de progênies/experimentos,

PM_e : produto médio do erro médio,

$Q^3(x)$: quadrado médio de progênies do caráter (x),

$Q^3(y)$: quadrado médio de progênies do caráter (y),

r : número de repetições por experimento,

n : número de plantas por parcela,

k_e , e k_d : intensidades de seleção entre e dentro de progênies, respectivamente.

b. Estimação de covariâncias, correlações e respostas correlacionadas para dois locais

Estes parâmetros foram estimados segundo item (3.2.6.3) através das seguintes expressões:

Covariância genética entre progênies dos caracteres (x,y)
$$C\hat{ov}_{P(x,y)} = \frac{PM_p - PM_e}{r_1 a}$$

Covariância genética aditiva (x,y)
$$C\hat{ov}_{A(x,y)} = 4 C\hat{ov}_{P(x,y)}$$

Covariância fenotípica (x,y)
$$C\hat{ov}_{F(x,y)} = \frac{PM_p}{r_1 a}$$

Correlação genética aditiva (x,y)
$$\hat{r}_{A(x,y)} = \frac{C\hat{ov}_{A(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{A(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{A(y)}^2}}$$

Correlação fenotípica (x,y)

$$\hat{r}_F = \frac{C\hat{v}_{F(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{F(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{F(y)}^2}}$$

Resposta correlacionada entre os caracteres (x,y)

$$R\hat{c}_{(x,y)1,2} = k_e \frac{C\hat{v}_{P(x,y)}}{\sqrt{Q7}} \frac{1}{\sqrt{r_{1a}}}$$

Sendo:

PM_P : produto médio de progênies/experimentos/tipos,

PM_E : produto do erro médio;

As estimativas da variância aditiva e variância fenotípica para os caracteres x e y, foram obtidas com base nos dois locais.

3.2.7.3. Progresso genético na seleção

A mancha das folhas causada pelo fungo *E. turcicum* é uma doença que sob condições ambientais favoráveis, pode ocorrer antes do florescimento, portanto é perfeitamente possível praticar seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos em ambos os sexos. Nas estimativas de ganho na seleção por local será considerado intensidade de seleção de 20% entre progênies e 10% dentro de progênies. Nas estimativas para os dois locais só será considerado seleção entre progênies.

O progresso genético na seleção em locais individuais foi obtido segundo VENCOVSKY & BARRIGA (1992)

$$\hat{G}_s = k_e \frac{(1/4)\hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_{F(y)}^2}} + k_d \frac{(3/4)\hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}}$$

Progresso genético na seleção em dois locais

$$\hat{G}_s(1,2) = k_e \frac{\hat{\sigma}_P^2}{\sqrt{Q7}} \frac{1}{\sqrt{r_{1a}}}$$

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise da variância

A menor média de dois locais da porcentagem de sintoma por *E. turcicum* foi apresentada pelo CEX-4 (2,70%) e a maior média pelo CEX-3 (3,70%) (Tabela 3). Na Tabela 4 observa-se que a porcentagem média de sintoma por *E. turcicum* nos experimentos foi baixa variando de 1,58% a 6,13%.

Nas quatro populações, os experimentos do Local 1 (Ponta Grossa-PR), apresentaram maior porcentagem média de doença que os experimentos do Local 2 (Rio Verde-GO), exceto nos experimentos 22 a 27 do CEX-4 (Tabela 4); provavelmente porque estes experimentos foram plantados em data posterior e em outro lote de terreno onde foi observado menor desenvolvimento da doença. As diferenças entre locais na severidade da doença podem ter sido ocasionadas além das características populacionais do fungo nos ambientes de avaliação, pelas diferenças de clima como mostra-se na Tabela 2. Vários autores observaram que o desenvolvimento da mancha da folha por *E. turcicum* aumenta em condições de elevada umidade e temperatura moderada na faixa de 18°C a 27°C (ULLSTRUP, 1970; HOOKER & PERKINS, 1980; BALMER & PEREIRA, 1987). No Local 1, a alta infecção do fungo *Phaeosphaeria sp.*, não permitiu obter uma boa expressão dos sintomas do fungo *E. turcicum*.

Os coeficientes de variação (CVs) da porcentagem de sintoma por *E. turcicum* transformados em arco seno \sqrt{x} das análises da variância agrupada

por local variaram de 21,4% a 44,0% (Tabelas 5 a 8), e para as análises da variância conjunta reunindo locais, variaram de 22,5% a 43,7% (Tabelas 21 a 24). Os altos CVs obtidos podem ser devido a forma de avaliação praticada; a avaliação visual sem o emprego de escala por tratar-se de uma apreciação subjetiva parece estar sujeita a maior erro que quando se utiliza escala diagramática, em presença de baixo nível de doença. Avaliação visual é considerada como a forma universal de avaliação de doenças, assim LEATH & PEDERSEN (1986) avaliaram visualmente sintomas de *E. turcicum* para determinar níveis de resistência fornecidos pelos genes Ht2 e Ht3 em linhagens de milho, foi encontrado que essa forma de avaliação foi efetiva para selecionar materiais resistentes a esta doença. Resultados similares foram obtidos por NYHUS et al. (1989) avaliando em forma visual o progresso da seleção recorrente com linhagens S₁ para resistência a *Diplodia maydis*, infectando colmos do milho.

Nas análises da variância agrupada por local e conjunta reunindo locais foram detectadas diferenças significativas para blocos/experimentos (Tabelas 5 a 8 e 21 a 24), mostrando que a infecção ocasionada por *E. turcicum* foi desuniforme entre blocos. Mesmo tratando-se de uma infecção natural, a alta variabilidade patogênica apresentada por este fungo (JENKINS & ROBERT, 1952), além das variações físicas do solo e outros fatores que afetam a uniformidade das lavouras, pode ter influenciado na obtenção dos resultados. BLEICHER (1988) encontrou diferenças significativas de blocos, avaliando a porcentagem média de folhas infectadas e a porcentagem média da área foliar infectada por *E. turcicum* em três ciclos de seleção recorrente no cultivar "Pirapoca Amarela". FROSI (1991) encontrou diferentes níveis de significância para blocos na avaliação da porcentagem de tecido foliar infectado por *E. turcicum*, em experimentos contendo os mesmos tratamentos porém avaliados em diferentes datas de plantio.

A avaliação de materiais em condições de infecção natural por *E. turcicum* foi realizada por MILES et al. (1980), CEBALLOS et al. (1991), entre outros, mostrando que a eficiência desta forma de infecção é efetiva para discriminar materiais porém, está relacionada com a quantidade de inóculo presente e às condições climáticas favoráveis para o desenvolvimento do fungo.

As análises da variância agrupada por local (Tabelas 5 a 12) mostram que para experimentos foram detectadas diferenças significativas nas quatro populações (CEX). Também foram detectadas diferenças significativas para progênies/experimentos. Estes resultados indicam diferenças na resistência das progênies estudadas, e portanto, que é possível praticar seleção para níveis de resistência a *E. turcicum*, nestas populações. No Local 2, só três experimentos não apresentaram diferenças significativas, e no Local 1, dez experimentos não apresentaram tais diferenças. Este foi um dos critérios pelos quais os dados do Local 1 não foram considerados na seleção divergente praticada nestas populações.

Nas análises da variância conjunta reunindo locais em CEX-1, CEX-2 e CEX-3, foram detectadas diferenças significativas para locais; no CEX-4 não foram observadas tais diferenças (Tabelas 21 a 24). Em CEX-1, CEX-2 e CEX-4, não foram observadas diferenças significativas para tipos de endosperma. Nestas populações foram encontradas diferenças significativas para experimentos/tipos, experimentos x locais/tipos, assim como para o desdobramento destas fontes de variação em tipos de endosperma. No CEX-3 foram encontradas diferenças significativas para a interação de experimentos x locais e diferenças não significativas para experimentos (Tabela 23). Nas quatro populações foram detectadas diferenças significativas de progênies/experimentos e da interação de progênies x locais/experimentos; no CEX-1, CEX-2 e CEX-4 a decomposição destas fontes de variação em tipos de endosperma, com exceção para tipo flint do CEX-4, também

apresentaram diferenças significativas. A significância de progênes/ experimentos mostra a possibilidade de praticar seleção para resistência a *E. turcicum* com base na média de locais. A interação de progênes x locais/experimentos, mostra que as progênes dos experimentos com menor porcentagem do sintoma em um local não foram as mesmas no outro local de avaliação. Este resultado era esperado devido que a avaliação de sintomas por *E. turcicum* ser constituída por graus de pouca amplitude, por outro lado, a alta severidade da doença por *Phaeosphaeria sp*, no Local 1, não permitiu obter uma avaliação com maior precisão.

Nas análises da variância agrupada por local e conjunta reunindo locais nas quatro populações, observa-se que os quadrados médios de progênes apresentaram uma maior magnitude em relação aos quadrados médios do erro médio, indicando a existência de uma expressiva variabilidade para resistência a *E. turcicum* nestas populações. De acordo com esta relação, CEX-4 apresentou maior variabilidade em ambos os locais.

A distribuição de freqüências das médias da porcentagem de doença por *E. turcicum* (Figuras 1 a 4) mostram diferenças entre populações e entre locais. Para CEX-1, CEX-2 e CEX-3, essas foram maiores no Local 1, somente CEX-4 apresentou maior freqüência das médias em Local 2, porque seis experimentos desta população (22 a 27) foram instalados em data posterior; de modo que a avaliação da doença deu-se num estágio anterior em relação aos demais experimentos. No Local 1 observa-se uma maior dispersão das médias, possivelmente pelo maior erro na avaliação de sintomas por *E. turcicum*, como consequência da alta manifestação de sintomas do fungo *Phaeosphaeria sp*. No Local 2, CEX-4 e CEX-3, apresentaram as maiores porcentagens de progênes com maior nível de resistência a *E. turcicum*; em CEX-4, 0,25% de progênes no Local 2 e 2,5% de progênes no Local 1, apresentaram nível de infecção baixo. Sendo que, esta população seria a melhor para

tirar progênies com maior nível de resistência a *E. turcicum* seguido por CEX-3, CEX-2 e finalmente CEX-1. Pelo formato da distribuição de frequências, CEX-4 também poderia ser a melhor população para praticar seleção divergente para esta doença.

4.2. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

4.2.1. Variância genética e fenotípica

As estimativas da variância aditiva; agrupada conjunta por local, apresentadas na Tabela 37 mostram que foi maior para o CEX-3 no Local 1 ($\hat{\sigma}_A^2 = 9,77$), seguido em ordem decrescente por CEX-4 no Local 2 ($\hat{\sigma}_A^2 = 9,14$), CEX-1 no Local 2 ($\hat{\sigma}_A^2 = 6,02$) e finalmente por CEX-2 no Local 1 ($\hat{\sigma}_A^2 = 2,62$). MIRANDA FILHO (1996a) destacou a importância do efeito de locais na expressão dos genes em cruzamentos de germoplasma adaptado com germoplasma exótico. RAGOT et al. (1995) observaram 70 QTLs para produtividade e dez caracteres agronômicos em cinco populações obtidas do cruzamento das linhagens adaptadas Mo17 e B73 com seis materiais exóticos, destes QTLs, 21,4% foram observados nos quatro locais, 34,3% em três locais e 44,3% só em um local. BUBECK et al. (1993) encontraram que os QTLs associados com a resistência a *Cercospora zea-maydis*, foram inconsistentes através de ambientes, devido a uma forte interação do genótipo com ambientes ou com a variação aleatória dentro de um ambiente. As variâncias aditivas estimadas para os dois locais (Tabela 38), apresentaram tendência similar às estimativas para um local, sendo maior para CEX-3 (7,59) e menor para CEX-2 (2,24). Estes resultados mostram que a variância genética aditiva, que determina resistência à mancha da folha pelo fungo *E. turcicum* nas populações exóticas, foi diminuída quando foram cruzadas com a população ESALQ-PB1, possivelmente devido à alteração nas frequências gênicas. FALCONER (1989) e MIRANDA

FILHO (1991) detectaram que os genes contribuem com maior variância genética quando as frequências estão em torno de 0,5; os genes recessivos com baixa frequência, contribuem com pouca variância genética. Outra forma de explicar este resultado poderia ser que a resistência a esta doença, em ambos os germoplasmas (adaptado e exótico), é dada por genes com efeitos diferentes. COX (1995), com base em um modelo simulado encontrou que a seleção fenotípica de genes quantitativos é geralmente ineficiente quando estão presentes genes maiores no genoma da planta, existe a possibilidade de os genes quantitativos serem eliminados da população durante a seleção. JENKINS & ROBERT (1952) e JENKINS et al. (1952), encontraram que a resistência desta doença é determinada por genes quantitativos.

As estimativas da variância fenotípica para locais individuais foram maiores que as estimativas para os dois locais, com variação de 7,84 (CEX-1) para 25,94 (CEX-3) para o Local 1, de 7,83 (CEX-1) para 19,48 (CEX-4) para o Local 2; para os dois locais essas foram de 3,23, 2,30, 1,11 e 1,09, para o CEX-3, CEX-4, CEX-2 e CEX-1, respectivamente; mostrando que a variância fenotípica também foi maior nas populações exóticas. FREYMARK et al. (1994) estimaram variâncias fenotípicas de 1,41 e 3,30 para número de lesões e severidade de doença por *E. turcicum*, respectivamente.

Um fato que deve ser destacado nestes resultados, está relacionado com a confiabilidade das estimativas das variâncias genéticas entre progênies, variâncias aditivas e das variâncias da interação de progênies por locais, julgadas pelos valores do erro padrão (Tabelas 37 e 38). Para os três parâmetros esses valores foram de pequena magnitude, mostrando a alta precisão das estimativas.

A quantidade de variabilidade genética expressa entre progênies, também foi estimada pelo coeficiente de variação genética (CVg), apresentado nas

Tabelas (37 e 38). As maiores estimativas foram obtidas no Local 2, variando de 25,3% para 50,7%, enquanto que no Local 1 variaram de 17,6% para 44,1%. As estimativas para os dois locais foram maiores para o CEX-3, seguido por CEX-4, CEX-2 e CEX-1, com valores de 51,3%, 45,8%, 24,4% e 21,8%, respectivamente. Os índices de variação genética (θ) para um local, apresentaram a mesma tendência que os CVg (Tabelas 37 e 38), com variação de 0,51 a 0,91 no Local 2, e de 0,39 a 0,62 no Local 1. Esses valores para os dois locais foram de 0,74, 0,57, 0,53 e 0,45, para o CEX-3, CEX-1, CEX-4 e CEX-2, respectivamente. VENCOVSKY (1987) considera que uma situação favorável para a seleção de progênies de meios irmãos de milho é atingida para $\theta \geq 1$. Com base nestes dois parâmetros (CVg e θ), pode-se concluir que o CEX-3 apresentou maior variabilidade genética para resistência a *E. turcicum*, seguido pelo CEX-4, julgado pelo (CVg) e finalmente o CEX-1 e CEX-2 de acordo com os dois parâmetros. Os resultados obtidos nesta pesquisa mostram a expressiva quantidade de variabilidade genética para resistência a *E. turcicum*, presente nestas populações (CEX).

4.2.2. Herdabilidade

As estimativas da herdabilidade por local, ao nível de plantas individuais, entre plantas dentro de progênies e entre médias de progênies, variaram de 26,1% para 76,8%, de 26,6% para 88,9% e de 23,3% para 71,3%, respectivamente (Tabela 39), mostrando que a variação pronunciada destes coeficientes, foi devido principalmente ao efeito de locais. A maior herdabilidade entre plantas individuais foi obtida para CEX-1 no Local 2 (76,8%) e a menor para CEX-2 no Local 1 (26,1%); a maior e menor herdabilidade entre plantas dentro de progênies foram obtidas para CEX-1, 88,9% no Local 2 e 26,6% no Local 1,

respectivamente; maior herdabilidade entre médias de progênes foi obtida para CEX-1 no Local 2 (71,3%) e a menor para CEX-2 no Local 1 (23,3%). Os altos valores dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas individuais indicam que a seleção baseada em plantas individuais pode ser uma forma efetiva de melhorar a resistência a *E. turcicum*. As herdabilidades estimadas nos dois locais com base na média de progênes foram muito semelhantes para CEX1, CEX-3 e CEX-4 e um pouco menor para CEX-2 (50,2%), indicando que a resistência desta doença apresenta alta herdabilidade, também mostram a possibilidade de obter progressos substanciais na seleção para resistência a *E. turcicum*. Pode-se portanto inferir que a resistência a esta doença é determinada por poucos genes.

Estas estimativas com base a médias de progênes são comparáveis às encontradas por HUGHES & HOOKER (1971). FREYMARK et al. (1993) e FREYMARK et al. (1994), estimaram herdabilidades com base nas médias de progênes de 69,6% e 62,8%, para número de lesões e severidade de doença por *E. turcicum*, respectivamente. REGITANO NETO (1993) utilizando progênes S₁ e progênes de irmãos germanos estimou coeficientes de herdabilidade no sentido amplo de 82,3% e 93,2%, respectivamente. CEBALLOS et al. (1991) deduziram que a herdabilidade da resistência a *E. turcicum*, poderia ser alta devido aos progressos obtidos em tempo relativamente curto na seleção praticada. HOOKER (1982) considera que a herança da resistência a esta doença frequentemente apresenta alta herdabilidade e portanto pode ser detectada e estabilizada com relativa facilidade através da seleção.

