

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**DESEMPENHO AGRONÔMICO E ADAPTATIVO E DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE
POPULAÇÕES DE MILHO LOCAL DERIVADAS DE MPA1 EM PROCESSO DE
MELHORAMENTO GENÉTICO**

GABRIEL MORENO BERNARDO GONÇALVES

Florianópolis
Julho/2013

Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves

**DESEMPENHO AGRONÔMICO E ADAPTATIVO E DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE
POPULAÇÕES DE MILHO LOCAL DERIVADAS DE MPA1 EM PROCESSO DE
MELHORAMENTO GENÉTICO**

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao curso de Graduação em Agronomia, do Centro de Ciências Agrárias, da Universidade Federal de Santa Catarina, como requisito para a obtenção do título de Engenheiro Agrônomo.

Orientadora e supervisora: Prof^ª. Dr^ª. Juliana Bernardi Ogliari

Florianópolis - SC
2013

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus.

A minha avó, Dona Clô, que está no céu, e que muito me ensinou, com muito carinho, autoridade e sabedoria. A minha avó, Dona Lezi, e que é um exemplo de humildade.

A meus pais, Joaquim e Joseane, pela oportunidade de viver, me ensinar seus princípios, serem pacientes e confiar em mim.

Aos meus padrinhos, Suzete e Marcos, que em muitos momentos foram simplesmente segundos pais.

A meus tios distantes, Ana e Ricardo, pelo carinho, incentivo e que mesmo muito distante não se esquece de me lembrar quando o Figueirense perde. Ao tio Pedro, por ser um amigo.

Meus irmãos, Ágatha e Daniel, que conhecem bem meu lado ruim, e ainda assim me amam.

Aos meus primos, por me trazerem grandes lembranças e que ainda vão participar de muitos momentos marcantes da minha vida. Muriell, a minha gêmea; Kalil, meu irmão mais novo; Kárita, a cabeça da família; Kharanna, a alternativa; Yasmine; Davi; Maíra; e Rômulo.

A meus amigos para vida toda, Diogo, Diego e Mariano, por estarem comigo em grandes momentos e poderão contar comigo sempre, e sei também, que poderei contar com eles.

Aos amigos que tive o prazer de dividir o mesmo apartamento durante o período de graduação, Mayara, Aline e Yuri.

Aos colegas e amigos de curso, agradeço a amizade de todos. Os colegas de turma: João negão, Leandro, Ronnie, Adriano, Hassein, Joãozinho,. A “ganguê” 2008.2, composta por Maíra, Carina, Carol, Maria, Ana e Fran. Além de Marcolino, Capivara, Dorso, Cabelo, Vitinho, Brasil, Estevão, Breno, Anna e Maila.

Aos colegas do NEABio. Ao Rafael, Kelly, Natália, Wesley, Rafael, Flaviane, Gian e em especial Rosenilda e Samuel.

A minha orientadora Juliana, pela sua paciência comigo desde o meu início da graduação, pelo incentivo para que eu desenvolvesse novas capacidades.

Agradeço ainda a todos os professores, e a sociedade brasileira que me deu essa oportunidade.

