

**RESISTÊNCIA DE HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA A *Exserohilum turcicum*,  
AGENTE CAUSAL DA HELMINTOSPORIOSE DO MILHO****RESISTANCE OF POPCORN HYBRIDS TO *Exserohilum turcicum*, CAUSAL  
AGENT OF NORTHERN LEAF BLIGHT OF MAIZE**

Rafael Augusto VIEIRA<sup>1</sup>  
Dauri José TESSMANN<sup>2</sup>  
Fernando Teruhiko HATA<sup>3</sup>  
Eliezer Rodrigues de SOUTO<sup>4</sup>  
Renata Moreschi MESQUINI<sup>3</sup>

**RESUMO**

Para avaliar a resistência de híbridos experimentais e comerciais de milho-pipoca à *Exserohilum turcicum*, agente causal da helmintosporiose do milho, implementou-se um ensaio em delineamento de blocos completos com tratamentos ao acaso, com quatro repetições, em Maringá, Paraná, na safra 2007/2008. O objetivo adicional foi comparar a eficiência de discriminação da resistência utilizando apenas uma das avaliações ou uma série de avaliações. Incidência e a severidade, avaliadas em quatro avaliações, foram usadas para estimar a área abaixo da curva de progresso da incidência (AACPI) e da severidade (AACPS). Os dados de incidência e severidade na última avaliação, mais a AACPI e AACPS foram submetidos à análise de variância e teste de Scott-Knott para comparar a resistência dos genótipos. A análise de correlações de postos de Spearman foi utilizada para verificar qual o grau de associação entre os dados de severidade, de incidência, AACPS e AACPI. Foram constatadas diferenças significativas ( $P \leq 0,001$ ) de resistência entre os genótipos avaliados, permitindo a formação de três agrupamentos de resistência. Os híbridos UEM129, UEM145, UEM140, UEM116 e UEM101 apresentaram menores índices de intensidade da doença, e foram considerados os genótipos mais resistentes. Estes híbridos superaram os híbridos UEM109, UEM153 e IAC 112, classificados como resistentes, e Zélia e Jade, considerados susceptíveis. Pelas correlações constatou-se que a avaliação de incidência e severidade no estágio de grão pastoso não proporcionou dados equivalentes à AACPS e AACPI para a discriminação da resistência à *E. turcicum*.

**Palavras-chave:** *Zea mays*; doenças foliares do milho; resistência genética.

**ABSTRACT**

For evaluating resistance of experimental and commercial popcorn hybrids to *Exserohilum turcicum*, the causal agent of Northern leaf blight of maize, an experiment was carried out in randomized block design with four replications, in Maringá, State of Paraná, during the 2007/2008 cropping season. An additional objective was to compare the efficiency of using a single disease assessment compared to several assessments for discriminating resistance. The incidence and severity of the disease, evaluated four times during the season, were used for estimating the area under the disease progress curve of incidence (AUDPCI) and severity (AUDPCS). The last assessment of incidence and severity, AUDPCI and AUDPCS were used to compare the genotypes by analysis of variance and Scott-Knott test. Spearman's rank correlations among incidence, severity, AUDPCI and AUDPCS values were estimated to describe their associations. Significant differences ( $P \leq 0.001$ ) of resistance were verified among genotypes. The hybrids UEM129, UEM145, UEM140, UEM116 and UEM101 presented the lowest levels of disease and were considered the most resistance genotypes. These genotypes overcame UEM109, UEM153 and IAC 112, which are considered resistant standards and, Zélia and Jade, considered susceptible. The correlation analysis showed that the assessment of incidence and severity at dough stage did not provide same data as AUDPCI and AUDPCS for discriminating resistance to *E. turcicum*.

**Key-words:** *Zea mays*; leaf diseases of maize; genetic resistance.

<sup>1</sup> Engenheiro Agrônomo, Mestrando do curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, da Universidade Estadual de Maringá, Maringá, Paraná, Brasil. E-mail: rfavieira@msn.com

<sup>2</sup> Engenheiro Agrônomo, Doutor em *Plant Pathology*, Professor do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual de Maringá, Avenida Colombo, 5790, 87020-900, Maringá, Paraná, Brasil. E-mail: djtessmann@uem.br. Autor para correspondência.