4.2.3. Correlações genéticas e fenotípicas

As correlações genéticas aditivas entre a porcentagem de sintoma por *E. turcicum* e produtividade de grãos, estimadas em locais individuais, foram negativas, exceto para CEX-3 no Local 1 que foi positiva, porém o valor foi muito baixo (0,07), sendo que a maior estimativa foi obtida para CEX-4 no Local 2 (-0,39) (Tabela 40). Para os dois locais esses valores também foram maiores para CEX-4 (-0,35), seguido em ordem decrescente por CEX-1, CEX-3 e CEX-2, com -0,22, -0,21 e -0,09, respectivamente. Estes resultados mostram que é possível selecionar progênies com aceitável produtividade de grãos e com baixo porcentagem de doença por *E. turcicum*. Os valores baixos destas estimativas, possivelmente, podem estar relacionados com a baixa severidade da doença, que são a expressão da resistência dos materiais estudados. FINDLEY & LEFFEL (1962) observaram que uma parcela dos genes que controlam resistência a *E. turcicum*, somente são expressos em alta incidência da doença, outros pelo contrário em baixa incidência da doença e outros ainda podem ser expressos em ambos os níveis de incidência da doença. MILES et al. (1981) estimaram correlação genética de baixa magnitude entre produtividade de grãos e porcentagem de tecido foliar com sintoma por *E. turcicum*, com severidades que variaram de 2,1 a 5,4, com base numa escala de nove graus.

As correlações fenotípicas estimadas por local geralmente foram negativas, só duas estimativas no Local 1 apresentaram valores positivos, porém os valores foram desprezíveis. Esses valores foram maiores no Local 2, variando de -0,17 para -0,29. As correlações fenotípicas para os dois locais também foram negativas, -0,21, -0,13, -0,10 e -0,06, para CEX-4, CEX-1, CEX-3 e CEX-2, respectivamente. Estes resultados pode ser devido, além dos já referidos nas estimativas das correlações genéticas aditivas, à alta severidade da doença causada

por *Phaeosphaeria sp*, observada no Local 1, que não permitiu obter uma nítida manifestação de sintomas por *E. turcicum*.

4.2.4. Progresso na seleção

O progresso genético esperado na seleção para resistência a *E. turcicum* em locais individuais, como era de se esperar foram maiores que os progressos estimados para dois locais (Tabela 41). Os valores destas estimativas em locais individuais, apresentam ampla variação. O maior progresso foi obtido com CEX-1 no Local 2 (195,0%) e o menor com CEX-2 no Local 1 (22,9%). Maiores progressos foram obtidos no Local 2, com valores que variaram de 68,4% a 195,0%; e os menores no Local 1 variando de 22,9% a 138,8%. Estas estimativas mostram que o progresso genético da resistência a esta doença está diretamente relacionado com os valores do coeficiente de herdabilidade e com o local de avaliação. ALLEN et al. (1978) encontraram que as maiores estimativas do coeficiente de herdabilidade são úteis para identificar o ambiente mais apropriado para efetuar seleção.

As estimativas do progresso genético nos dois locais foram menores às obtidas em locais individuais, sendo maiores para CEX-4 (43,2%) seguido por CEX-3 (40,0%), CEX-1 (27,0%) e finalmente CEX-2 (20,9%). Mesmo assim estas estimativas são maiores às encontradas para outros caracteres em milho. SANTOS & MIRANDA FILHO (1992), com progênies de meios irmãos gerados de três populações, estimaram progressos para diferentes caracteres com milho; para produtividade de grãos esses foram de 7,33%, 8,73% e 17,30%; para comprimento de espigas, 5,4%, 4,6% e 6,2% e para número de fileiras de grãos de 8,7%, 8,7% e 6,4%, para as populações ESALQ-PB1, Cravo x ESALQ-PB1 e Entrelaçado x ESALQ-PB1, respectivamente.

4.2.5. Respostas correlacionadas

As respostas correlacionadas esperadas na seleção em termos gerais, foram positivas nas quatro populações estudadas (Tabela 42). Em locais individuais, só para CEX-3 no Local 1 foi estimada resposta correlacionada negativa. As estimativas foram maiores no Local 2 variando de 0,25% a 0,68%. Nos dois locais esses valores foram de 3,43%, 1,88%, 1,83% e 0,60%, para CEX-4, CEX-1, CEX-3 e CEX-2, respectivamente. Estes resultados mostram que mesmo tratando-se de valores de baixa magnitude, já que as estimativas das respostas correlacionadas são função da covariância genética entre os dois caracteres estudados (porcentagem de doença por *E. turcicum* e produtividade de grãos), que a seleção para resistência a *E. turcicum* deve ser um critério considerado na seleção visando melhorar a produtividade de grãos do milho. Possivelmente estas estimativas podem ser maiores em presença de maior severidade de doença por *E. turcicum*.

Estas estimativas também sugerem que índices de seleção deveriam ser utilizados visando melhorar vários caracteres do milho simultaneamente. MILES et al. (1981) e HAARMANN et al. (1993) sugeriram o emprego de tais índices em programas orientados para melhorar a resistência a doenças foliares e doenças do colmo do milho. HALLAUER (1995) considera que a subjetividade da seleção pode ser diminuída com o emprego de índices de seleção para os caracteres de maior importância econômica, permanecendo na forma subjetiva os caracteres de menor importância. Porém ambos os critérios de seleção devem ser utilizados nos programas de melhoramento do milho. VENCOVSKY (1987) também destacou a importância da utilização de tais índices na seleção.

4.3. Seleção divergente para a mancha da folha por *Exserohilum turcicum*

4.3.1. Efeito direto da seleção divergente para *E. turcicum* e indireto por outras doenças

As médias da porcentagem de doença obtidas na seleção divergente para *E. turcicum* da Tabela 43, mostram que a seleção para resistência a esta doença foi aumentada nas quatro subpopulações, em CEX-2, CEX-3 e CEX-4, a seleção foi associada com aumento da resistência ao MCMV; em CEX-1, a resposta foi oposta. Em CEX-3 e CEX-4 a resistência ao MRFV diminuiu. Para *P. polysora* foram obtidas respostas diferentes em CEX-4 a resistência aumentou e no CEX-2 a resistência diminuiu. Para enfezamento a resistência em CEX-4 aumentou, e para CEX-3 diminuiu. A seleção para suscetibilidade permitiu obter subpopulações com maior resistência a *P. polysora*, a enfezamento e menor resistência a MCMV. Para MRFV a resistência foi aumentada em CEX-3 e diminuída em CEX-4. Estes resultados mostram que a seleção divergente foi efetiva para alterar os níveis de resistência para *E. turcicum* das subpopulações geradas, o aumento da resistência a esta doença esteve associado com aumento da resistência ao MCMV, enquanto para as outras doenças as respostas foram inconsistentes.

Os coeficientes de variação do experimento contendo ciclos de seleção foram altos tanto para a avaliação de sintomas por *E. turcicum*, assim como para as outras doenças estudadas (Tabela 46). As condições climáticas desfavoráveis para o desenvolvimento da mancha da folha por *E. turcicum*, pouca precipitação e baixa umidade relativa durante a fase de crescimento da cultura, não permitiram obter um bom desenvolvimento da doença. Para as doenças viróticas e enfezamento, por tratar-se de doenças transmitidas por vetores insetos, nesta pesquisa, foram distribuídos aleatoriamente na área experimental afetando a uniforme infecção das

plantas. NARRO LEÓN (1991) avaliando os efeitos direto e indireto de três ciclos de seleção recorrente para resistência ao vírus do mosqueado clorótico do milho (MCMV), verificou que os CVs foram maiores para as doenças obtidas com infecção natural, em relação à doença obtida com inoculação mecânica do vírus.

As análises da variância apresentados na Tabela (46) mostram que para *E. turcicum*, *P. polysora* e MRFV não foram detectadas diferenças significativas entre populações, somente para MCMV e enfezamento foram encontradas diferenças ao nível de 10% de probabilidade pelo Teste de F. Estes resultados mostram que um ciclo de seleção para *E. turcicum* não alterou o nível geral de resistência dessas doenças nestas populações; a não detecção de diferenças significativas entre populações pode ser explicada pelo fato que estas populações foram melhoradas principalmente para produtividade e para caracteres agronômicos importantes (MIRANDA FILHO, 1992). DAVIS et al. (1990) avaliando o comportamento da seleção efetuada para caracteres relacionados com a espiga e com o grão, dias para florescimento e resistência a *Ustilago maydis* em famílias S₁ obtidas do ciclo 0; 5 e 10 em um composto de milho, encontraram que o nível de resistência à ferrugem por *P. sorghi* diminuiu no décimo ciclo de seleção, concluindo que a diminuição da resistência a esta doença foi devido à seleção dirigida para os outros caracteres.

Foram detectadas diferenças significativas de ciclos/populações para *E. turcicum*, MRFV e MCMV. Um ciclo de seleção divergente para resistência foi eficaz para alterar os níveis de resistência nos ciclos gerados dentro de cada uma das populações. Para *E. turcicum* foram observadas diferenças altamente significativas de ciclos dentro das populações CEX-2, CEX-3 e CEX-4, e diferenças significativas para os ciclos do CEX-1. Estes resultados mostram que a seleção divergente para *E. turcicum* foi consistente nas quatro populações. Para as outras doenças estas diferenças variaram em função da população. CEBALLOS et al. (1991) obtiveram

ganhos significativos na resistência a *E. turcicum*, com quatro ciclos de seleção recorrente em oito populações de milho. Resposta similar à seleção para resistência a *E. turcicum* foi observada para MCMV nas populações CEX-2, CEX-3 e CEX-4, porém as diferenças só foram significativas para CEX-3; mas, a seleção no CEX-1 apresentou menor nível de resistência ao MCMV em relação ao ciclo original. Estes resultados mostram que a seleção para resistência foi eficiente para alterar os níveis de resistência a *E. turcicum*; além disso, foi possível melhorar a resistência ao MCMV, o que pode ser devido à ação de efeitos pleiotrópicos e/ou a ocorrência de genes de resistência ligados. Para MRFV observou-se resposta diferente; a seleção para resistência a *E. turcicum* aumentou o nível de suscetibilidade do MRFV em todas as populações, porém as diferenças só foram significativas para CEX-3 e CEX-4. A seleção para resistência a *E. turcicum* permitiu obter respostas diferentes para *P. polysora*; somente em CEX-4 esta seleção incrementou o nível de resistência a esta doença, nas outras populações a resposta foi oposta. O incremento da resistência a *E. turcicum* e ao MCMV mostra a possibilidade de desenvolver populações de milho com resistência a múltiplas doenças. MILES et al. (1980) encontraram que é possível praticar melhoramento para resistência às doenças por *E. turcicum*, *D. maydis* e *C. graminicola*, devido às correlações genéticas positivas entre estas doenças. SIMCOX et al. (1993) observaram que o satélite do braço curto do cromossomo 6, distal à região organizadora do nucleolo apresenta genes de resistência ao mosaico anão do milho (MDMV), "wheat streak mosaic virus" (WSMV) e o gene *rhm* que determina a resistência à raça 0 do fungo *Bipolaris maydis*. CEBALLOS et al. (1991) constataram que a seleção para resistência a *E. turcicum*, também melhorou a resistência do fungo *Puccinia sorghi*. MILES et al. (1981) observaram que a seleção para resistência ao fungo *E. turcicum*, esteve associada com o incremento da resistência dos fungos *Diplodia maydis* e *C.*

graminicola. NARRO LEÓN (1991) com três ciclos de seleção de famílias S₁ em três populações de milho, encontrou respostas diferentes das populações; no Complexo Peruano III, a resistência ao MCMV esteve associada com aumento da resistência ao MRFV, de *Fusarium sp.* infectando espigas do milho e com maior produtividade de grãos.

4.3.2. Produtividade de grãos e seus componentes

A Tabela 44, relacionada com médias de populações mostram que o CEX-1 apresentou a maior produtividade de grãos (2,26 kg/parcela), seguido por CEX-2, CEX-3 e CEX-4, com 2,02, 1,76 e 1,73 kg/parcela, respectivamente; estes resultados concordam com as predições de médias para produtividade de grãos destas populações (MIRANDA FILHO, 1992; 1996b) resposta similar foi observada para diâmetro de espiga, peso específico e comprimento de grão. As análises da variância referentes a sete caracteres, avaliados em quatro CEX, são apresentadas na Tabela 47; foram encontradas diferenças significativas entre populações para produtividade de grãos e para os componentes avaliados, com exceção de comprimento de espiga e peso de 300 grãos. MICHELINI & HALLAUER (1993) utilizando sete populações exóticas de origem tropical e as linhagens adaptadas BS13 e BS26 encontraram que na maioria dos cruzamentos, a maior produtividade de grãos foi obtida com 50% de germoplasma exótico. As duas linhagens apresentaram a maior heterobeltiose com a população Suwan-1 com valores de 89,6% e 61,2% respectivamente. ALBRECHT & DUDLEY (1987b) encontraram que na população adaptada BSSS o incremento da incorporação de germoplasma exótico proveniente da população "South African Photoperiod Insensitive Composite II" esteve associado com diminuição da produtividade, com valores de 3,31, 3,08, 2,88 e 1,96 t/ha, para 0%, 25%, 50% e 100% de germoplasma exótico; com diferentes populações,

tendências semelhantes foram relatadas por CROSSA & GARDNER (1987), SANTOS & MIRANDA FILHO (1992) e NASS (1992), entre outros. Por outro lado RAGOT et al. (1995), estudaram diferentes caracteres, em cinco populações de milho e encontraram que dos 70 QTLs observados, 17% foram provenientes de germoplasma exótico, demonstrando a importância da incorporação deste tipo de germoplasma em materiais temperados. Foi observado ligação de marcadores com QTLs de germoplasma exótico, o marcador *Got1* esteve ligado a um QTL no braço longo do cromossomo 3, e os marcadores UMC 21 e Hex 2 ligados sobre o braço longo do cromossomo 6, determinando efeitos favoráveis para produtividade de grãos e dias para florescimento masculino.

A população CEX-1, também apresentou as maiores médias de diâmetro de espigas, peso específico de grãos e comprimento de grãos, seguido em ordem decrescente por CEX-2, CEX-3 e CEX-4, como mostra-se na Tabela 44. Resultados similares para o caráter comprimento de espigas foram obtidos por MIRANDA FILHO (1992). Com 50% de germoplasma exótico, SANTOS & MIRANDA FILHO (1992) encontraram respostas diferentes para comprimento de espigas nas populações geradas, sendo maior no cruzamento de Entrelaçado x ESALQ-PB1 e menor para Cravo x ESALQ-PB1. Utilizando progênies S1 e irmãos germanos gerados do cruzamento das populações Entrelaçado 1 e Cravo 4 por ESALQ-PB1, NASS (1992) verificou que, em média, o comprimento e diâmetro de espiga nestas populações foram menores em relação ao parental adaptado (híbrido Cargill-511).

A seleção para resistência a *E. turcicum* nas subpopulações geradas esteve associada com menor produtividade. A menor produtividade esteve associada com menor peso de grãos e com menor comprimento de grão. A seleção para suscetibilidade a esta doença em CEX-2 apresentou maior produtividade.

Foram encontradas diferenças significativas de ciclos/populações para produtividade e comprimento de grãos. A seleção para resistência a *E. turcicum* permitiu obter subpopulações menos produtivas, porém as diferenças só foram significativas para CEX-1 e CEX-2; e com menor comprimento de grão em três populações. ALBRECHT & DUDLEY (1987b) testando diferentes porcentagens de germoplasma exótico, encontraram que o incremento da resistência às doenças foliares, *E. turcicum*, *B. maydis* e *C. graminicola*, esteve associado com uma diminuição na produtividade. Por outro lado, CEBALLOS et al. (1991) constataram que em oito populações de milho o incremento da resistência a *E. turcicum* esteve associado com maior produtividade. Resultados similares foram obtidos por MILES et al. (1981) com a população de milho Lancaster, avaliado para resistência ao fungo *C. graminicola*. Os resultados obtidos para produtividade de grãos, podem ser devido ao fato que as subpopulações resistentes a *E. turcicum* apresentaram geralmente maior suscetibilidade a outras doenças tais como as produzidas por MRFV e *P. polysora*. GAMEZ (1979) estudando a importância econômica do MRFV estimou perdas de 40% a 50% de peso de espigas em variedades centroamericanas, sendo que estas perdas podem ser até de 100% em materiais recentemente introduzidos. RODRIGUEZ-ARDON et al. (1980) estimaram perdas superiores a 45% na produtividade de grãos devido à ferrugem causada por *P. polysora*.

4.3.3. Caracteres agronômicos

As médias dos caracteres agronômicos da Tabela (45) mostram que o CEX-1 apresentou maior número de dias para florescimento masculino, maior altura de planta e espiga, maior porcentagem de acamamento de raiz e maior umidade de grão, seguido por CEX-2, CEX-3 e CEX-4, respectivamente. A seleção

divergente para resistência a *E. turcicum* permitiu alterar o comportamento das subpopulações geradas, aumentou o número de dias para florescimento masculino nas quatro populações, aumentou a umidade de grãos em CEX-3 e CEX-4, diminuiu o acamamento de raiz em CEX-1 e CEX-2; para altura de espiga foram obtidas respostas diferentes, em CEX-2 diminuiu a altura de espiga, e em CEX-3 foi incrementada a altura de espiga. Com a seleção para suscetibilidade foram obtidas subpopulações com menor dias para florescimento masculino, menor altura de espiga, maior acamamento de raiz e menor umidade de grão em CEX-3; em CEX-4, a resposta foi oposta. Os trabalhos que se referem a introgressão de germoplasma tropical em países de clima temperado (ALBRECHT & DUDLEY, 1987b; CROSSA & GARDNER, 1987; MICHELINI & HALLAUER, 1993, entre outros) geralmente mostram aumento na expressão de diversos caracteres agronômicos (florescimento, altura de planta, altura de espiga, umidade de grãos, etc.). Uma tendência no sentido inverso é esperada quando se incorporam germoplasma de clima temperado em países tropicais (MIRANDA FILHO⁴). NASS (1992) verificou um aumento da altura de planta e da espiga por incorporação de germoplasma exótico; porém, neste caso, trata-se de introgressão da raça Entrelaçado da região Amazônica, representando condições de maior proximidade dos trópicos.