RESUMO

O milho (*Zea mays* L.) apresenta grande importância na economia mundial e de Santa Catarina. É um dos componentes principais na cadeia produtiva de aves e suínos e matéria prima para as agroindústrias. No Oeste Catarinense, variedades crioulas e locais de milho apresentam vários usos na alimentação das famílias rurais, além do valor cultural e do uso alternativo para artesanatos. A instabilidade do mercado do milho tem feito com que se perca espaço para a soja. Entre os principais custos de produção do milho está a semente. Muitas vezes o uso de sementes de alta tecnologia não se justifica em sistemas de baixa tecnologia. A proposta de produção de uma variedade local partiu de entidades locais do município de Anchieta/SC, e após avaliação de desempenho agrônomo, adaptativo e nutricional, a população MPA1 foi eleita a mais promissora para início de um trabalho de melhoramento participativo coordenado pelo NEABio. O melhoramento de MPA1 foi iniciado em 2004, a partir de uma modificação na metodologia de seleção recorrente de famílias de meio-irmãos. Após dois ciclos de seleção recorrente, os materiais foram avaliados nos anos de 2010 e 2011 quanto a atributos fenotípicos, e pouco progresso na redução de altura e incremento no rendimento foi observado. Em 2012, foram obtidos os cruzamentos da população MPA1-C1 com a Piranão VD2, portadora do gene braquítico *br2*, seguida de um retrocruzamento com MPA1-C1, em 2013, dando origem às populações MPA1-F2 e MPA1-RC1F2. A população original (MPA1-C0), as populações resultantes dos dois ciclos de seleção recorrente modificado (MPA1-C1 e MPA1-C2), e das combinações com Piranão VD2 (MPA1-F2 e MPA1-RC1F2) foi avaliada em dois locais (Florianópolis e Anchieta), juntamente a variedade SCS155 – Catarina, da EPAGRI (testemunha). O rendimento de grãos, em $t\ ha^{-1}$, a altura média de planta, e relação da altura média de espiga e a altura média de planta (AE/AP) foram as variáveis usadas nas análises de variância por local e conjunta. Foi estimada a distância Euclidiana entre as populações e a distância ambiental entre os dois locais. Os tratamentos não apresentaram diferença significativa para as variáveis P e AP em ambos os locais, apresentando diferença apenas para a relação AE/AP no município de Anchieta. MPA1-C1, MPA1-C2 e Catarina apresentaram os melhores desempenhos. Não houve interação G x E para as variáveis avaliadas. O estudo de distância Euclidiana entre as populações gerou um dendograma de similaridade genética, colocando em ordem de distância as populações MPA1-C0, MPA1-C1 e MPA1-C2, e as populações MPA1-F2, MPA1-RC1F2, em agrupamentos separados da variedade Catarina. A distância ambiental apresentou correlação positiva em um grau médio, demonstrando baixa divergência entre os dois ambientes e reforçando os resultados da ausência de interação G x E.

Palavras-chave: *Zea mays* L., melhoramento genético participativo, seleção convergente-divergente

ABSTRACT

Maize (*Zea mays* L.) has great importance in the world economy and Santa Catarina. It is a major component in the supply chain of pork and poultry and raw materials for agro-industries. In Western Santa Catarina, local landraces of maize have various uses in food for rural families, and of the cultural value and the alternative use for crafts. The instability of the maize market has made it lose space for soybeans. Among the main costs of producing corn is seed. Often the use of high seed technology is not justified in systems of low technology. The proposal to produce a variety of local site broke the municipality of Anchieta / SC, and after evaluation of agronomic performance, adaptive and nutrition, the population MPA1 was voted the most promising start to a participatory breeding work coordinated by NEABio. The improvement MPA1 was started in 2004, from a change in the methodology of recurrent selection of half-sib families. After two cycles of recurrent selection, the materials were evaluated in the years 2010 and 2011 as the phenotypic attributes, and little progress in reducing height and increase in the yield was observed. In 2012, we obtained the intersections of the population MPA1-C1 with Piranão VD2, brachytic *br2* gene carrier, followed by backcrossing with MPA1-C1 in 2013, giving rise to populations MPA1-F2 and MPA1-RC1F2. The original population (MPA1-C0), populations from the two cycles of recurrent selection modified (MPA1-C1 and MPA1-C2), and combinations with Piranão VD2 (MPA1-F2 and MPA1-RC1F2) was evaluated in two locations (Florianópolis and Anchieta) along the variety SCS155 - Catherine EPAGRI (control). Grain yield in t ha⁻¹, the average height of plant, and compared the average height of spike and the average height of plant (AE / AP) were the variables used in the analyzes of variance and local joint. Was estimated Euclidean Distance between populations and environmental distance between the two locations. Treatments showed no significant differences for the variables P and AP in both locations, with differences only for the ratio AE / AP in the municipality of Anchieta. MPA1-C1, MPA1-C2 and Catherine showed the best performance. There was no G x E interaction for the variables. The study of Euclidean distance between populations generated a dendrogram of genetic similarity, putting in order of distance populations MPA1-C0, MPA1-C1 and MPA-C2-, and populations MPA1-F2-MPA1 RC1F2 in separate groupings of the variety Catarina. The environmental distance was positively correlated at a medium degree, demonstrating low divergence between the two environments and enhancing the results from the absence of G x E interaction