<sup>3</sup> Aluno do curso de graduação em Agronomia da Universidade Estadual de Maringá, Maringá, Paraná, Brasil. E-mail: prox\_fdinhu@hotmail.com, remesquini@live.com

<sup>4</sup> Biólogo, Doutor em *Plant Pathology*, Professor do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual de Maringá, Maringá, Paraná, Brasil. E-mail: ersouto@uem.br

## INTRODUÇÃO

A cultura do milho é afetada por diversas doenças foliares, as quais podem causar danos significativos no rendimento e na qualidade dos grãos. No Brasil, estas doenças têm aumentado de importância devido ao incremento de inóculo e das condições ambientais favoráveis, proporcionada principalmente por sementeiras em segunda safra e pela ausência de rotação de culturas.

Em particular ao milho-pipoca, a helmintosporiose, causada por *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs (sin. *Helminthosporium turcicum* Pass.) caracteriza-se como uma das principais doenças foliares (Fantin et al., 1991; Miranda et al., 2002), sendo que o uso de cultivares resistentes é a principal medida de controle, uma vez que reduz custos de produção e minimiza riscos à atividade e ao meio ambiente.

A resistência poligênica, ou horizontal, é amplamente empregada no controle genético da helmintosporiose e, se expressa em plantas adultas por meio da redução do número e área de lesões e da esporulação (Jennings & Ullstrup, 1957; Hilu & Hooker, 1964; Bleicher & Balmer, 1993). Em geral, a resistência poligênica refere-se à expressão de vários genes de pequenos efeitos aditivos. Porém, para a resistência à *E. turcicum*, genes de efeitos aditivos e de efeitos não aditivos (dominantes e, ou epistáticos) têm sido importantes (Ogliari et al., 2007). Neste contexto, a resistência poligênica à helmintosporiose pode ser caracterizada também pela ação conjunta de genes aditivos e não-aditivos. Entre genótipos de milho-pipoca, diferentes níveis de resistência à helmintosporiose já foram relatados (Fantin et al., 1991; Miranda et al., 2002; Freitas Júnior, 2005), indicando a possibilidade da concentração de alelos por meio de melhoramento.

Isso posto, realizou-se este estudo, que objetivou avaliar híbridos experimentais de milho-pipoca, desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento de Milhos Especiais da Universidade Estadual de Maringá, e também híbridos comerciais quanto a resistência à *E. turcicum*, agente causal da helmintosporiose. Ainda sim, buscou-se comparar a eficiência de discriminação da resistência utilizando apenas uma das avaliações e uma série de avaliações, iniciadas no florescimento.

## MATERIAL E MÉTODOS

O ensaio foi implementado na segunda quinzena de outubro de 2007, em Maringá, Paraná, em área pertencente à Universidade Estadual de Maringá (23°21' de latitude Sul, 52°04' de longitude Oeste e 510 m de altitude). O delineamento adotado foi de blocos completos com tratamentos ao acaso, com quatro repetições. As parcelas experimentais consistiram de três linhas de sementeira de 5,0 m de comprimento, sendo a linha central considerada como parcela útil para as avaliações. As parcelas receberam adubação de 20 kg ha<sup>-1</sup> de N, 50 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> e 50 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O na sementeira e, 100 kg ha<sup>-1</sup> de N em cobertura,

aos 30 dias após a emergência das plantas. O espaçamento entre linhas foi de 0,90 m, com densidade de sementeira de cinco sementes por metro linear. Os tratamentos culturais foram realizados conforme a necessidade, seguindo as recomendações para a cultura do milho.

Os tratamentos constaram de sete híbridos simples experimentais de milho-pipoca, desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento de Milhos Especiais da Universidade Estadual de Maringá, e dos híbridos comerciais IAC 112, Zélia e Jade. Os híbridos UEM foram provenientes do cruzamento de linhagens em quinta geração de endogamia, extraídas da variedade 'Beija-Flor'.