Para todos os caracteres agronômicos estudados foram detectadas diferenças significativas entre populações; somente para umidade de grãos foram obtidas diferenças ao nível do 10% de probabilidades pelo Teste de F (Tabela 48).

Foram detectadas diferenças significativas de ciclos/populações, para florescimento masculino, altura de espiga e acamamento de raiz. CEBALLOS et al. (1991) encontraram que o aumento da resistência a *E. turcicum*, esteve associada com maior porcentagem de umidade de grãos, em duas populações a

⁴MIRANDA FILHO, J.B. (Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP, Piracicaba, SP)-comunicação pessoal.

resistência esteve associada com incremento dos dias para florescimento masculino. Para altura de espiga somente foram encontradas diferenças significativas de ciclos para CEX-2 e CEX-3, porém as respostas não foram consistentes. JINAHYON & RUSSELL (1969) avaliando a resistência ao fungo *Diplodia zeae* (Schw) Lev., infectando colmos em três ciclos de seleção na população de milho Lancaster, observaram que a seleção nos dois primeiros ciclos esteve associada com maior porte da planta. Para acamamento de raiz foram detectadas diferenças significativas de ciclos nas populações CEX-1 e CEX-2. Têm sido observado que genótipos suscetíveis a esta doença apresentam maior predisposição à infecção por fungos do sistema radicular (FAJEMISIN & HOOKER, 1974; RAYMUNDO & HOOKER, 1981). CEBALLOS et al. (1991) encontraram que as populações com maior resistência a *E. turcicum* apresentaram menor acamamento de colmo.

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente trabalho permitiram relacionar as seguintes conclusões:

a. Foram constatadas diferenças no nível de resistência entre progênies nas quatro populações estudadas (CEX), o que evidencia a possibilidade de seleção para diferentes níveis de resistência à mancha da folha causada pelo fungo *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs.

b. As estimativas da variância aditiva, que controla resistência a esta doença apresentaram maior magnitude nas populações exóticas (CEX-3 e CEX-4), indicando que os cruzamentos com ESALQ-PB1, para gerar CEX-1 e CEX-2, causaram alterações nas frequências gênicas no sentido de diminuir a variabilidade genética.

c. As estimativas do coeficiente de herdabilidade ao nível de plantas individuais, herdabilidade entre plantas dentro de progênies e herdabilidade entre médias de progênies, confirmaram que a resistência a *E. turcicum* é um caráter de alta herdabilidade, indicando a possibilidade de obter progressos substanciais na seleção para resistência a *E. turcicum*, podendo-se inferir que poucos genes estejam envolvidos na resistência desta doença.

d. As correlações aditivas e fenotípicas entre a porcentagem de sintoma por *E. turcicum* e a produtividade de grãos foram geralmente negativas,

indicando a possibilidade de seleção para melhorar ambos os caracteres. Entretanto, as respostas correlacionadas foram baixas em função da baixa expressão da doença.

e. As perspectivas da seleção para resistência a *E. turcicum* são altamente favoráveis, em função dos ganhos esperados relativamente altos em todas as populações.

f. A seleção divergente para resistência a *E. turcicum* mostrou-se efetiva para modificar o nível de resistência nos ciclos estudados nas quatro populações. Resposta similar da seleção para *E. turcicum*, foi obtida para o vírus do mosqueado clorótico do milho (MCMV) em CEX-3, possivelmente devido à ação de genes ligados e/ou efeitos pleiotrópicos. Para o vírus da risca (MRFV) a resposta foi oposta e para enfezamento (Corn Stunt) não foi alterado o nível de resistência. Com a seleção para suscetibilidade para *E. turcicum* foi incrementado a resistência a *P. polysora* em CEX-4 e para MCMV foi diminuída a resistência em CEX-3.

g. A seleção para resistência a *E. turcicum* esteve associada com menor produtividade em CEX-1 e CEX-2, menor peso e comprimento de grãos no CEX-1, devido a maior suscetibilidade por outras doenças. A seleção para suscetibilidade esteve associada com maior comprimento e espessura de grão em CEX-4.

h. A seleção para resistência permitiu obter subpopulações com maior dias para florescimento masculino, maior umidade de grão e menor acamamento de raiz em CEX-1, CEX-2 e CEX-4; para altura de espiga não foram obtidas respostas consistentes. Com a seleção para suscetibilidade foi diminuído o número de dias para florescimento masculino, menor altura de espiga e maior acamamento de raiz.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALBRECHT, B. & DUDLEY, J.W. Divergent selection for stalk quality and grain yield in an adapted x exotic maize population cross. **Crop Science**, Madison, **27**: 487-94, 1987a.
- ALBRECHT, B. & DUDLEY, J.W. Evaluation of four maize populations containing different proportions of exotic germplasm. **Crop Science**, Madison, **27**: 480-6, 1987b.
- ALCORN, J.L. The taxonany of "Helminthosporium" species. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, **26**: 37-56, 1988.
- ALLEN, F.L.; COMSTOCK, R.E.; RASMUSSEN, D.C. Optimal environments for yield. **Crop Science**, Madison, **18**: 747-51, 1978.
- ANDRADE, J.A.C. Seleção divergente para tamanho de pendão e posição da espiga na população ESALQ-PB1 de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1988. 136 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luis de Queiroz"/USP).
- ANDRADE, J.A.C.; MIRANDA FILHO, J.B.; GERALDI, I.O.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Seleção divergente para número de ramificações do pendão e altura de espiga na população de milho ESALQ PB-1. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., Sete Lagoas, 1986. **Resumos**. Sete Lagoas, EMBRAPA/CNPMS, 1986. p.57-8.

- BALMER, E. & PEREIRA, O.A.P. Doenças do milho. In: PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P., ed. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.2, p. 597-634.
- BENTOLILA, S.; GUITTON, C.; BOUVET, N.; SAILLAND, A.; NYKAZA, S.; FREYSSINET, G. Identification of an RFLP marker tightly linked to the Ht1 gene in maize. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, **82**: 393-8, 1991.
- BERGQUIST, R.R. & MASIA, O.R. Physiologic specialization in *Trichometasphaeria turcica* F. sp. *zeae* and *T. turcica* F. sp. *sorghii* in Hawaii. **Phytopathology**, Lancaster, **64**: 645-9, 1974.
- BLEICHER, J. Níveis de resistência a *Helminthosporium turcicum* Pass. em três ciclos de seleção em milho pipoca (*Zea mays* L.), Piracicaba, 1988. 130 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- BLEICHER, J; BALMER, E.; ZINSLY, J.R. Resistência horizontal a *Exserohilum turcicum* em milho, cultivar Pirapoca Amarela. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, **18**: 187-93, 1993.
- BRASKALB. Informações técnicas para a cultura de milho. "s.l.", "s.d.". 60 p.
- BREWSTER, V.A.; CARSON, M.L.; WICKS, Z.W. Mapping components of partial resistance to northern leaf blight of maize using reciprocal translocations. **Phytopathology**, Lancaster, **82**: 225-9, 1992.
- BUBECK, D.M.; GOODMAN, M.M.; BEAVIS, W.D.; GRANT, D. Quantitative trait loci controlling resistance to gray leaf spot in maize. **Crop Science**, Madison, **33**: 838-47, 1993.
- CALUB, A.G.; DUNN, G.M.; ROUTLEY, D.G.; COUTURE, R.M. Genetic and environmental effects on production of inhibitory compounds in corn resistant to *Helminthosporium turcicum*. **Crop Science**, Madison, **14**: 359-61, 1974a.

- CALUB, A.G.; LONG, B.J.; DUNN, G.M. Production of inhibitory compounds in corn inbreds with monogenic and multigenic resistance to *Helminthosporium turcicum*. **Crop Science**, Madison, **14** : 303-4, 1974b.
- CARSON, M.L. A new gene in maize conferring the "chlorotic halo" reaction to infection by *Exserohilum turcicum*. **Plant Disease**, St. Paul, **79**: 717-20, 1995.
- CASTLE, W.E. An improved method of estimating the number of genetic factors concerned in cases of blending inheritance. **Science**, Lancaster, **54**: 223, 1921.
- CEBALLOS, H.; DEUTSCH, J.A.; GUTIÉRREZ, H. Recurrent selection for resistance to *Exserohilum turcicum* in eight subtropical maize populations. **Crop Science**, Madison, **31** : 964-71, 1991.
- COCHRAN, W.G. & COX, G.M. **Experimental design**. 2.ed. New York, John Wiley & Sons, 1957. 611 p.
- COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washinton, Nacional Academy of Sciences, 1963. p. 53-94
- CORTEZ-MENDOZA, H. & HALLAUER, A.R. Divergent mass selection for ear length in maize. **Crop Science**, Madison, **19**: 175-8, 1979.
- COX, T.S. Simultaneous selection for major and minor resistance genes. **Crop Science**, Madison, **35**:1337-46,1995.
- CROSS, H.Z.; CHYLE, J.R.; HAMMOND, J.J. Divergent selection for ear moisture in early maize. **Crop Science**, Madison, **27**: 914-8, 1987.
- CROSSA, J. & GARDNER, C.O. Introgression of an exotic germplasm for improving an adapted maize population. **Crop Science**, Madison, **27**: 187-90, 1987.
- 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**, Lancaster, **80**: 339-42, 1990.

- DE LEÓN, C. **Maize diseases**; a guide for field identification. 3.ed. México, CIMMYT, 1984. 114 p.
- DUDLEY, J.W. 76 generations of selection for oil and protein percentage in maize. In: POLLAK, E.; KEMPTHORNE, O.; BAILEY JÚNIOR, T.B. **International conference on quantitative genetics**. Ames, University Press, 1977. p. 459-73.
- DUDLEY, J.W. & LAMBERT, R.J. Ninety generations of selection for oil and protein in maize. **Maydica**, Bergamo, **37**: 81-4, 1992.
- DUNN, G.M. & NAMM, T. Gene dosage effects on monogenic resistance to northern corn leaf blight. **Crop Science**, Madison, **10**: 352-4, 1970.
- DUVICK, D.N. Genetic diversity in corn improvement. In: ANNUAL CORN & SORGHUM INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 36., Chicago, 1981. **Proceeding**. Washington, American Seed Trade Association, 1981. p. 48-60.
- DUVICK, D.N. Genetic diversity in major farm crops on the farm and in reserve. **Economic Botany**, New York, **38**: 161-78, 1984.
- FAJEMISIN, J.M. & HOOKER, A.L. Top weight, root weight, and root rot of corn seedlings as influenced by three *Helminthosporium* leaf blights. **Plant Disease Reporter**, St. Paul, **58**: 313-7, 1974.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3. ed. Harlow, Longman Scientific & Technical, 1989. 438 p.
- FARIAS, N.A.L. Sexto ciclo de seleção divergente para tamanho do pendão e altura de espiga na população de milho (*Zea mays* L) ESALQ PB-1. Piracicaba, 1995. 108 p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- FERNANDES, F.T. & BALMER, E. Situação das doenças de milho no Brasil. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, **14**: 37-40, 1990.
- FREYMARK, P.J.; LEE, M.; WOODMAN, W.L.; MARTINSON, C.A. Quantitative and qualitative trait loci affecting host-plant response to *Exserohilum turcicum* in

- maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, **87**: 537-44, 1993.
- FREYMARK, P.J.; LEE, M.; MARTINSON, C.A.; WOODMAN, W.L. Molecular-marker-facilitated investigation of host-plant response to *Exserohilum turcicum* in maize (*Zea mays* L.): components of resistance. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, **88**: 305-13, 1994.
- FROSI, J.F. Níveis de resistência a *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs em milho pipoca. Piracicaba, 1991. 96 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- FT - PESQUISA E SEMENTES. Recomendações de cultivo. Ponta Grossa. "s.d.". 21p.
- GAMEZ, R. Virus del maíz en América Latina: el rayado fino. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, **4**: 171-6, 1979.
- GARDINER, J.M.; COE, E.H.; MELIA-HANCOCK, S.; HOISINGTON, D.A.; CHAO, S. Development of a core RFLP map in maize using an immortalized F₂ population. **Genetics**, Baltimore, **134**: 917-30, 1993.
- GEIGER, H.H. & HEUN, M. Genetics of quantitative resistance to fungal diseases. **Annual Reviews of Phytopathology**, Palo Alto, **27**: 317-41, 1989.
- GERALDI, I.O.; VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B. Processo para estimação dos componentes de covariância entre caracteres avaliados com número diferentes de indivíduos por parcela. **Relatorio científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, (12): 84-91, 1978.
- GEVERS, H.O. A new major gene for resistance to *Helminthosporium turcicum* leaf blight of maize. **Plant Disease Reporter**, St. Paul, **59**: 296-9, 1975.
- GOODMAN, M.M. Genetic and germ plasm stocks worth conserving. **The Journal of Heredity**, Washington, **81**: 11-16, 1990.

- GRACEN, V.E. Sources of temperate maize germplasm and potential usefulness in tropical and subtropical environments. **Advances in Agronomy**, New York, **39**: 127-72, 1986.
- HAARMANN, R.J.; WHITE, D.G.; DUDLEY, J.W. Index vs. tandem selection for improvement of grain yield, leaf blight, and stalk rot resistance in maize. **Maydica**, Bergamo, **38**: 183-8, 1993.
- HALLAUER, A.R. Germplasm sources and breeding strategies for line development in the 1990's. In: ANNUAL CORN & SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, **45.**, Chicago, 1990. **Proceeding**. Washington, American Seed Trade Association, 1990. p. 64-79.
- HALLAUER, A.R. Application of biotechnology to maize improvement. In: REUNION LATINOAMERICANA, 3.; REUNION DE LA ZONA ANDINA DE INVESTIGADORES EN MAIZ, 16, Bolivia, 1995. **Memorias**. Bolivia, Fundación Simón I. Patiño, 1995. v.1, p. 519-32.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames, Iowa State University Press, 1988. 468 p.
- HILU, H.M. & HOOKER, A.L. Monogenic chlorotic lesion resistance to *Helminthosporium turcicum* in corn seedlings. **Phytopathology**, Lancaster, **53**: 909-12, 1963.
- HOOKER, A.L. A new type of resistance in corn to *Helminthosporium turcicum*. **Plant Disease Reporter**, St. Paul, **45**: 780-1, 1961.
- HOOKER, A.L. Inheritance of chlorotic-lesion resistance to *Helminthosporium turcicum* in seedling corn. **Phytopathology**, Lancaster, **53**: 660-2, 1963a.
- HOOKER, A.L. Monogenic resistance in *Zea mays* L. to *Helminthosporium turcicum*. **Crop Science**, Madison, **3**: 381-3, 1963b.

- HOOKEER, A.L. A second major gene locus in corn for chlorotic-lesion resistance to *Helminthosporium turcicum*. **Crop Science**, Madison, **17**: 132-5, 1977.
- HOOKEER, A.L. Resistance to *Helminthosporium turcicum* from *Tripsacum floridanum* incorporated into corn. **Maize Genetics Cooperation Newsletter**, Missouri, **55**: 87-8, 1981.
- HOOKEER, A.L. Genetic diversity of maize: disease resistance. In: SHERIDAN, W.F. **Maize for biological research**. Charlottesville, Plant Molecular Biology Association, 1982. p. 361-6.
- HOOKEER, A.L. & KIM, S.K. Monogenic and multigenic resistance to *Helminthosporium turcicum* in corn. **Plant Disease Reporter**, St. Paul, **57**: 586-9, 1973.
- HOOKEER, 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.
- HOOKEER, A.L. & YEAN-KAI, TSUNG. Relationship of dominant genes in corn for chlorotic lesion resistance to *Helminthosporium turcicum*. **Plant Disease**, St. Paul, **64**: 387-8, 1980.
- HOOKEER, A.L.; HILU, H.M.; WILKINSON, D.R.; VAN DYKE, C.G. Additional sources of chlorotic-lesion resistance to *Helminthosporium turcicum* in corn. **Plant Disease Reporter**, St. Paul, **48**: 777-80, 1964.
- HOOKEER, A.L.; NELSON, R.R.; HILU, H.M. Avirulence of *Helminthosporium turcicum* on monogenic resistant corn. **Phytopathology**, Lancaster, **55**: 462-3, 1965.
- HUGHES, G.R. & HOOKEER, A.L. Gene action conditioning resistance to northern leaf blight in maize. **Crop Science**, Madison, **11**: 180-4, 1971.