Keywords: *Zea mays* L., participatory breeding, selection convergent-divergent

Lista de tabelas

Tabela 1. Composição química média do grão maduro de milho.	15
Tabela 2. Rendimento de grão ($t\ ha^{-1}$), altura média de planta (cm) e relação altura média de espiga e de planta (AE/AP) de populações de milho derivadas de MPA1. Médias obtidas das análises de variância do experimento conduzido em Florianópolis, SC, Safra 2012/2013.....	40
Tabela 3. Rendimento de grão ($t\ ha^{-1}$), altura média de planta (cm) e relação altura média de espiga e de planta (AE/AP) de populações de milho derivadas de MPA1. Médias obtidas das análises de variância do experimento conduzido em Anchieta, SC, Safra 2012/2013.....	41
Tabela 4. Rendimento de grão ($t\ ha^{-1}$), altura média de planta (cm) e relação altura média de espiga e de planta (AE/AP) de populações de milho derivadas de MPA1. Médias obtidas das análises conjuntas de experimentos conduzidos em Florianópolis e Anchieta, SC, Safra 2012/2013.	42
Tabela 5. Matriz de correlação simples de Spearman entre as variáveis analisadas no município de Florianópolis.	42

Lista de gráficos

Gráfico 1. Interação G x E para a variável produtividade média de grãos, em $t.ha^{-1}$, entre os municípios de Florianópolis e de Anchieta na safra 2012/2013.	43
Gráfico 2. : Interação G x E para a variável altura média de planta, entre os municípios de Florianópolis e de Anchieta na safra 2012/2013.	44
Gráfico 3. Interação G x E para a variável relação AE/AP entre os municípios de Florianópolis e de Anchieta na safra 2012/2013.	45

Lista de figuras

Figura 1. Dendograma de similaridade fenotípica entre 6 genótipos e 4 caracteres no município de Florianópolis/SC, safra 2012/2013.....	46
Figura 2. Experimento realizado no município de Anchieta na safra 2012/2013. Ao fundo moinho da ASSO.....	46
Figura 3. Experimento realizado na Fazenda Experimental da Ressacada, localizada no município de Florianópolis, safra 2012/2013.	47

Sumário

1. INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA.....	8
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	11
2.1. Classificação botânica e aspectos morfológicos.....	11
2.2. Origem e Evolução do Milho.....	11
2.3. Importância Econômica.....	13
2.4. Importância nutricional.....	14
2.5. Início dos trabalhos do NEABio na região.....	15
2.6. Desenvolvimento e Melhoramento da População Composta Local MPA1.....	16
2.6.1. Primeiro ciclo de seleção recorrente pelo método de SDCFMI.....	17
2.6.2. Segundo ciclo de seleção recorrente pelo método SDCFMI.....	18
2.8. Interação genótipo x ambiente.....	20
3. OBJETIVOS.....	21
3.1. Objetivos Gerais.....	21
3.2. Objetivos Específicos.....	21
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	22
4.1. Material Vegetal.....	23
4.1.1. Produção dos cruzamentos F2 e RC1F2.....	23
4.2. Locais.....	25
4.2.1. Anchieta.....	25
4.2.2. Florianópolis.....	25
4.3. Tratos culturais.....	26
4.3.1. Anchieta.....	26
4.3.2. Florianópolis.....	26
4.4. Desenho experimental.....	26
4.5. Caracteres avaliados.....	26
4.6. Análises estatísticas.....	28
5. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	29
5.1. Análises individuais e conjuntas.....	29
5.2. Distância média ambiental.....	32
5.3. Divergência genética.....	32
6. CONCLUSÕES.....	33
7. REFERÊNCIAS.....	34
8. APÊNDICE.....	40

ABREVIATURAS

AE/AP – Relação Altura de Planta e Altura de Espiga

AP – Altura Média de Planta

ASSO – Associação dos Pequenos Agricultores Plantadores de Milho Crioulo Orgânico e Derivados

EPAGRI – Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina

FMI – Família de meio-irmãos

G x E – Genótipo e ambiente.

MPA – Movimento dos Pequenos Agricultores

NEABio – Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade

P – Produtividade

SCDFMI – Seleção recorrente convergente-divergente entre e dentro de famílias de meio-irmãos.