A incidência e a severidade de helmintosporiose foram avaliadas sob condições naturais de infestação, em quatro avaliações realizadas em intervalos regulares de 15 dias, iniciadas após o florescimento. Em cada parcela foram amostradas quatro plantas, identificadas na primeira avaliação. Em cada planta foram avaliadas três folhas (folha localizada na altura da espiga, folha localizada imediatamente abaixo e folha imediatamente acima da espiga). Para auxílio na estimativa de severidade utilizou-se a escala diagramática proposta por Canteri et al. (1999). As avaliações foram utilizadas para estimar a evolução da helmintosporiose nos genótipos por meio da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), calculada conforme procedimento proposto por Campbell & Madden (1990).

As estimativas de incidência e severidade na última avaliação e da AACPI (área abaixo da curva de progresso da incidência) e AACPS (área abaixo da curva de progresso da severidade) foram analisadas quanto à homogeneidade das variâncias pelo teste de Bartlett, e quanto à distribuição dos erros pelo método de Kolmogorov-Smirnov. Para estes procedimentos foi utilizado o programa SAS 9.1 versão para Windows (SAS Institute, 2000). Para o atendimento dos pressupostos de normalidade e homogeneidade, as estimativas foram transformadas para a escala log de (x + 0,5), e em seguida, submetidas à análise de variância (ANOVA) e teste de Scott-Knott, em nível de 5% de probabilidade. Estas análises foram realizadas por meio do programa SISVAR.

Posteriormente, foram estimados coeficientes de correlação de postos de Spearman entre a incidência e severidade de helmintosporiose nas três últimas avaliações (aos 70, 85 e 100 dias após a sementeira), AACPI e AACPS. Adotou-se o método de Spearman por este permitir que os dados tenham distribuição livre, ao contrário da correlação de Pearson, que pressupõe distribuição normal. As correlações foram estimadas utilizando o programa SAS 9.1.

## RESULTADOS

Os resultados da análise de variância revelaram diferenças altamente significativas (P≤0,001) entre os genótipos para a incidência e

severidade na última avaliação e para AACPI e AACPS (Tabela 1). Por meio do teste de Scott-Knott aplicado a AACPI e AACPS, puderam ser formados

três agrupamentos de genótipos, referentes a diferentes níveis de resistência à helmintosporiose.

TABELA 1 – Estimativas médias de incidência e severidade na última avaliação, aos 100 dias após a semeadura (d.a.s.), e de área abaixo da curva de progresso calculada com base na incidência (AACPI) e na severidade (AACPS)<sup>(1)</sup>.

Genótipo	aos 100 d.a.s.		Área abaixo	
	Incidência	Severidade	Incidência (AACPI)	Severidade (AACPS)
UEM101	20,83 a	1,98 a	295,25 a	25,69 a
UEM109	15,83 a	2,38 a	620,27 b	43,19 b
UEM116	15,83 a	1,81 a	293,91 a	24,15 a
UEM129	5,56 a	0,37 a	202,75 a	8,82 a
UEM140	5,83 a	0,56 a	394,18 a	19,28 a
UEM145	14,17 a	1,36 a	287,51 a	15,03 a
UEM153	32,08 b	4,40 a	814,53 b	83,97 b
IAC 112	31,25 b	4,01 a	826,48 b	68,77 b
Zélia	54,59 c	11,74 b	1.732,52 c	269,27 c
Jade	72,50 c	19,75 c	1.746,06 c	313,10 c
Média	26,85	4,84	734,64	89,13
P > F <sup>(2)</sup>	0,0001	0,0001	<0,0001	<0,0001
CVe <sup>(3)</sup>	31,87	35,41	9,16	17,53

<sup>(1)</sup> Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott, a 10% de probabilidade.

<sup>(2)</sup> Probabilidade mínima de significância para o efeito de genótipo, pelo teste F.

<sup>(3)</sup> Coeficiente de variação experimental, em porcentagem.

O grupo de genótipos que apresentou os maiores índices de AACPI e AACPS e, por conseguinte, os menores níveis de resistência, foi formado pelos híbridos comerciais Zélia e Jade, classificados como susceptíveis à helmintosporiose de acordo com as informações de Embrapa Milho e Sorgo (2008).

Os híbridos UEM109, UEM153 e IAC 112 constituíram o segundo agrupamento de genótipos com base na AACPS e na AACPI (Tabela 1). Por apresentarem-se no mesmo agrupamento que IAC 112, melhor referencial de resistência às doenças em milho-pipoca e resistente à helmintosporiose (Miranda et al., 2002; Embrapa Milho e Sorgo, 2008), os híbridos UEM109 e UEM153 puderam ser considerados como resistentes à helmintosporiose.