- JENKINS, M.T. & ROBERT, A.L. Inheritance of resistance to the leaf blight of corn caused by *Helminthosporium turcicum*. **Agronomy Journal**, Madison, **44**: 136-40, 1952.
- JENKINS, M.T. & ROBERT, A.L. Further genetic studies of resistance to *Helminthosporium turcicum* Pass. in maize by means of chromosomal translocations. **Crop Science**, Madison, **1**: 450-5, 1961.
- JENKINS, M.T.; ROBERT, A.L.; FINDLEY JÚNIOR, W.R. Inheritance of resistance to *Helminthosporium turcicum* leaf blight in populations of F₃ progenies. **Agronomy Journal**, Madison, **44**: 438-42, 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**, Madison, **46**: 89-94, 1954.
- JENKINS, M.T.; ROBERT, A L.; FINDLEY JÚNIOR, W.R. Genetic studies of resistance to *Helminthosporium turcicum* in maize by means of chromosomal translocations. **Agronomy Journal**, Madison, **49**: 197-201, 1957.
- JINAHYON, S. & RUSSELL, W.A. Effects of recurrent selection for stalk-rot resistance on other agronomic characters in an open-pollinated variety of maize. **Iowa State Journal of Science**. **43**: 239-51, 1969.
- JINKS, J.L. & TOWEY, P.M. Estimating the number of genes in a polygenic system by genotypes assay. **Heredity**, Longman, **37**: 69-81, 1976.
- KEMPTHORNE, O. **An Introduction to genetic statistics**. Ames, Iowa State University Press, 1966. 545 p.
- KRAMER, H.H. & ULLSTRUP, A.J. Preliminary evaluation of exotic maize germplasm. **Agronomy Journal**, Madison, **51**: 687-9, 1959.

- LEATH, S. & PEDERSEN, W.L. Differences in resistance between maize hybrids with or without the Ht₁ gene when infected with *Exserohilum turcicum* race 2. **Phytopathology**, Lancaster, **76**: 257-60, 1986.
- 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. 213-23.
- LEONARD, K.J.; LEVY, Y.; SMITH, D.R. Proposed nomenclature for pathogenic races of *Exserohilum turcicum* on corn. **Plant Disease**, St. Paul, **73**: 776-7, 1989.
- LIM, S.M.; HOOKER, A.L.; PAXTON, D.J. Isolation of phytoalexins from corn with monogenic resistance to *Helminthosporium turcicum*. **Phytopathology**, Lancaster, **60**: 1071-4, 1970.
- LIM, S.M.; KINSEY, J.G.; HOOKER, A.L. Inheritance of virulence in *Helminthosporium turcicum* to monogenic resistance corn. **Phytopathology**, Lancaster, **64**: 1150-1, 1974.
- MICHELINI, L.A. & HALLAUER, A.R. Evaluation of exotic and adapted maize (*Zea mays L.*) germplasm crosses. **Maydica**, Bergamo, **38**: 275-82, 1993.
- MILES, J.W.; DUDLEY, J.W.; WHITE, D.G.; LAMBERT, R.J. Improving corn population for grain yield and resistance to leaf blight and stalk rot. **Crop Science**, Madison, **20**: 247-50, 1980.
- MILES, J.W.; DUDLEY, J.W.; WHITE, D.G.; LAMBERT, R.J. Response to selection for resistance to four diseases in two corn populations. **Crop Science**, Madison, **21**: 980-3, 1981.
- Ministério da Agricultura e Reforma Agrária, Secretaria Nacional de Irrigação. Normas climatológicas (1961-1990) do Departamento Nacional de Meteorologia. Brasília, 1992. 84 p.

- MIRANDA FILHO, J.B. Cruzamento dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta. Piracicaba, 1974. 116 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ-PB1. **Relatorio Científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, 11: 90-4, 1977.
- 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, FAO Istituto Agronomico per L'Oltremare, 1985. p. 177-206.
- MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative analysis of a cross between populations and their derived generations. **Revista Brasileira de Genética**, Riberão Preto, 14: 547-61, 1991.
- MIRANDA FILHO, J.B. Exotic germplasms introduced in a Brazilian maize breeding program. **Revista Brasileira de Genética**, Riberão Preto, 15: 631-42, 1992.
- MIRANDA FILHO, J.B. & VIEGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P., ed. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.2, p. 765-95.
- MIRANDA FILHO, J.B. Introdução de germoplasma exótico para o melhoramento do milho no Brasil. Piracicaba, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/Departamento de Genética, 1996a. 14 p. (Relatório CNPq)
- MIRANDA FILHO, J.B. Potencial genético de populações de milho obtidas de germoplasma exótico. **Anais da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"**, Piracicaba, 1996b. (No prelo)

- NARRO LEÓN, T.P. Avaliação de três ciclos de seleção recorrente de famílias S₁ para resistência ao vírus do mosqueado clorótico do milho (MCMV). Piracicaba, 1991. 58 p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luis de Queiroz"/USP).
- NASS, L.L. Variabilidade genética de populações semi-exóticas de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1992. 141 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- NASS, L.L.; PELLICANO, I.J.; VALOIS, A.C.C. Utilization of genetic resources for maize and soybean breeding in Brazil. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, **16**: 983-8, 1993.
- NYHUS, K.A.; RUSSELL, W.A.; GUTHRIE, W.D.; MARTINSON, C.A. Reaction of two maize synthetics to anthracnose stalk rot and northern corn leaf blight following recurrent selection for resistance to diplodia stalk rot and european corn borer. **Phytopathology**, Lancaster, **79**: 166-9, 1989.
- ODHIAMBO, M.O. & COMPTON, W.A. Twenty cycles of divergent mass selection for seed size in corn. **Crop Science**, Madison, **27**: 1113-6, 1987.
- PANDEY, S. & GARDNER, C.O. Recurrent selection for population, variety, and hybrid improvement in tropical maize. **Advances in Agronomy**, New York, **48**: 1-87, 1992.
- PARK, Y.C. Theory for the number of genes affecting quantitative characters. I. Estimation of and variance of the estimates of gene number for quantitative traits controlled by additive genes having equal effect. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, **50**: 153-61, 1977.
- PATAKY, J.K. Effects of race 0 and 1 of *Exserohilum turcicum* on sweet corn hybrids differing for Ht-and partial resistance to northern leaf blight. **Plant Disease**, St. Paul, **78**: 1189-93, 1994.

- PATERNIANI, E.; ZINSLY, J.R.; MIRANDA FILHO, J.B. Populações melhoradas de milho obtidas pelo Instituto de Genética. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, 11: 108-14, 1977.
- 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.
- PERKINS, J.M. & HOOKER, A.L. Reactions of eighty-four sources of chlorotic lesion resistance in corn to three biotypes of *Helminthosporium turcicum*. **Plant Disease**, St. Paul, **65**: 502-4, 1981.
- PERKINS, J.M. & PEDERSEN, W.L. Disease development and yield losses associated with northern leaf blight on corn. **Plant Disease**, St. Paul, **71**: 940-3, 1987.
- PRATT, R.C.; ADIPALA, E.; LIPPS, P.E. Characterization of race-nonspecific resistance to *Exserohilum turcicum* Races 0 and 1 in maize OhS10S1 progenies. **Plant Disease**, St. Paul, **77**: 1227-32, 1993.
- RAGOT, M.; SISCO, P.H.; HOISINGTON, D.A.; STUBER, C.W. Molecular-marker-mediated characterization of favorable exotic alleles at quantitative trait loci in maize. **Crop Science**, Madison, **35**: 1306-15, 1995.
- RAYMUNDO, A.D. & HOOKER, A.L. Measuring the relationship between northern corn leaf blight and yield losses. **Plant Disease**, St. Paul, **65**: 325-7, 1981.
- RAYMUNDO, A.D. & HOOKER, A.L. Single and combined effects of monogenic and polygenic resistance on certain components of northern corn leaf blight development. **Phytopathology**, Lancaster, **72**: 99-103, 1982.
- RAYMUNDO, A.D.; HOOKER, A.L.; PERKINS, J.M. Effect of gene HtN on the development of northern corn leaf blight epidemics. **Plant Disease**, St. Paul, **65**: 327-30, 1981.

- REGITANO NETO, A. Avaliação quantitativa da estrutura genética de uma população de milho pipoca. Piracicaba, 1993. 106 p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- 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**. Firenze, FAO Istituto Agronomico per L'Oltremare, 1985. p. 341-65.
- RODRIGUEZ-ARDON, R; SCOTT, G.E.; KING, S.B. Maize yield losses caused by southern corn rust. **Crop Science**, Madison, **20**: 812-4, 1980.
- SALAZAR, A.M. & HALLAUER, A.R. Divergent mass selection for ear length in maize. **Revista Brasileira de Genética**, Riberão Preto, **9**(2): 281-94, 1986.
- SALHUANA, W. Pasos requeridos para incrementar el uso de las adquisiciones exóticas. In: FORO LATINOAMERICANO SOBRE INVESTIGACIÓN EN FITOMEJORAMIENTO. **América Latina y sus recursos abundantes de alimentos para el futuro**. Des Moines, Pioneer Hi-Bred International, 1986, p. 147-189.
- SANTOS, M.X. & MIRANDA FILHO, J, B. Genetic potential of two Brazilian races of maize (*Zea mays L.*) for breeding purposes. **Journal of Genetics & Breeding**, Roma, **46**: 83-90, 1992.
- SHOEMAKER, J.; ZAITLIN, D.; HORN, J.; DeMARS, S.; KIRSCHMAN, J.; PITAS, J. A comparison of three agrigenetics maize RFLP linkage maps. **Maize Genetics Cooperation Newsletter**, Missouri, **66**: 65-9, 1992.
- SHURTLEFF, M.C. Compendium of corn diseases. 2.ed. St. Paul, American Phytopathological Society, 1980, 105 p.
- SIGULAS, K.M.; HILL JÚNIOR, R.R.; AYERS, J.E. Genetic analysis of *Exserohilum turcicum* lesion expansion on corn. **Phytopathology**, Lancaster, **78**: 149-53, 1988.

- SIMCOX, K.D. & BENNETZEN, J.L. Mapping the HtN resistance gene to the long arm of chromosome 8. **Maize Genetics Cooperation Newsletter**, Missouri, **67**: 118-9, 1993a.
- SIMCOX, K.D. & BENNETZEN, J.L. The use molecular markers to study *Setosphaeria turcica* resistance in maize. **Phytopathology**, Lancaster, **83**: 1326-30, 1993b.
- SIMCOX, K.D.; McMULLEN, M.D.; LOUIE, R. Mapping of multiple disease resistance genes on the short arm of chromosome six. **Maize Genetics Cooperation Newsletter**, Missouri, **67**: 117-8, 1993.
- SMITH, D.R. & KINSEY, J.G. Further physiologic specialization in *Helminthosporium turcicum*. **Plant Disease**, St. Paul, **64**: 779-81, 1980.
- SMITH, D.R. & WHITE, D.G. Diseases of corn. In: SPRAGUE, G.F. & DUDLEY, J.W., ed. **Corn and corn improvement**. 3. ed. Madison, American Society of Agronomy, 1988. p. 678-766.
- SNEDECOR, G.W. & COCHRAN, W.G. **Statistical methods**. 6. ed. Ames, Iowa State University Press, 1973. 593 p.
- SPRAGUE, G.F. Genetic vulnerability in corn and sorghum. In: ANNUAL CORN & SORGHUM INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 26., Chicago, 1971. **Proceeding**. Washington, American Seed Trade Association, 1971. p. 14-6.
- SPRAGUE, G.F. The changing role of the private and public sectors in corn breeding. In: ANNUAL CORN & SORGHUM INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 35., Chicago, 1980. **Proceedings**. Washington, American Seed Trade Association, 1980. p. 1-9.
- TANKSLEY, S.D. Mapping polygenes. **Annual Review Genetics**, Palo Alto, **27**: 205-33, 1993.

- THAKUR, R.P.; LEONARD, K.J.; JONES, R.K. Characterization of a new race of *Exserohilum turcicum* virulent on corn with resistance gene HtN. **Plant Disease**, St. Paul, **73**: 151-5, 1989.
- THOMPSON, D.L. Recurrent selection for stalk lodging resistance and susceptibility in two populations of corn. **Agronomy Abstracts**, Madison, **62**: 21, 1970.
- TORREGROSA, C.M. Ocho ciclos de selección masal divergente para número de mazorcas por planta en una variedad sintética de maíz. **Informativo del Maíz**, Lima, **1** (Nº especial): 15-22, 1975.
- TUITE, J. **Plant pathological methods**. Burgess Publishing Company. Minneapolis, 1969. 239 p.
- TURNER, M.T. & JOHNSON, E.R. Race of *Helminthosporium turcicum* not controlled by Ht genetic resistance in corn in the American Corn Belt. **Plant Disease**, St. Paul, **64**: 216-7, 1980.
- ULLSTRUP, A.J. Sources of resistance to northern corn leaf blight. **Plant Disease Reporter**, St. Paul, **47**: 107-8, 1963.
- ULLSTRUP, A.J. A Comparison of monogenic and polygenic resistance to *Helminthosporium turcicum* in corn. **Phytopathology**, Lancaster, **60**: 1597-9, 1970.
- ULLSTRUP, A.J. Evolution and dynamics of corn diseases and insect problems since the advent of hybrid corn. In: WALDEN, D.B. **Maize breeding and genetics**. New York: John Wiley & Sons, 1978. p. 283-97.
- VELLO, N.A. & VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, **8**: 238-48, 1974.

- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P., ed. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p. 137-214.
- VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.
- WYSS, C.S.; CZYZEWICZ, J.R.; BELOW, F.E. Source-sink control of grain composition in maize strains divergently selected for protein concentration. **Crop Science**, Madison, **31**: 761-6, 1991.
- ZAITLIN, D.; DeMARS S.J.; GUPTA, M. Linkage of a second gene for NCLB resistance to molecular markers in maize. **Maize Genetics Cooperation Newsletter**, Missouri, **66**: 69-70, 1992.
- ZHAO-BANG, Z.; HOOULE, D.; COCKERHAM, C.C. How informative is wright's estimator of the number of genes affecting a quantitative character?. **Genetics**, Princeton, **126**: 235-47, 1990.

TABELAS

Tabela 3. Porcentagem média de área foliar afetada por *Exserohilum turcicum*, em progênes de meios irmãos de grãos dentados e flint, representativos de quatro populações de milho (CEX). Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

Tipos de Endosperma	CEX-1		CEX-2		CEX-4		CEX-3		
	Local 1	Local 2	Média	Local 1	Local 2	Média	Local 1	Local 2	
Dente	3,82	2,58	3,20	4,90	2,68	3,79	2,71	2,44	2,58
Flint	4,64	2,49	3,57	3,69	2,94	3,32	2,09	3,52	2,81
Média	4,23	2,54		4,30	2,81		2,40	2,98	5,10
Média geral			3,38			3,56			2,70
									3,70

Tabela 4. Porcentagem média de área foliar afetada por *Exserohilum turcicum* em 27 experimentos envolvendo progênies de meios irmãos de grãos dente e flint, representativas de quatro populações de milho (CEX). Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

Locais	CEX-1							CEX-2							
	Experimentos Dente			Experimentos Flint				Experimentos Dente			Experimentos Flint				
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Local 1	3,31	4,28	2,99	3,86	4,66	5,04	5,06	3,82	3,77	5,09	5,92	4,82	4,01	3,35	3,71
Local 2	3,24	2,82	2,30	2,52	2,04	1,63	3,45	2,40	2,14	3,02	2,65	2,92	2,77	2,60	3,46
Média	3,27	3,55	2,64	3,19	3,35	3,33	4,25	3,11	2,96	4,06	4,29	3,87	3,39	2,97	3,58

Tabela 4. Porcentagem média de área foliar afetada por *Exserohilum turcicum* em 27 experimentos envolvendo progênies de meios irmãos de grãos dente e flint, representativas de quatro populações de milho (CEX). Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

Locais	CEX-4							CEX-3				
	Experimentos Dente			Experimentos Flint				Experimentos				
	20	21	22	23	24	25	26	27	16	17	18	19
Local 1	4,12	3,14	1,96	1,62	2,51	2,05	1,88	1,93	3,87	5,47	6,13	4,93
Local 2	2,87	2,24	2,52	2,14	3,13	3,61	4,19	3,16	1,58	2,36	2,51	2,77
Média	3,50	2,69	2,24	1,88	2,82	2,83	3,04	2,54	2,72	3,91	4,32	3,85

Tabela 5. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-1, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*, transformada em arco seno \sqrt{X} . Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1			LOCAL 2		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	8	65,388	11,10**	16	18,256	3,97**
Experimentos	7	139,186	16,65**	7	158,065	10,95**
Dente(D)	4	120,766	14,45**	4	90,174	6,25**
Flint(F)	2	127,296	15,23**	2	364,861	25,28**
D vs F	1	236,651	28,31**	1	16,034	1,11 ^{ns}
Progênie/Experimentos	428	8,358	1,42**	428	14,434	3,14**
Progênie/Experimento 1	56	9,350	1,59*	56	17,461	3,80**
Progênie/Experimento 2	56	9,585	1,63*	56	20,204	4,40**
Progênie/Experimento 3	56	4,430	0,75 ^{ns}	56	8,752	1,90**
Progênie/Experimento 4	55	7,142	1,21 ^{ns}	55	19,454	4,23**
Progênie/Experimento 5	55	7,437	1,26 ^{ns}	55	6,868	1,49*
Progênie/Experimento 6	50	10,421	1,77**	50	4,516	0,98 ^{ns}
Progênie/Experimento 7	50	9,958	1,69*	50	27,035	5,88**
Progênie/Experimento 8	50	8,962	1,52*	50	11,065	2,41**
Erro	428	5,892		856	4,596	
<hr/>						
\bar{X} (média geral)		11,32			8,72	
CV (%)		21,4			24,6	