O terceiro grupo de genótipos foi formado pelos híbridos UEM129, UEM145, UEM140, UEM116, UEM101 e UEM109, que expressaram as menores intensidades de doença dentre os genótipos avaliados (Tabela 1). Assim, esses híbridos apresentaram nível de resistência superior aos genótipos do primeiro grupo (susceptíveis) e do segundo grupo (resistentes), dentre os quais esteve o híbrido IAC 112 – resistente à helmintosporiose (Embrapa Milho e Sorgo, 2008).

Por meio da análise de correlação, verificou-se coeficiente de 0,77 para associação

entre severidade na última avaliação e a AACPS (Tabela 2). Isso indica que, realizando-se apenas a avaliação aos 100 dias após a semeadura (aproximadamente, no estágio de grão pastoso), ter-se-ia incorrido em perdas significativas de informação quando comparado aos dados de AACPS, que se baseiam em todas as avaliações realizadas e é considerado o critério mais fidedigno para discriminação da resistência (Von Pinho et al., 2000). Quando considerou-se o coeficiente entre incidência na última avaliação e AACPI, a situação é semelhante, sendo estimada a associação em 0,80 (Tabela 2).

## DISCUSSÃO

Este estudo identificou híbridos de milho-pipoca com níveis de resistência genética à *E. turcicum* superiores ao referencial de resistência em avaliações de genótipos de milho-pipoca, o híbrido IAC 112. De acordo com a literatura, para genótipos de milho comum e milho doce, as maiores intensidades de helmintosporiose estão associadas a danos de rendimento e, infecções anteriores ao pendoamento das plantas foram determinantes para prejuízos elevados (Fisher et al., 1976; Issa, 1983; Perkins & Pedersen, 1987; Pataky, 1992). Assim sendo, acredita-se que os híbridos considerados resistentes não sofram expressivas reduções de rendimento de grãos devidas à helmintosporiose.

TABELA 2 – Coeficientes de correlação de Spearman entre incidência e severidade nas avaliações aos 70, 85 e 100 dias após a semeadura (d.a.s.) e entre a área abaixo da curva de progresso calculada com base na incidência (AACPI) e na severidade (AACPS).

	Incidência			AACPI	Severidade			AACPS
	70 d.a.s.	85 d.a.s.	100 d.a.s.		70 d.a.s.	85 d.a.s.	100 d.a.s.	
Incidência 70 d.a.s.	1,00							
Incidência 85 d.a.s.	0,35*	1,00						
Incidência 100 d.a.s.	0,30 <sup>ns</sup>	0,59**	1,00					
AACPI	0,56**	0,82**	0,80**	1,00				
Severidade 70 d.a.s.	0,96**	0,34**	0,27 <sup>ns</sup>	0,56**	1,00			
Severidade 85 d.a.s.	0,49**	0,91**	0,62**	0,90**	0,51**	1,00		
Severidade 100 d.a.s.	0,35*	0,59**	0,96**	0,85**	0,33*	0,64**	1,00	
AACPS	0,53**	0,93**	0,76**	0,94**	0,51**	0,91**	0,77**	1,00

\*: Significativo a  $P \leq 0,05$ ; \*\*: Significativo a  $P \leq 0,01$ ; <sup>ns</sup>: Não significativo ( $P > 0,05$ ).

A obtenção de híbridos de milho-pipoca com bons índices de rendimento de grãos e capacidade de expansão está relacionada a menores níveis de depressão endogâmica nas seguidas gerações de autofecundação das linhagens, o que pode ser conseguido extraíndo-as de populações pouco divergentes e que detenham bons índices para as características (Simon et al., 2004; Scapim et al., 2006). Considerando esse fato, e os altos níveis de resistência verificados em alguns dos híbridos avaliados neste trabalho, oriundos de linhagens extraídas da variedade 'Beija-Flor', tolerante à helmintosporiose (Freitas Júnior, 2005), é possível inferir que linhagens resistentes à helmintosporiose também possam ser obtidas de populações pouco divergentes e que, necessariamente, também detenham alelos favoráveis para resistência. Considerando ainda os ganhos genéticos de resistência à helmintosporiose em ciclos de seleção recorrente (Bleicher & Balmer, 1993), demonstrando a possibilidade de concentração de genes de resistência, populações podem ser melhoradas com o intuito de prover linhagens resistentes e que sirvam como fonte de alelos em programas de melhoramento.