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 6. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-2, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%), da porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*, transformada em arco seno \sqrt{X} . Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1			LOCAL 2		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	7	109,779	12,56**	14	31,882	7,00**
Experimentos	6	174,426	16,17**	6	81,016	8,98**
Dente(D)	3	166,941	15,47**	3	77,085	8,55**
Flint(F)	2	29,678	2,75*	2	92,023	10,21**
D vs F	1	486,378	45,08**	1	70,794	7,85**
Progênes/Experimentos	371	10,789	1,23**	371	9,016	1,98**
Progênes/Experimento 9	54	13,138	1,50*	54	8,251	1,81**
Progênes/Experimento 10	54	12,077	1,38*	54	8,882	1,95**
Progênes/Experimento 11	53	11,187	1,28 ^{ns}	53	7,358	1,62**
Progênes/Experimento 12	53	11,531	1,32 ^{ns}	53	14,545	3,19**
Progênes/Experimento 13	53	8,308	0,95 ^{ns}	53	10,422	2,29**
Progênes/Experimento 14	52	9,374	1,07 ^{ns}	52	7,875	1,73**
Progênes/Experimento 15	52	9,792	1,12 ^{ns}	52	5,715	1,26 ^{ns}
Erro	371	8,737		742	4,553	

\bar{X} (média geral)		11,61			9,27	
CV(%)		25,5			23,0	

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 7. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-3, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%), da porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*, transformada em arco seno \sqrt{X} . Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	GL	LOCAL 1		LOCAL 2		
		QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	4	143,091	9,55**	8	71,184	7,76**
Experimentos	3	167,265	7,52**	3	227,305	10,80**
Progênes/Experimentos	196	22,257	1,48**	196	21,047	2,29**
Progênes/Experimento 16	49	14,002	0,93 ^{ns}	49	22,561	2,46**
Progênes/Experimento 17	49	19,273	1,29 ^{ns}	49	30,775	3,35**
Progênes/Experimento 18	49	21,201	1,42*	49	17,158	1,87**
Progênes/Experimento 19	49	34,553	2,31**	49	13,673	1,49*
Erro	196	14,980		392	9,173	
\bar{X} (média geral)		12,29		7,87		
CV(%)		31,5		38,5		

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 8. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-4, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%), da porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*, transformada em arco seno \sqrt{X} . Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1			LOCAL 2		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	8	23,132	2,02*	16	76,885	5,16**
Experimentos	7	236,406	11,82**	7	173,283	5,07*
Dente(D)	3	463,591	23,18**	3	39,129	1,14 ^{ns}
Flint(F)	3	40,167	2,01 ^{ns}	3	114,292	3,34*
D vs F	1	143,567	7,18**	1	752,717	22,01**
Progênes/Experimentos	392	19,999	1,75**	392	34,199	2,29**
Progênes/Experimento 20	49	25,476	2,23**	49	33,186	2,23**
Progênes/Experimento 21	49	20,588	1,80**	49	18,223	1,22 ^{ns}
Progênes/Experimento 22	49	25,053	2,19**	49	34,362	2,30**
Progênes/Experimento 23	49	16,271	1,42*	49	26,041	1,75**
Progênes/Experimento 24	49	17,837	1,56*	49	38,880	2,61**
Progênes/Experimento 25	49	15,743	1,38*	49	45,784	3,07**
Progênes/Experimento 26	49	16,254	1,42*	49	37,980	2,55**
Progênes/Experimento 27	49	22,774	1,99**	49	39,139	2,62**
Erro	392	11,444		784	14,908	
<hr/>						
\bar{X} (média geral)		7,88			8,78	
CV(%)		42,9			44,0	

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 9. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-1, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*. Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1			LOCAL 2		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	8	25,432	9,78**	16	5,952	3,28**
Experimentos	7	64,107	17,66**	7	58,173	9,25**
Dente(D)	4	53,126	14,63**	4	37,024	5,89**
Flint(F)	2	50,988	14,04**	2	128,334	20,40**
D vs F	1	134,270	36,98**	1	2,447	0,39*
Progênies/Experimentos	428	3,631	1,40**	428	6,290	3,46**
Progênies/Experimento 1	56	3,052	1,17 ^{ns}	56	6,394	3,52**
Progênies/Experimento 2	56	4,466	1,72*	56	8,231	4,53**
Progênies/Experimento 3	56	1,527	0,59 ^{ns}	56	2,767	1,52*
Progênies/Experimento 4	55	3,549	1,36*	55	9,184	5,06**
Progênies/Experimento 5	55	4,225	1,62*	55	1,723	0,95 ^{ns}
Progênies/Experimento 6	50	4,350	1,67*	50	0,795	0,44 ^{ns}
Progênies/Experimento 7	50	5,081	1,95**	50	17,951	9,89**
Progênies/Experimento 8	50	2,966	1,14 ^{ns}	50	3,621	2,00**
Erro	428	2,600		856	1,815	

\bar{X} (média geral)		4,11			2,55	
CV (%)		39,3			52,8	

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 10. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-2, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*. Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	GL	LOCAL 1		LOCAL 2		
		QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	7	60,209	13,96**	14	11,572	6,02**
Experimentos	6	91,604	16,24**	6	27,085	7,91**
Dente(D)	3	85,835	15,22**	3	25,606	7,48**
Flint(F)	2	11,738	2,08 ^{ns}	2	33,307	9,72**
D vs F	1	268,546	47,61**	1	19,077	5,57*
Progênies/Experimentos	371	5,640	1,31**	371	3,425	1,78**
Progênies/Experimento 9	54	5,023	1,16 ^{ns}	54	2,141	1,11 ^{ns}
Progênies/Experimento 10	54	8,147	1,89**	54	3,327	1,73**
Progênies/Experimento 11	53	7,423	1,72**	53	2,543	1,32 ^{ns}
Progênies/Experimento 12	53	6,963	1,61**	53	6,687	3,48**
Progênies/Experimento 13	53	4,301	1,00 ^{ns}	53	3,570	1,86**
Progênies/Experimento 14	52	3,862	0,90 ^{ns}	52	2,855	1,48*
Progênies/Experimento 15	52	3,653	0,85 ^{ns}	52	2,856	1,48*
Erro	371	4,313		742	1,923	
\bar{X} (média geral)		4,39		2,79		
CV(%)		47,3		49,7		

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 11. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-3, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%), da porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*. Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1			LOCAL 2		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	4	90,352	8,63**	8	26,049	5,74**
Experimentos	3	91,462	5,96**	3	39,545	4,82**
Progênie/Experimentos	196	15,348	1,47**	196	8,210	1,81**
Progênie/Experimento 16	49	5,643	0,54 ^{ns}	49	5,631	1,24 ^{ns}
Progênie/Experimento 17	49	13,186	1,26 ^{ns}	49	16,662	3,67**
Progênie/Experimento 18	49	19,470	1,86**	49	5,188	1,14 ^{ns}
Progênie/Experimento 19	49	23,094	2,21**	49	5,360	1,18 ^{ns}
Erro	196	10,464		392	4,538	
<hr/>						
\bar{X} (média geral)		5,10			2,30	
CV(%)		63,4			92,5	

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 12. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-4, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%), da porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*. Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1			LOCAL 2		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	8	3,041	1,04 ^{ns}	16	27,877	3,94**
Experimentos	7	70,721	13,66**	7	73,103	5,24**
Dente(D)	3	130,948	25,29**	3	16,219	1,16 ^{ns}
Flint(F)	3	8,256	1,59 ^{ns}	3	37,174	2,67*
D vs F	1	77,439	14,96**	1	351,542	25,22**
Progênie/Experimentos	392	5,177	1,77**	392	13,941	1,97**
Progênie/Experimento 20	49	12,575	4,29**	49	16,898	2,39**
Progênie/Experimento 21	49	7,194	2,46**	49	6,137	0,87 ^{ns}
Progênie/Experimento 22	49	4,022	1,37*	49	16,206	2,29**
Progênie/Experimento 23	49	2,567	0,88 ^{ns}	49	6,133	0,86 ^{ns}
Progênie/Experimento 24	49	5,460	1,86**	49	18,649	2,63**
Progênie/Experimento 25	49	2,532	0,86 ^{ns}	49	18,731	2,64**
Progênie/Experimento 26	49	3,106	1,06 ^{ns}	49	18,363	2,59**
Progênie/Experimento 27	49	3,958	1,35 ^{ns}	49	10,412	1,47*
Erro	392	2,929		784	7,082	
<hr/>						
\bar{X} (média geral)		2,40			2,98	
CV(%)		71,3			89,2	

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 13. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-1, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da produtividade de grãos expresso em Kg/parcela. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1			LOCAL 2		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	8	0,147	0,82 ^{ns}	16	2,027	10,14**
Experimentos	7	1,608	4,96**	7	12,537	38,46**
Dente(D)	4	1,814	5,60**	4	2,118	6,50**
Flint(F)	2	0,254	0,78 ^{ns}	2	28,195	86,49**
D vs F	1	3,489	10,77**	1	22,896	70,23**
Progênes/Experimentos	428	0,324	1,81**	428	0,326	1,63**
Progênes/Experimento 1	56	0,341	1,90**	56	0,256	1,28 ^{ns}
Progênes/Experimento 2	56	0,338	1,89**	56	0,239	1,20 ^{ns}
Progênes/Experimento 3	56	0,220	1,23 ^{ns}	56	0,261	1,31 ^{ns}
Progênes/Experimento 4	55	0,362	2,02**	55	0,249	1,24 ^{ns}
Progênes/Experimento 5	55	0,392	2,19**	55	0,236	1,18 ^{ns}
Progênes/Experimento 6	50	0,345	1,93**	50	0,905	4,52**
Progênes/Experimento 7	50	0,331	1,85**	50	0,238	1,19 ^{ns}
Progênes/Experimento 8	50	0,263	1,47*	50	0,266	1,33 ^{ns}
Erro	428	0,179		856	0,200	
<hr/>						
\bar{X} (média geral)		2,89			2,12	
CV (%)		14,6			21,1	

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 14. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-2, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da produtividade de grãos expresso em Kg/parcela. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1			LOCAL 2		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	7	0,280	1,45 ^{ns}	14	0,949	6,54**
Experimentos	6	7,058	21,85**	6	0,802	4,20**
Dente(D)	3	13,329	41,27**	3	0,791	4,14**
Flint(F)	2	0,073	0,23 ^{ns}	2	1,112	5,82**
D vs F	1	2,214	6,85**	1	0,213	1,12 ^{ns}
Progênies/Experimentos	371	0,323	1,67**	371	0,191	1,32**
Progênies/Experimento 9	54	0,386	2,00**	54	0,113	0,78 ^{ns}
Progênies/Experimento 10	54	0,347	1,80**	54	0,219	1,51*
Progênies/Experimento 11	53	0,334	1,73**	53	0,200	1,38 ^{ns}
Progênies/Experimento 12	53	0,343	1,78**	53	0,245	1,69**
Progênies/Experimento 13	53	0,368	1,91**	53	0,243	1,68**
Progênies/Experimento 14	52	0,223	1,16 ^{ns}	52	0,143	0,99 ^{ns}
Progênies/Experimento 15	52	0,254	1,32 ^{ns}	52	0,173	1,19 ^{ns}
Erro	371	0,193		742	0,145	
<hr/>						
\bar{X} (média geral)		3,13			1,91	
CV(%)		14,0			20,0	

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 15. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-3, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da produtividade de grãos expresso em Kg/parcela. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1			LOCAL 2		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	4	0,548	2,63*	8	8,682	5,36**
Experimentos	3	22,596	54,19**	3	1623,193	593,06**
Progênes/Experimentos	196	0,417	2,00*	196	2,737	1,69**
Progênes/Experimento 16	49	0,225	1,08 ^{ns}	49	0,565	0,35 ^{ns}
Progênes/Experimento 17	49	0,575	2,76**	49	0,483	0,30 ^{ns}
Progênes/Experimento 18	49	0,438	2,11**	49	9,558	5,90**
Progênes/Experimento 19	49	0,431	2,07**	49	0,343	0,21 ^{ns}
Erro	196	0,208		392	1,621	
<hr/>						
\bar{X} (média geral)		3,11			4,09	
CV(%)		14,7			31,1	

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 16. Quadrados médios e valores de F das análises da variância agrupada por local, na população CEX-4, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da produtividade de grãos expresso em Kg/parcela. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1			LOCAL 2		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Blocos/Experimentos	8	0,095	0,66 ^{ns}	16	0,543	3,25**
Experimentos	7	4,128	14,14**	7	2,185	7,07**
Dente(D)	3	0,468	1,60 ^{ns}	3	1,254	4,06**
Flint(F)	3	1,609	5,51**	3	0,062	0,20 ^{ns}
D vs F	1	22,897	78,41**	1	11,345	36,72**
Progênes/Experimentos	392	0,292	2,03**	392	0,309	1,85**
Progênes/Experimento 20	49	0,269	1,87**	49	0,335	2,01**
Progênes/Experimento 21	49	0,318	2,21**	49	0,392	2,35**
Progênes/Experimento 22	49	0,342	2,38**	49	0,387	2,32**
Progênes/Experimento 23	49	0,384	2,67**	49	0,243	1,46*
Progênes/Experimento 24	49	0,244	1,69**	49	0,237	1,42*
Progênes/Experimento 25	49	0,216	1,50**	49	0,290	1,74**
Progênes/Experimento 26	49	0,222	1,54**	49	0,302	1,81**
Progênes/Experimento 27	49	0,341	2,37**	49	0,289	1,73**
Erro	392	0,144		784	0,167	

\bar{X} (média geral)		2,39			2,32	
CV(%)		15,9			17,6	

*, ** - significância ao nível de 5% e 1%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 17. Quadrados médios das análises da variância agrupada por local, na população CEX-1, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) do caráter z (produtividade de grãos + porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*). Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1		LOCAL 2	
	GL	QM	GL	QM
Blocos/Experimentos	8	214,022	16	87,312
Experimentos	7	402,149	7	329,967
Dente(D)	4	197,047	4	188,026
Flint(F)	2	110,632	2	131,565
D vs F	1	94,470	1	10,377
Progênes/Experimentos	428	1692,822	428	2560,850
Progênes/Experimento 1	56	217,750	56	364,477
Progênes/Experimento 2	56	280,541	56	432,884
Progênes/Experimento 3	56	88,685	56	135,201
Progênes/Experimento 4	55	231,982	55	466,309
Progênes/Experimento 5	55	231,043	55	103,654
Progênes/Experimento 6	50	227,640	50	73,197
Progênes/Experimento 7	50	244,994	50	814,829
Progênes/Experimento 8	50	170,188	50	170,299
Erro	428	1199,115	856	1677,316

Tabela 18. Quadrados médios das análises da variância agrupada por local, na população CEX-2, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) do caráter z (produtividade de grãos + porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*). Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1		LOCAL 2	
	GL	QM	GL	QM
Blocos/Experimentos	7	417,333	14	157,553
Experimentos	6	670,457	6	206,170
Dente(D)	3	427,230	3	104,532
Flint(F)	2	21,237	2	86,375
D vs F	1	221,990	1	15,263
Progênes/Experimentos	371	2211,660	371	1233,052
Progênes/Experimento 9	54	286,535	54	108,318
Progênes/Experimento 10	54	483,086	54	175,550
Progênes/Experimento 11	53	399,320	53	122,468
Progênes/Experimento 12	53	360,677	53	320,796
Progênes/Experimento 13	53	238,818	53	202,448
Progênes/Experimento 14	52	229,835	52	154,079
Progênes/Experimento 15	52	213,391	52	149,394
Erro	371	1707,594	742	1431,079

Tabela 19. Quadrados médios das análises da variância agrupada por local, na população CEX-3, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) do caráter z (produtividade de grãos + porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*). Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1		LOCAL 2	
	GL	QM	GL	QM
Blocos/Experimentos	4	397,980	8	258,532
Experimentos	3	329,157	3	5456,940
Progênies/Experimentos	196	3178,705	196	1829,165
Progênies/Experimento 16	49	282,843	49	264,805
Progênies/Experimento 17	49	701,993	49	782,599
Progênies/Experimento 18	49	1016,793	49	527,372
Progênies/Experimento 19	49	1177,076	49	254,389
Erro	196	2153,265	392	2245,646

Tabela 20. Quadrados médios das análises da variância agrupada por local, na população CEX-4, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) do caráter z (produtividade de grãos + porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*). Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

FV	LOCAL 1		LOCAL 2	
	GL	QM	GL	QM
Blocos/Experimentos	8	26,867	16	491,021
Experimentos	7	650,517	7	636,677
Dente(D)	3	432,238	3	34,862
Flint(F)	3	34,381	3	112,623
D vs F	1	183,898	1	489,193
Progênie/Experimentos	392	2077,293	392	5274,212
Progênie/Experimento 20	49	635,563	49	763,807
Progênie/Experimento 21	49	383,881	49	313,144
Progênie/Experimento 22	49	203,988	49	762,443
Progênie/Experimento 23	49	147,505	49	297,680
Progênie/Experimento 24	49	250,733	49	910,053
Progênie/Experimento 25	49	110,795	49	869,608
Progênie/Experimento 26	49	162,888	49	893,613
Progênie/Experimento 27	49	181,940	49	463,865
Erro	392	1201,362	784	5671,424