A eficiência da discriminação da resistência está associada a níveis de intensidade de doença suficientes para diferenciar os genótipos, tomando como base as análises estatísticas sob um delineamento adequado. É oportuno ressaltar que, neste trabalho, os índices máximos de severidade e incidência foram, respectivamente, de cerca de 30% e 100%, em folhas do terço mediano-superior. Assim, considerando que, em geral, doenças fúngicas foliares progridem de forma ascendente na planta de milho, pode-se concluir que a intensidade da doença foi suficientemente alta para possibilitar uma discriminação fidedigna dos níveis de resistência.

Análises das correlações entre AACPD e intensidade de doença na última avaliação foram

realizadas para outros patossistemas do milho, tais como os que envolvem os fungos *Phaeosphaeria maydis* (Souza & Duarte, 2002) e *Cercospora zeae-maydis* (Brunelli, 2004), que causam, respectivamente, a mancha branca e a cercosporiose do milho, e demonstraram que é possível proceder com apenas uma avaliação tardia (em grão leitoso à pastoso). Para programas de melhoramento de milho, que avaliam grande número de genótipos, as altas associações entre os valores de AACPD e intensidade de doença nas avaliações são importantes para que a discriminação do nível de resistência seja feita apenas por uma avaliação, despendendo menor tempo. Porém, no caso da helmintosporiose, os resultados indicaram que realizar apenas uma avaliação tardia não proporciona dados equivalentes à AACPD, o que poderia comprometer a discriminação da resistência.

Em milho, o controle genético de *E. turcicum* pode ser feito por resistência quantitativa (usando vários genes de pequenos efeitos) e, por resistência qualitativa (advinda de poucos genes de grande efeito na redução da intensidade da doença). Ogliari et al. (2007) ressaltam que estes dois tipos de resistência podem ser encontrados atuando separadamente, ou em conjunto. De fato, estudos realizados e, ainda não publicados, com linhagens de milho e de milho-pipoca do Programa de Melhoramento de Milhos Especiais da UEM, indicaram que tanto os efeitos gênicos aditivos (referentes à resistência quantitativa) quanto os efeitos não-aditivos (referentes à resistência qualitativa, advinda de genes sob efeitos de dominância e epistasia) tem sido importantes para conferir resistência à helmintosporiose.

A expressão de características controladas por um grande número de genes (exemplo, produtividade) é, sabidamente, mais influenciada pelas condições ambientais do que características controladas por poucos genes. No caso dos

híbridos UEM testados neste estudo, é possível que a resistência seja conferida pela ação conjunta de genes de efeitos aditivos e de efeitos não-aditivos; assim como observado para demais genótipos provenientes do germoplasma do Programa. Assim sendo, as variações na expressão da resistência devidas ao ambiente serão equivalentes à predominância de genes aditivos. Então, acredita-se que os híbridos UEM detenham um nível satisfatório de estabilidade fenotípica para a resistência à helmintosporiose, quando submetidos a diferentes condições ambientais de cultivo.

### CONCLUSÕES

1) Os híbridos UEM129, UEM145, UEM140, UEM116 e UEM101 foram mais resistentes à helmintosporiose do que o híbrido IAC

112, considerado referencial de resistência, bem como do que os híbridos UEM109 e UEM153.

2) Avaliar a incidência e a severidade de helmintosporiose por apenas uma avaliação em estágio pastoso não proporcionou dados equivalentes à AACPS e AACPI, o que poderia comprometer a discriminação da resistência dos genótipos.

### AGRADECIMENTOS

Ao CNPq e à Fundação Araucária do Estado do Paraná pelo apoio financeiro à pesquisa.

### CONFLITOS DE INTERESSE

Os autores declaram que não há qualquer relação comercial com empresas produtoras de sementes ou empresas de melhoramento de milho.