Tabela 21. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-1, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%), da porcentagem da área foliar com sintoma por *Exserohilum turcicum*, transformada em arco seno \sqrt{X} . 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	24	33,967	6,62**
Locais (L)	1	3766,447	32,04**
Tipos (T)	1	87,719	0,76 ^{ns}
LxT	1	206,072	1,75 ^{ns}
Experimentos/Tipos	6	115,376	8,88**
Experimentos/Tipo Dente	4	63,232	4,87**
Experimentos/Tipo Flint	2	219,663	16,91**
Experimentos x Locais/Tipos	6	117,544	13,69**
Experimentos x Locais/Tipo Dente	4	153,825	17,92**
Experimentos x Locais/Tipo Flint	2	224,980	26,20**
Progênes/Experimentos/Tipos	428	12,991	2,53**
Progênes/Experimentos/Tipo Dente	278	12,368	2,41**
Progênes/Experimentos/Tipo Flint	150	14,145	2,76**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipos	428	8,586	1,67**
Progênes x Locais/Exp/Tipo Dente	278	8,387	1,64**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Flint	150	8,956	1,75**
Erro Médio	1284	5,128	

\bar{X} (média geral)		10,08	
CV(%)		22,5	

** , * - significância ao nível de 1% e 5%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 22. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-2, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%), da porcentagem da área foliar com sintoma por *Exserohilum turcicum*, transformada em arco seno \sqrt{X} . 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	21	57,848	9,29**
Locais (L)	1	2181,579	40,32**
Tipos (T)	1	140,823	0,96 ^{ns}
LxT	1	506,523	9,36*
Experimentos/Tipos	5	146,792	11,78**
Experimentos/Tipo Dente	3	204,709	16,43**
Experimentos/Tipo Flint	2	59,918	4,81*
Experimentos x Locais/Tipos	5	54,098	7,02**
Experimentos x Locais/Tipo Dente	3	57,288	7,44**
Experimentos x Locais/Tipo Flint	2	49,314	6,40**
Progênes/Experimentos/Tipos	371	12,458	2,00**
Progênes/Experimentos/Tipo Dente	214	13,849	2,22**
Progênes/Experimentos/Tipo Flint	157	10,562	1,70**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipos	371	7,701	1,24**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Dente	214	8,336	1,34**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Flint	157	6,836	1,10**
Erro Médio	1113	6,229	

\bar{X} (média geral)		10,21	
CV(%)		24,5	

** , * - significância ao nível de 1% e 5%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 23. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-3, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da porcentagem da área foliar com sintoma por *Exserohilum turcicum*, transformada em arco seno \sqrt{X} . 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Locais	12	95,088	8,26**
Locais (L)	1	4682,241	14,66*
Experimentos (E)	3	63,686	2,20 ^{ns}
E x L	3	319,459	22,04**
Progênes/Experimentos	196	28,969	2,52**
Progênes x Locais/Experimentos	196	14,496	1,26**
Erro Médio	588	11,517	

\bar{X} (média geral)		10,08	
CV(%)		33,7	

** , * - significância ao nível de 1% e 5%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 24. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-4, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%), da porcentagem da área foliar com sintoma por *Exserohilum turcicum*, transformada em arco seno $\sqrt{\bar{X}}$. 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	24	58,967	4,36**
Locais (L)	1	384,886	2,64 ^{ns}
Tipos (T)	1	65,136	0,30 ^{ns}
LxT	1	709,317	4,86 ^{ns}
Experimentos/Tipos	6	217,809	5,92**
Experimentos/Tipo Dente	3	404,032	10,99**
Experimentos/Tipo Flint	3	31,587	0,86*
Experimentos x Locais/Tipos	6	145,814	9,99**
Experimentos x Locais/Tipo Dente	3	183,581	12,57**
Experimentos x Locais/Tipo Flint	3	108,047	7,40**
Progênes/Experimentos/Tipos	392	36,757	2,72**
Progênes/Experimentos/Tipo Dente	196	31,865	2,36**
Progênes/Experimentos/Tipo Flint	196	41,648	3,08**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipos	392	14,602	1,08**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Dente	196	16,713	1,24**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Flint	196	12,491	0,92 ^{ns}
Erro Médio	1176	13,522	

\bar{X} (média geral)		8,42	
CV(%)		43,7	

** , * - significância ao nível de 1% e 5%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 25. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-1, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%), da porcentagem da área foliar com sintoma por *Exserohilum turcicum*. Dados não transformados. 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	24	12,446	5,81**
Locais (L)	1	1366,351	20,74**
Tipos (T)	1	63,611	1,25 ^{ns}
LxT	1	98,177	1,49 ^{ns}
Experimentos/Tipos	6	50,989	8,96**
Experimentos/Tipo Dente	4	31,598	5,55**
Experimentos/Tipo Flint	2	89,769	15,77**
Experimentos x Locais/Tipos	6	65,876	17,81**
Experimentos x Locais/Tipo Dente	4	61,772	16,70**
Experimentos x Locais/Tipo Flint	2	74,084	20,03**
Progênieis/Experimentos/Tipos	428	5,691	2,66**
Progênieis/Experimentos/Tipo Dente	278	5,185	2,42**
Progênieis/Experimentos/Tipo Flint	150	6,627	3,09**
Progênieis x Locais/Experimentos/Tipos	428	3,698	1,73**
Progênieis x Locais/Experimentos/Tipo Dente	278	3,376	1,58**
Progênieis x Locais/Experimentos/Tipo Flint	150	4,296	2,01**
Erro Médio	1284	2,142	
<hr/>			
\bar{X} (média geral)		3,38	
CV(%)		43,3	

** , * - significância ao nível de 1% e 5%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 26. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-2, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%), da porcentagem da área foliar com sintoma por *Exserohilum turcicum*. Dados não transformados. 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	21	27,784	9,65**
Locais (L)	1	1014,133	37,85**
Tipos (T)	1	99,899	1,57 ^{ns}
LxT	1	240,931	8,99*
Experimentos/Tipos	5	63,614	11,00**
Experimentos/Tipo Dente	3	89,499	15,47**
Experimentos/Tipo Flint	2	24,785	4,28*
Experimentos x Locais/Tipos	5	26,795	7,20**
Experimentos x Locais/Tipo Dente	3	34,028	9,14**
Experimentos x Locais/Tipo Flint	2	15,946	4,28*
Progênes/Experimentos/Tipos	371	5,785	2,01**
Progênes/Experimentos/Tipo Dente	214	6,815	2,37**
Progênes/Experimentos/Tipo Flint	157	4,382	1,52**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipos	371	3,722	1,29**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Dente	214	4,381	1,52**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Flint	157	2,824	0,98 ^{ns}
Erro Médio	1113	2,878	

\bar{X} (média geral)		3,43	
CV(%)		49,5	

** , * - significância ao nível de 1% e 5%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 27. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-3, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da porcentagem da área foliar com sintoma por *Exserohilum turcicum*. Dados não transformados. 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Locais	12	47,490	6,87**
Locais (L)	1	1874,340	65,71**
Experimentos (E)	3	112,966	6,73**
E x L	3	28,523	3,49**
Progênies/Experimentos	196	16,787	2,43*
Progênies x Locais/Experimentos	196	8,172	1,18**
Erro Médio	588	6,915	
\bar{X} (média geral)		3,70	
CV(%)		71,1	

** , * - significância ao nível de 1% e 5%, pelo Teste F.

Tabela 28. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-4, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%), da porcentagem da área foliar com sintoma por *Exserohilum turcicum*. Dados não transformados. 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	24	19,598	3,62**
Locais (L)	1	162,471	3,92 ^{ns}
Tipos (T)	1	25,420	0,40 ^{ns}
LxT	1	348,741	8,40*
Experimentos/Tipos	6	63,386	5,29**
Experimentos/Tipo Dente	3	117,011	9,77**
Experimentos/Tipo Flint	3	9,761	0,81 ^{ns}
Experimentos x Locais/Tipos	6	41,493	7,70**
Experimentos x Locais/Tipo Dente	3	53,101	9,86**
Experimentos x Locais/Tipo Flint	3	29,885	5,55**
Progênes/Experimentos/Tipos	392	11,978	2,21**
Progênes/Experimentos/Tipo Dente	196	10,595	1,95**
Progênes/Experimentos/Tipo Flint	196	13,361	2,46**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipos	392	5,387	0,99 ^{ns}
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Dente	196	6,388	1,18**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Flint	196	4,387	0,81 ^{ns}
Erro Médio	1176	5,421	

\bar{X} (média geral)		2,75	
CV(%)		84,6	

** , * - significância ao nível de 1% e 5%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 29. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-1, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da produtividade de grãos expresso em Kg/parcela. 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	24	1,400	7,25**
Locais (L)	1	257,104	67,64**
Tipos (T)	1	2,497	0,39 ^{ns}
LxT	1	20,004	5,26 ^{ns}
Experimentos/Tipos	6	6,401	16,62**
Experimentos/Tipo Dente	4	2,575	6,69**
Experimentos/Tipo Flint	2	14,052	36,50**
Experimentos x Locais/Tipos	6	3,801	14,40**
Experimentos x Locais/Tipo Dente	4	1,297	4,91**
Experimentos x Locais/Tipo Flint	2	8,809	33,37**
Progênes/Experimentos/Tipos	428	0,385	1,99**
Progênes/Experimentos/Tipo Dente	278	0,348	1,80**
Progênes/Experimentos/Tipo Flint	150	0,455	2,36**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipos	428	0,264	1,37**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Dente	278	0,247	1,28**
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Flint	150	0,297	1,54**
Erro Médio	1284	0,193	
<hr/>			
\bar{X} (média geral)		2,52	
CV(%)		17,5	

** , * - significância ao nível de 1% e 5% , pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 30. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-2, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da produtividade de grãos expressos em Kg/parcela. 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	21	0,726	4,43**
Locais (L)	1	677,719	132,60**
Tipos (T)	1	0,702	0,13 ^{ns}
LxT	1	1,991	0,39 ^{ns}
Experimentos/Tipos	5	5,257	17,07**
Experimentos/Tipo Dente	3	8,496	27,58**
Experimentos/Tipo Flint	2	1,588	5,16**
Experimentos x Locais/Tipos	5	5,111	22,03**
Experimentos x Locais/Tipo Dente	3	8,131	35,05**
Experimentos x Locais/Tipo Flint	2	0,580	2,50 ^{ns}
Progênie/Experimentos/Tipos	371	0,308	1,88**
Progênie/Experimentos/Tipo Dente	214	0,327	1,99**
Progênie/Experimentos/Tipo Flint	157	0,283	1,72**
Progênie x Locais/Experimentos/Tipos	371	0,232	1,41**
Progênie x Locais/Experimentos/Tipo Dente	214	0,251	1,53**
Progênie x Locais/Experimentos/Tipo Flint	157	0,206	1,26**
Erro Médio	1113	0,164	
<hr/>			
\bar{X} (média geral)		2,39	
CV(%)		16,9	

** , * - significância ao nível de 1% e 5% , pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 31. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-3, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da produtividade de grãos expresso em Kg/parcela. 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Locais	12	5,964	5,65**
Locais (L)	1	231,817	0,31 ^{ns}
Experimentos (E)	3	584,039	380,98**
E x L	3	740,816	639,18**
Progênes/Experimentos	196	1,533	1,45**
Progênes x Locais/Experimentos	196	1,159	1,10**
Erro Médio	588	1,055	

\bar{X} (média geral)		3,70	
CV(%)		27,8	

** , * - significância ao nível de 1% e 5%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 32. Quadrados médios e valores de F da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-4, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) da produtividade de grãos expresso em Kg/parcela. 1992/93.

FV	GL	QM	F
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	24	0,394	2,49**
Locais (L)	1	2,375	2,34 ^{ns}
Tipos (T)	1	2,426	3,20 ^{ns}
LxT	1	33,850	33,88**
Experimentos/Tipos	6	0,758	1,85 ^{ns}
Experimentos/Tipo Dente	3	0,670	1,63 ^{ns}
Experimentos/Tipo Flint	3	0,847	2,06 ^{ns}
Experimentos x Locais/Tipos	6	1,014	5,39**
Experimentos x Locais/Tipo Dente	3	0,895	4,76**
Experimentos x Locais/Tipo Flint	3	1,133	6,03**
Progênie/Experimentos/Tipos	392	0,410	2,59**
Progênie/Experimentos/Tipo Dente	196	0,443	2,80**
Progênie/Experimentos/Tipo Flint	196	0,378	2,39**
Progênie x Locais/Experimentos/Tipos	392	0,188	1,19**
Progênie x Locais/Experimentos/Tipo Dente	196	0,223	1,41**
Progênie x Locais/Experimentos/Tipo Flint	196	0,152	0,96 ^{ns}
Erro Médio	1176	0,158	

\bar{X} (média geral)		2,35	
CV(%)		16,9	

** , * - significância ao nível de 1% e 5% , pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 33. Quadrados médios da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-1, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) do caráter z (produtividade de grãos + porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*). 1992/93.

FV	GL	QM
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	24	301,334
Locais (L)	1	2808,809
Tipos (T)	1	91,321
LxT	1	29,543
Experimentos/Tipos	6	303,919
Experimentos/Tipo Dente	4	129,547
Experimentos/Tipo Flint	2	174,372
Experimentos x Locais/Tipos	6	320,968
Experimentos x Locais/Tipo Dente	4	257,330
Experimentos x Locais/Tipo Flint	2	63,638
Progênes/Experimentos/Tipos	428	2430,388
Progênes/Experimentos/Tipo Dente	278	1469,170
Progênes/Experimentos/Tipo Flint	150	961,219
Progênes x Locais/Experimentos/Tipos	428	1649,678
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Dente	278	992,851
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Flint	150	656,828
Erro Médio	1284	2876,431

Tabela 34. Quadrados médios da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-2, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) do caráter z (produtividade de grãos + porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*). 1992/93.

FV	GL	QM
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	21	574,886
Locais (L)	1	3349,920
Tipos (T)	1	83,853
LxT	1	199,109
Experimentos/Tipos	5	458,540
Experimentos/Tipo Dente	3	408,934
Experimentos/Tipo Flint	2	49,607
Experimentos x Locais/Tipos	5	232,346
Experimentos x Locais/Tipo Dente	3	187,368
Experimentos x Locais/Tipo Flint	2	44,978
Progênie/Experimentos/Tipos	371	2202,365
Progênie/Experimentos/Tipo Dente	214	1478,273
Progênie/Experimentos/Tipo Flint	157	724,092
Progênie x Locais/Experimentos/Tipos	371	1438,069
Progênie x Locais/Experimentos/Tipo Dente	214	938,972
Progênie x Locais/Experimentos/Tipo Flint	157	499,097
Erro Médio	1113	3138,673

Tabela 35. Quadrados médios da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-3, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) do caráter z (produtividade de grãos + porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*). 1992/93

FV	GL	QM
Blocos/Experimentos/Locais	12	656,557
Locais (L)	1	787,819
Experimentos (E)	3	3086,674
E x L	3	1672,455
Progênies/Experimentos	196	3386,237
Progênies x Locais/Experimentos	196	1889,372
Erro Médio	588	4398,866

Tabela 36. Quadrados médios da análise da variância conjunta reunindo locais, na população CEX-4, média geral (\bar{X}) e coeficiente de variação (CV%) do caráter z (produtividade de grãos + porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*). 1992/93.

FV	GL	QM
Blocos/Experimentos/Tipos/Locais	24	517,889
Locais (L)	1	125,534
Tipos (T)	1	12,140
LxT	1	599,892
Experimentos/Tipos	6	383,274
Experimentos/Tipo Dente	3	367,742
Experimentos/Tipo Flint	3	15,531
Experimentos x Locais/Tipos	6	294,657
Experimentos x Locais/Tipo Dente	3	178,833
Experimentos x Locais/Tipo Flint	3	115,824
Progênes/Experimentos/Tipos	392	4495,088
Progênes/Experimentos/Tipo Dente	196	2055,815
Progênes/Experimentos/Tipo Flint	196	2439,273
Progênes x Locais/Experimentos/Tipos	392	2217,033
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Dente	196	1298,968
Progênes x Locais/Experimentos/Tipo Flint	196	918,065
Erro Médio	1176	6872,786

Tabela 37. Estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância fenotípica média ($\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$), coeficiente de variabilidade genética (CV_g) e índice de variação genética (θ), para um local, da porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum* em quatro populações de milho. Dados não transformados. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

Parâmetros	Populações							
	CEX-1		CEX-2		CEX-3		CEX-4	
	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2
$\hat{\sigma}_p^2$	0,5247	1,5044	0,6556	0,5010	2,4422	1,2242	1,1239	2,2863
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	0,0311	0,0162	0,0523	0,0096	0,1893	0,0776	0,0426	0,0571
$\hat{\sigma}_A^2$	2,0988	6,0175	2,6225	2,0039	9,7688	4,8969	4,4955	9,1453
$\hat{\sigma}_{\bar{A}}^2$	0,1244	0,0648	0,2092	0,0384	0,7572	0,2952	0,1704	0,6584
$\hat{\sigma}_F^2$	7,8420	7,8336	10,0552	6,4011	25,9360	11,2366	9,1210	19,4837
CV_g	17,64	48,06	18,45	25,34	30,65	48,03	44,14	50,68
θ	0,45	0,91	0,39	0,51	0,48	0,52	0,62	0,57

$\hat{\sigma}_p^2$: erro padrão da estimativa da variância genética entre progênies; $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$: erro padrão da estimativa da variância aditiva.

Tabela 38. Estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância da interação de progênies por locais ($\hat{\sigma}_{PL}^2$), coeficiente de variação genética (CV_g) e índice de variação genética (θ), para dois locais, da porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*, em quatro populações de milho. 1992/93.