### REFERÊNCIAS

1. BLEICHER, J.; BALMER, E. Efeitos da seleção recorrente fenotípica sobre a resistência a *Exserohilum turcicum* (Pass) Leonarde & Suggs em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 28, n. 11, p. 1291-1295, 1993.
2. BRUNELLI, K. R. **Cercospora zeae-maydis: esporulação, diversidade morfo-genética, e reação de linhagens de milho**. 2004. 105 p. Tese (Doutorado em Agronomia – Fitopatologia)– Curso de Pós-Graduação em Agronomia, Escola Superior de Agricultura 'Luiz de Queiroz', Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.
3. CAMPBELL, C. L.; MADDEN, L. V. **Introduction to plant disease epidemiology**. New York: John Wiley & Sons, 1990. 532 p.
4. CANTERI, M. G.; PRIA, M. D.; NASCIMENTO, M. A. **Helmap - software para seleção e treinamento de avaliadores de severidade de doenças na cultura do milho**. Ponta Grossa: Universidade Estadual de Ponta Grossa, 1999. CD-ROM.
5. EMBRAPA MILHO E SORGO. **Comportamento das cultivares de milho disponíveis no mercado brasileiro na safra 2007/08 em relação às principais doenças**. 2008. Disponível em: <<http://www.cnpmis.embrapa.br/milho/cultivares/tabela2.htm>> Acesso em: 9 ago. 2008.
6. FANTIN, G. M.; SAWAZAKI, E.; BARROS, B. C. Avaliação de genótipos de milho pipoca quanto à resistência a doenças e qualidade da pipoca. **Summa Phytopathologica**, v. 17, n. 2, p. 90-99, 1991.
7. FISHER, D. E. et al. Leaf infection and yield loss caused by four *Helminthosporium* leaf diseases of corn. **Phytopathology**, v. 66, n. 8, p. 942-944, 1976.
8. FREITAS JÚNIOR, S. P. **Capacidade combinatória em milho-pipoca por meio de dialelo circulante**. 2005. 117 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal)–Curso de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, 2005.
9. HILU, H. M.; HOOKER, A. L. Host-pathogen relationship of *Helminthosporium turcicum* in resistant e susceptible corn seedlings. **Phytopathology**, v. 54, n. 5, p. 570-575, 1964.
10. ISSA, E. Controle químico de *Helminthosporium turcicum* Pass em milho pipoca, *Zea mays* L. **O Biológico**, v. 49, n. 2, p. 41-43, 1983.
11. JENNINGS, P. R.; ULLSTRUP, A. J. A histological study of three *Helminthosporium* leaf blights of corn. **Phytopathology**, v. 47, n. 3, p. 707-714, 1957.
12. MIRANDA, G. V. et al. Reação de cultivares de milho-pipoca à helmintosporiose. **Revista Ceres**, v. 49, n. 285, p. 513-521, 2002.
13. OGLIARI, J. B. et al. New resistance genes in the *Zea mays*: *Exserohilum turcicum* pathosystem. **Genetics and Molecular Biology**, v. 28, n. 3, p. 435-439, 2007.
14. PATAKY, J. K. Relationships between yield of sweet corn and Northern leaf blight, caused by *Exserohilum turcicum*. **Phytopathology**, v. 82, n. 3, p. 370-375, 1992.
15. PERKINS, J. M.; PEDERSEN, W. L. Disease development and yield losses associated with northern leaf blight on corn. **Plant Disease**, v. 71, n. 10, p. 940-943, 1987.
16. SAS INSTITUTE. **SAS software: user's guide: version 8.2**. Cary: SAS Institute, 2000. 219 p.
17. SCAPIM, C. A. et al. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. **Ciência Rural**, v. 36, n. 1, p. 36-41, 2006.
18. SIMON, G. A. et al. Depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. **Bragantia**, v. 63, n. 1, p. 55-62, 2004.
19. SOUZA, J. C.; DUARTE, J. M. Reação de cultivares de milho a *Phaeosphaeria maydis*. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 26, n. 2, p. 325-331, 2002.
20. VON PINHO R. G. et al. Comparação de métodos para quantificação da severidade das ferrugens polissora e tropical do milho. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 24, n. 1, p. 22-36, 2000.

Recebido em 21/11/2008

Aceito em 10/07/2008