Parâmetros	Populações			
	CEX-1	CEX-2	CEX-3	CEX-4
$\hat{\sigma}_p^2$	0,6824	0,5591	1,8984	1,2610
$\hat{\sigma}_A^2$	0,0237	0,0256	0,1000	0,0660
$\hat{\sigma}_F^2$	2,7297	2,2364	7,5937	5,0438
$\hat{\sigma}_{PL}^2$	0,0948	0,1024	0,4000	0,2640
$\hat{\sigma}_p^2$	0,3121	0,1694	0,2529	-0,0068
$\hat{\sigma}_{PL}^2$	0,0158	0,0174	0,0528	0,0332
$\hat{\sigma}_F^2$	1,0944	1,1126	3,2282	2,3034
$CV_g(\%)$	24,41	21,80	51,30	45,84
θ	0,57	0,45	0,74	0,53

$\hat{\sigma}_p^2$: erro padrão da estimativa da variância genética entre progênies; $\hat{\sigma}_A^2$: erro padrão da estimativa da variância aditiva; $\hat{\sigma}_{PL}^2$: erro padrão da estimativa da interação de progênies por locais.

Tabela 39. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas individuais (\hat{h}_p^2), herdabilidade de plantas dentro de progênies (\hat{h}_d^2) e herdabilidade entre médias de progênies (\hat{h}_m^2), para um local, e o coeficiente de herdabilidade com base a médias de progênies para dois locais (\hat{h}_m^2 1,2), da porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum*, em quatro populações de milho. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

Coeficiente herdabilidade (%)	Populações							
	CEX-1		CEX-2		CEX-3		CEX-4	
	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2
\hat{h}_p^2	26,8	76,8	26,1	31,3	37,7	43,6	49,3	51,2
\hat{h}_d^2	26,6	88,9	30,9	33,8	44,8	60,0	53,1	67,8
\hat{h}_m^2	28,8	71,3	23,3	43,9	31,8	44,7	43,4	49,2

\hat{h}_m^2 (1,2)	62,4		50,2		58,8		54,2	

Tabela 40. Estimativas da correlação genética aditiva ($\hat{r}_A(x,y)$) e correlação fenotípica média ($\hat{r}_F(x,y)$), para um local; correlação aditiva ($\hat{r}_A(x,y)_{1,2}$) e correlação fenotípica ($\hat{r}_F(x,y)_{1,2}$) para dois locais, para os caracteres produtividade de grãos (x) e porcentagem de doença por *Exserohilum turcicum* (y), em quatro populações de milho (CEX). Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

Parâmetros	Populações							
	CEX-1		CEX-2		CEX-3		CEX-4	
	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2
$\hat{r}_A(x,y)$	-0,0282	-0,3752	-0,1187	-0,2922	0,0684	-0,2927	-0,1398	-0,3947
$\hat{r}_F(x,y)$	0,0002	-0,2878	-0,0005	-0,1807	0,0007	-0,1704	-0,0690	-0,1916
$\hat{r}_A(x,y)_{1,2}$	-0,2230		-0,0874		-0,2082		-0,3530	
$\hat{r}_F(x,y)_{1,2}$	-0,1342		-0,0590		-0,1028		-0,2077	

Tabela 41. Estimativas do progresso genético esperado para um local (\hat{G}_s) e progresso genético esperado para dois locais ($\hat{G}_{s1,2}$) expresso em porcentagem na seleção para resistência à mancha da folha por *Exserohilum turcicum* em quatro populações de milho. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

Progresso Genético (%)	Populações							
	CEX-1		CEX-2		CEX-3		CEX-4	
	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2
\hat{G}_s	41,0	195,0	22,9	68,4	86,8	158,1	138,8	177,0
$\hat{G}_{s1,2}$	27,0		20,9		40,0		43,2	

Tabela 42. Estimativas da resposta correlacionada ($R\hat{c}(x, y)$), resposta correlacionada expressa em porcentagem ($R\hat{c}(x, y\%)$) para um local; resposta correlacionada ($R\hat{c}(x, y)_{1,2}$) e resposta correlacionada expressa em porcentagem ($R\hat{c}(x, y\%)_{1,2}$) para dois locais, para os caracteres produção de grãos (x) e porcentagem de sintoma por *Exserohilum turcicum* (y) em quatro populações de milho. Local 1 (Ponta Grossa-PR), Local 2 (Rio Verde-GO), 1992/93.

Parâmetros	Populações							
	CEX-1		CEX-2		CEX-3		CEX-4	
	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2	LOCAL 1	LOCAL 2
$R\hat{c}(x, y)$	0,0002	0,0145	0,0032	0,0047	-0,0026	0,0231	0,0053	0,0128
$R\hat{c}(x, y\%)$	0,01	0,68	0,10	0,25	-0,08	0,56	0,22	0,55
$R\hat{c}(x, y)_{1,2}$	0,0074		0,0124		0,0680		0,1169	
$R\hat{c}(x, y\%)_{1,2}$	1,88		0,60		1,83		3,43	

Tabela 43. Médias da porcentagem de doenças por *Exserohilum turcicum*, *Puccinia polysora*, vírus da risca (MRFV), vírus do mosqueado clorótico do milho (MCMV), e enfezamento (Corn Stunt), de um ciclo de seleção divergente em quatro populações de milho (CEX). Piracicaba-SP, 1993/94.

População	Ciclos	<i>E. turcicum</i>	<i>P. Polysora</i>	MRFV	MCMV	Enfezamento
CEX-1	0	23,3	31,5	15,4	10,7	14,4
	R	13,4	30,9	19,8	13,0	11,8
	Média	18,4	31,2	17,6	11,8	13,1
CEX-2	0	15,7	23,5	12,3	15,4	16,3
	R	10,8	34,5	15,0	11,1	20,1
	S	21,6	21,3	13,5	12,8	17,9
Média		16,0	26,4	13,6	13,1	18,1
CEX-3	0	17,6	25,1	21,9	18,0	16,2
	R	8,8	27,2	22,4	6,9	20,6
	S	20,7	23,7	10,4	11,7	13,3
Média		15,7	25,3	18,2	12,2	16,7
CEX-4	0	15,8	34,6	9,4	14,3	17,9
	R	7,0	31,2	23,2	14,1	16,0
	S	22,5	26,8	13,5	19,3	11,7
Média		15,1	30,9	15,4	15,9	15,2

Ciclos: 0: população original; R: seleção para resistência; S: seleção para suscetibilidade.

Tabela 44. Médias de produtividade de grãos, comprimento e diâmetro de espiga, peso de 300 grãos, peso específico de grãos, comprimento e espessura de grão de um ciclo de seleção divergente para a mancha da folha por *Exserohilum turcicum*, em quatro populações de milho (CEX). Piracicaba-SP, 1993/94.

Populações	Ciclos	Produtividade grãos (Kg/parcela)		Espiga (cm)		Peso 300 grãos (g)	Peso específico (g/ml)	Grão (cm)	
		grãos	comprimento	comprimento	diâmetro			comprimento	espessura
CEX-1	0	2,42	15,1	3,97	63,7	206,1	0,94	0,43	
	R	2,10	14,9	3,91	58,8	206,3	0,91	0,43	
	Média	2,26	15,0	3,94	61,2	206,2	0,92	0,43	
CEX-2	0	2,22	15,2	4,01	63,9	206,0	0,93	0,45	
	R	1,83	14,9	3,87	61,2	205,3	0,94	0,43	
	S	2,01	14,7	3,88	61,1	204,9	0,92	0,44	
Média	2,02	14,9	3,92	62,1	205,4	0,93	0,44		
CEX-3	0	1,81	14,9	3,78	58,6	204,8	0,93	0,44	
	R	1,88	15,4	3,87	59,7	205,0	0,92	0,44	
	S	1,59	14,6	3,78	56,7	205,1	0,89	0,44	
Média	1,76	15,0	3,81	58,3	205,0	0,91	0,44		
CEX-4	0	1,80	14,9	3,72	60,8	206,3	0,89	0,47	
	R	1,61	14,4	3,57	59,9	206,2	0,87	0,44	
	S	1,78	14,7	3,67	63,7	205,7	0,92	0,46	
Média	1,73	14,7	3,65	61,5	206,1	0,89	0,46		

Ciclos: 0: população original; R: seleção para resistência; S: seleção para suscetibilidade.

Tabela 45. Médias dos caracteres florescimento masculino, altura de planta e espiga, acamamento de raiz e porcentagem de umidade de um ciclo de seleção divergente para a mancha da folha por *Exserohilum turcicum*, em quatro populações de milho (CEX). Piracicaba-SP, 1993/94.

Populações	Ciclos	Florescimento masculino (dias)	Altura (cm)		Acamamento raiz (%)	Umidade grão (%)
			planta	espiga		
CEX-1	0	64,6	199,2	112,9	2,42	36,6
	R	66,0	207,5	118,9	2,10	37,8
	Média	65,3	203,4	115,9	2,26	37,2

CEX-2	0	64,7	206,4	118,2	2,22	37,5
	R	66,3	197,1	108,2	1,83	36,6
	S	64,5	198,5	106,6	2,01	35,8
Média	65,2	200,7	111,0	2,02	36,6	

CEX-3	0	65,2	196,0	106,9	1,81	36,6
	R	66,2	195,4	107,9	1,88	38,9
	S	64,6	190,1	100,2	1,59	34,9
Média	65,3	193,8	105,0	1,76	36,8	

CEX-4	0	64,0	191,2	101,7	1,80	32,2
	R	65,3	190,1	105,2	1,61	36,5
	S	64,0	185,9	98,8	1,79	34,2
Média	64,4	189,1	101,9	1,73	34,3	

Ciclos: 0: população original; R: seleção para resistência; S: seleção para suscetibilidade.

Tabela 46. Quadrados médios das análises da variância em blocos casualizados com parcelas subdivididas, média geral (\bar{X}), e coeficientes de variação (CVa% e CVb%) de dados transformados em arco seno \sqrt{X} da seleção divergente para a mancha da folha por *Exserohilum turcicum* e resposta indireta das doenças por *Puccinia polysora*, vírus da risca (MRFV), vírus do mosqueado clorótico (MCMV) e enfezamento (Corn Stunt), em quatro populações de milho (CEX). Piracicaba-SP, 1993/94.

FV	GL	<i>E. turcicum</i>	<i>P. polysora</i>	MRFV	MCMV	Enfezamento
Blocos (B)	12	125,800*	219,567**	394,683**	99,297 ^{ns}	39,703 ^{ns}
Populações (P)	3	91,314 ^{ns}	150,794 ^{ns}	116,759 ^{ns}	169,627 ^{10%}	85,649 ^{10%}
Erro (a)	36	53,763	72,025	69,642	60,770	39,153
Ciclos/Populações	7	534,237**	114,601 ^{ns}	303,743**	201,140*	82,458 ^{ns}
Ciclos/CEX 1	1	377,495*	0,940 ^{ns}	114,618 ^{ns}	85,142 ^{ns}	32,257 ^{ns}
Ciclos/CEX 2	2	366,558**	293,742**	12,141 ^{ns}	71,637 ^{ns}	41,775 ^{ns}
Ciclos/CEX 3	2	499,137**	22,441 ^{ns}	566,818**	514,436**	114,897 ^{10%}
Ciclos/CEX 4	2	815,387**	167,961 ^{10%}	426,834**	75,345 ^{ns}	115,803 ^{10%}
Erro (b)	84	65,847	67,603	64,087	80,316	55,187
\bar{X} (média geral)		22,01	31,40	21,70	19,69	22,71
CV(a)% (parcelas)		12,0	10,8	13,8	18,4	11,3
CV(b)% (subparcelas)		36,9	26,2	36,9	45,5	32,7

** , * , 10% - significância ao nível de 1%, 5% e 10%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 47. Quadrados médios das análises da variância em blocos casualizados com parcelas subdivididas, média geral (\bar{X}), e coeficientes de variação (CVa% e CVb%) da seleção divergente para a mancha da folha por *Exserohilum turcicum* e resposta indireta da produtividade de grãos, comprimento e diâmetro de espiga, peso de 300 grãos, comprimento e espessura de grão e peso específico de grãos, em quatro populações de milho (CEX). Piracicaba-SP, 1993/94.

FV	GL	Produtividade		Espiga		Peso-300		Peso		Grão	
		grãos	comprimento	diâmetro	grãos	grãos	específico	comprimento	espessura		
Blocos (B)	12	0,107 ^{ns}	1,445 ^{ns}	0,129 ^{**}	47,462 ^{ns}	4,160 ^{ns}	0,004*	0,001 ^{ns}			
Populações (P)	3	1,921 ^{**}	0,899 ^{ns}	0,595*	106,993 ^{ns}	11,672*	0,009 ^{**}	0,004 ^{**}			
Erro (a)	36	0,163	0,890	0,045	58,575	3,561	0,002	0,001			
Ciclos/Populações	7	0,363*	1,016 ^{ns}	0,058 ^{ns}	54,418 ^{ns}	1,368 ^{ns}	0,005 ^{**}	0,001 ^{ns}			
Ciclos/CEX 1	1	0,682*	0,323 ^{ns}	0,025 ^{ns}	157,538 ^{**}	0,346 ^{ns}	0,007*	0,000 ^{ns}			
Ciclos/CEX 2	2	0,507*	0,693 ^{ns}	0,079 ^{ns}	31,487 ^{ns}	3,872 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,001 ^{ns}			
Ciclos/CEX 3	2	0,282 ^{ns}	1,884 ^{10%}	0,034 ^{ns}	30,026 ^{ns}	0,333 ^{ns}	0,005*	0,000 ^{ns}			
Ciclos/CEX 4	2	0,141 ^{ns}	0,819 ^{ns}	0,077 ^{ns}	50,179 ^{ns}	0,410 ^{ns}	0,008 ^{**}	0,003 ^{**}			
Erro (b)	84	0,152	0,748	0,039	33,378	3,519	0,002	0,001			
\bar{X} (média geral)		1,92	14,88	3,82	60,73	205,60	0,91	0,44			
CV (a)% (parcelas)		20,1	1,8	5,6	3,2	0,5	4,3	4,1			
CV (b)% (subparcelas)		20,4	5,8	5,2	9,5	1,0	4,6	6,0			

** , * , 10% - significância ao nível de 1%, 5% e 10%, pelo Teste F.

ns - não significativo.

Tabela 48. Quadrados médios das análises da variância em blocos casualizados com parcelas subdivididas, média geral (\bar{X}), e coeficientes de variação (CVa% e CVb%) da seleção divergente para a mancha da folha por *Exserohilum turcicum* e a resposta indireta dos caracteres florescimento masculino, altura de planta e espiga, acamamento de raiz, e umidade de grão, em quatro populações de milho (CEX). Piracicaba-SP, 1993/94.

FV	GL	Florescimento		Altura		Acamamento		Umidade
		masculino	planta	espiga	raiz	grão		
Blocos (B)	12	1,918 ^{ns}	504,781**	187,210*	0,107 ^{ns}	25,818 ^{ns}		
Populações (P)	3	6,856*	1472,282**	1279,553**	1,921**	65,039 ^{10%}		
Erro (a)	36	2,254	182,305	86,331	0,163	23,082		
Ciclos/Populações	7	10,125**	221,883 ^{ns}	284,374**	0,363*	37,089 ^{ns}		
Ciclos/CEX 1	1	12,462*	448,615 ^{ns}	234,000 ^{ns}	0,682*	9,846 ^{ns}		
Ciclos/CEX 2	2	13,154**	325,718 ^{10%}	517,462**	0,507*	9,503 ^{ns}		
Ciclos/CEX 3	2	8,641*	137,872 ^{ns}	225,538*	0,282 ^{ns}	53,597 ^{10%}		
Ciclos/CEX 4	2	7,410*	88,692 ^{ns}	135,308 ^{ns}	0,139 ^{ns}	61,787 ^{10%}		
Erro (b)	84	2,263	135,518	68,140	0,152	25,734		
<hr/>								
\bar{X} (média geral)		65,04	196,06	107,74	1,91	36,13		
CV (a)% (parcelas)		1,1	5,4	9,2	20,1	22,3		
CV (b)% (subparcelas)		2,3	5,97,7	20,4	14,4			

** , * , 10% - significância ao nível de 1%, 5% e 10%, pelo Teste F.
ns - não significativo.

FIGURAS

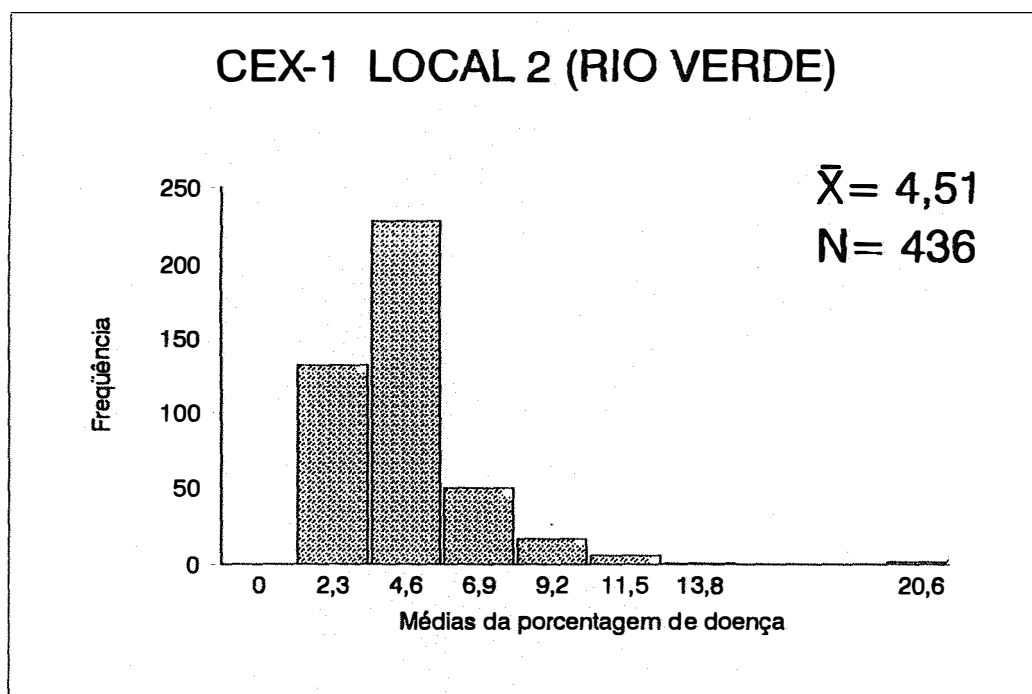
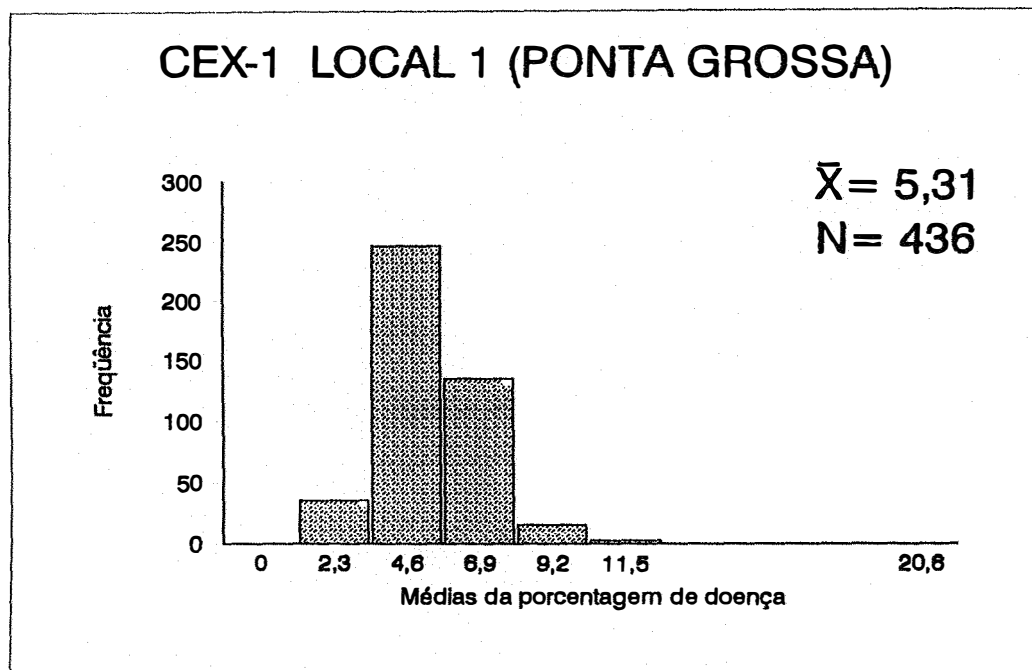


Figura 01. Distribuição de freqüências das médias da porcentagem de doença por *Exserohilum turcicum* de progênies meio irmãos para a população CEX-1, nos locais de Ponta Grossa-PR (Local 1) e Rio Verde-GO (Local 2), 1992/93.

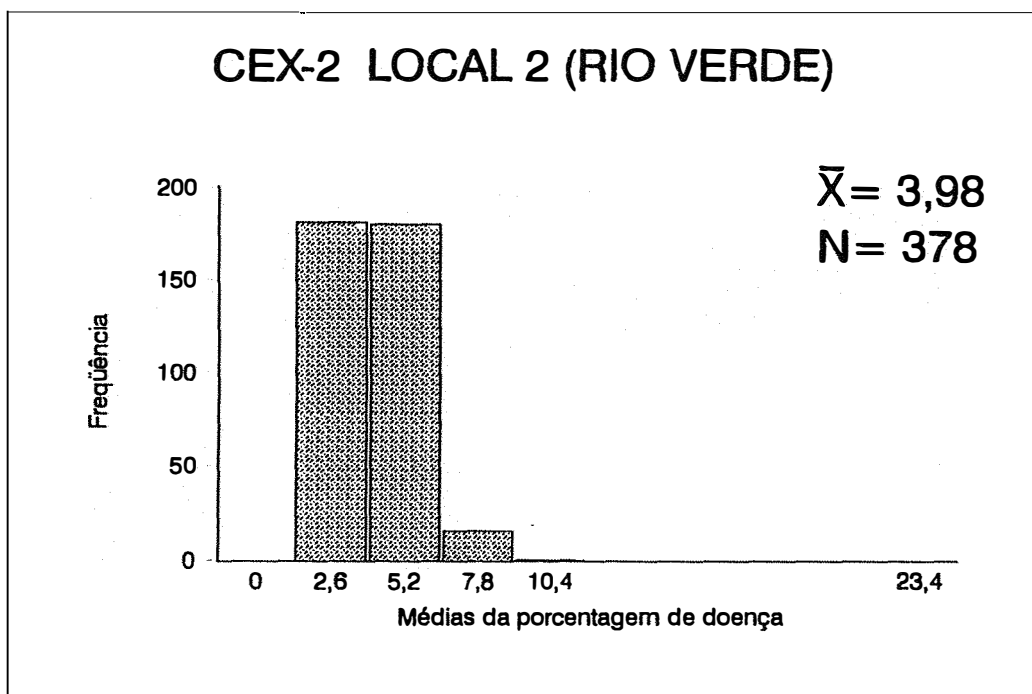
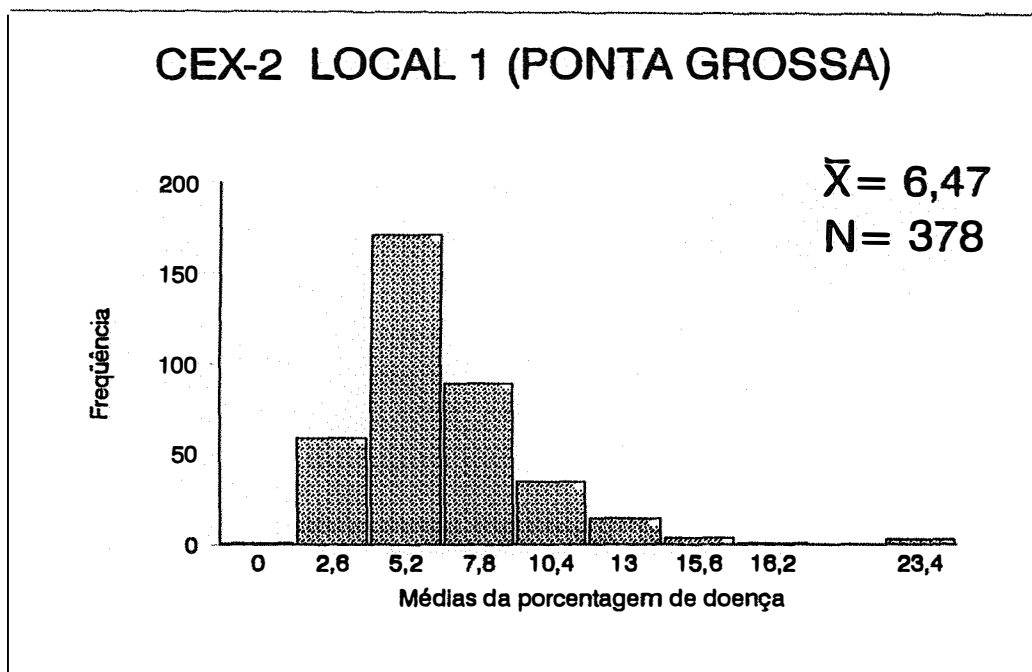


Figura 02. Distribuição de freqüências das médias da porcentagem de doença por *Exserohilum turcicum* de progênies meio irmãos para a população CEX-2, nos locais de Ponta Grossa-PR (Local 1) e Rio Verde-GO (Local 2), 1992/93.

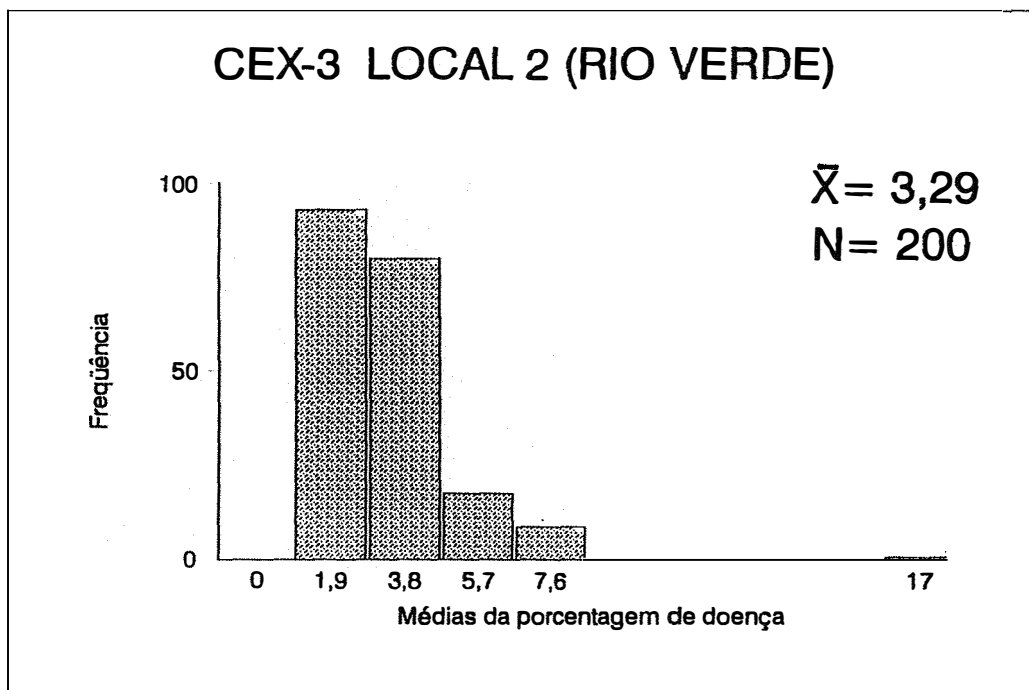
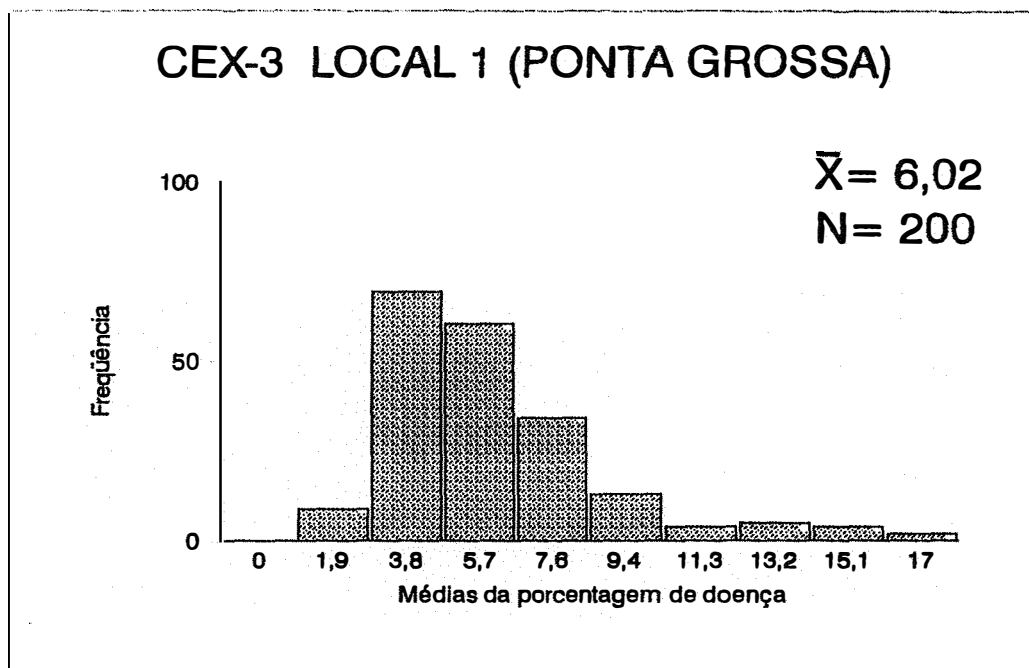


Figura 03. Distribuição de frequências das médias da porcentagem de doença por *Exserohilum turcicum* de progênies meio irmãos para a população CEX-3, nos locais de Ponta Grossa-PR (Local 1) e Rio Verde-GO (Local 2), 1992/93.

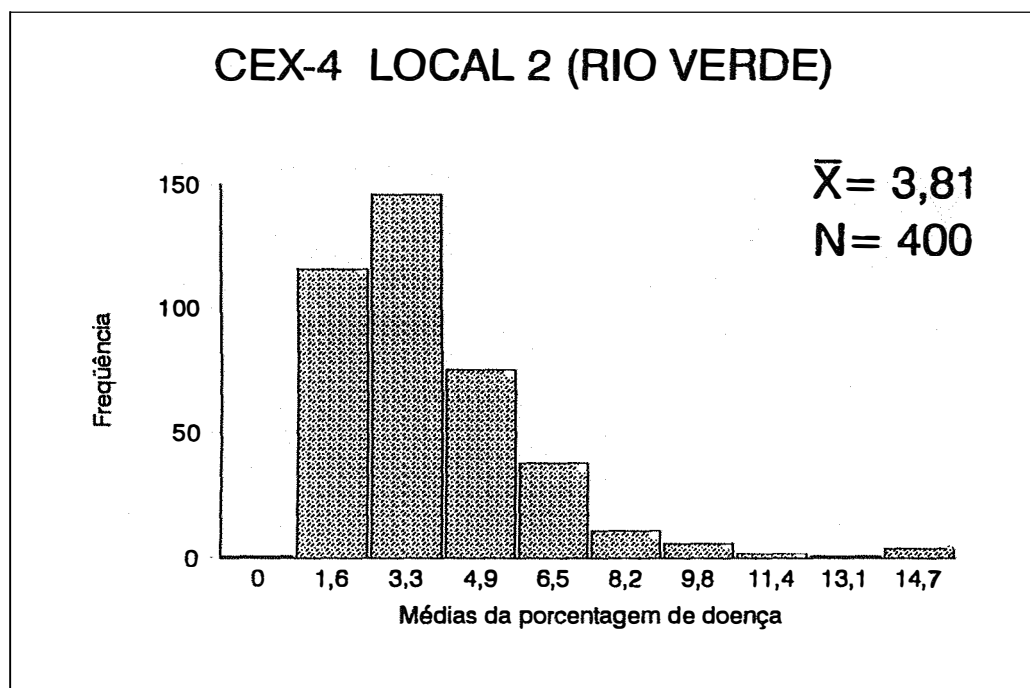
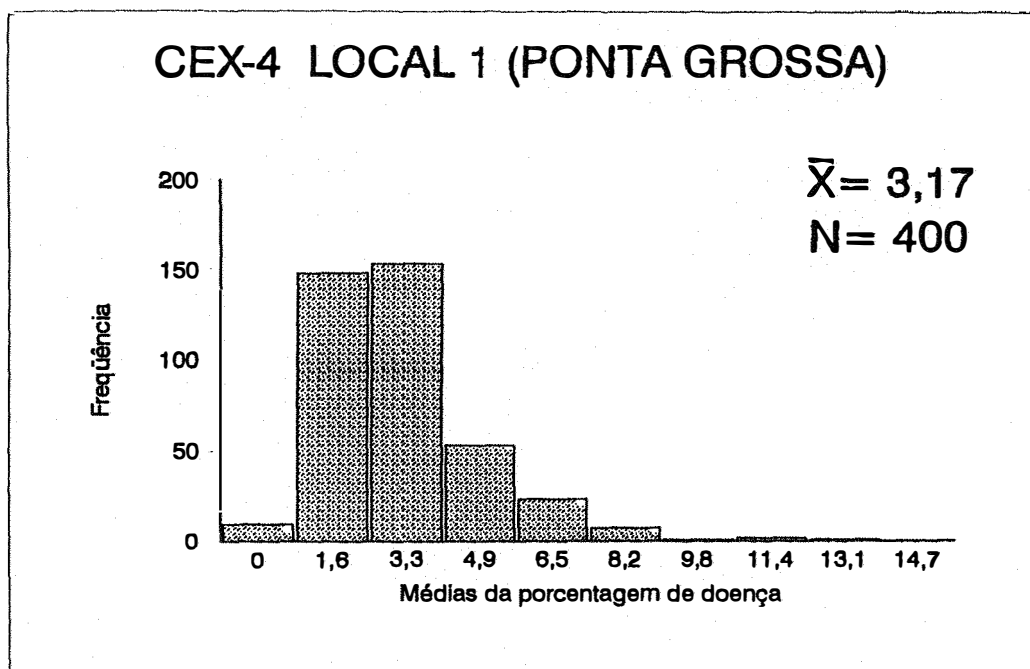


Figura 04. Distribuição de frequências das médias da porcentagem de doença por *Exserohilum turcicum* de progênies meio irmãos para a população CEX-4, nos locais de Ponta Grossa-PR (Local 1) e Rio Verde-GO (Local 2), 1992/93.