SINTRAF – Sindicato dos Trabalhadores na Agricultura Familiar

UFSC – Universidade Federal de Santa Catarina

1. INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA

No Estado de Santa Catarina, 90% dos estabelecimentos produtores de milho são de pequenos agricultores familiares, responsáveis, em 2006, por 77% da produção deste cereal (ICEPA, 2010). O milho é um dos componentes principais na cadeia produtiva de suínos e aves, além de servir para alimentação humana e de matéria prima para as agroindústrias. Em algumas regiões, em especial no Oeste Catarinense, o milho tem um valor diferenciado, principalmente para pequenos agricultores mantenedores de variedades crioulas e locais¹. Nessa região, além do valor cultural, as palhas coloridas do milho são utilizadas para a confecção de artesanatos e os grãos são utilizados para produção de farinha. Podemos ainda citar a produção e comercialização da farinha de milho, cultivada em sistema orgânico, realizada pela Associação dos Pequenos Agricultores Produtores de Milho Crioulo Orgânico e Derivados (Asso), utilizando moinho local de pedra (Vogt *et al.*, 2007; Ogliari & Alves 2007).

A rentabilidade da cultura do milho tem sido algo discutido nas últimas safras. A área de cultivo no estado tem diminuído, enquanto que a área de soja tem aumentado (ICEPA, 2012). O elevado custo dos insumos para a produção é um dos responsáveis por essa substituição. O custo da semente de alta tecnologia representa, em média, 32% do custo total da produção (IMEA, 2013). Além disso, muitas vezes o uso de sementes de alta tecnologia não se justifica, pois é dada preferência a sementes de cultivares comerciais de custo elevado para serem cultivadas em sistemas de produção de baixo uso de tecnologia. A condição precária de controle ambiental dificulta a exploração de todo o seu potencial genético, que foi desenvolvido para responder aos investimentos de um elevado padrão tecnológico de cultivo, provocando instabilidade no sistema

¹ **Variedades crioulas e locais:** Consiste em populações de milho colhidas e plantadas anualmente e parte de sua produção é destinada a semente. Sofrem seleção natural e artificial (pelos agricultores), e possuem o conhecimento tradicional e local incorporado em seu sistema de cultivo. Caracteriza, portanto, um processo de evolução contínua (de Boef *et al.*, 2007). Para Bellon & Brush (1994), as variedades crioulas, seriam derivadas de variedades antigas melhoradas, e cultivadas por gerações no mesmo agroecossistema. As variedades locais seriam variedades antigas que jamais passaram por um processo de melhoramento formal (Louette, 1997).

produtivo. Segundo Céleres (2011), 78% das lavouras de milho em Santa Catarina, na safra 2010/2011, foram cultivadas com sementes geneticamente modificadas, sendo estas consideradas de maior tecnologia e custo. A substituição de variedades locais, crioulas e indígenas pelas cultivares híbridas convencionais e transgênicas, promove a substituição e perda de alelo e combinações gênicas especiais, que por sua vez, contribui para a erosão genética. Atrelado à erosão genética, está a perda do conhecimento tradicional, como habilidades de manejo e conhecimento de propriedades medicinais específicas das variedades tradicionais, adquiridos pelos agricultores ao longo dos anos (Boef, 2007).

Embora a maior parte da área produtora de milho de Santa Catarina seja desenvolvida com sementes de cultivares híbridas, altamente exigentes em insumos e tecnologias, algumas áreas são cultivadas com sementes de variedades melhoradas de polinização aberta (VMPA), ou ainda, em menor proporção, com sementes de variedades locais, crioulas e tradicionais, conservadas por agricultores familiares (Kist et al., 2010). É de importância para a agricultura familiar a conservação pelo uso de variedades adaptadas ao seu agroecossistema² e a sua condição de uso, produzindo a própria semente, e prestando ainda um serviço a sociedade, que é a preservação da diversidade genética³ e cultural, além de melhorar a própria saúde, a renda e o bem estar (Guadagnin et al., 2007). As variedades locais e crioulas, que fazem parte da história de muitas famílias, vêm sendo cultivadas e selecionadas por gerações de agricultores, para sistemas de baixo (ou nenhum) uso de insumos. É provável que a não utilização de adubos e a sua utilização em consórcios, tenha propiciado a adaptação dessas variedades, e sido, conseqüentemente, a causa da conservação (Soares, 1998).

² **Agroecossistema:** Refere-se a uma abreviação de ecossistema agrícola. Difere de ecossistemas naturais formados por organismos (vivos) que interagem entre si e com o ambiente físico (não vivo) em um mesmo ambiente. O termo agroecossistema é empregado quando há manejo do ser humano controlando a entrada e saída de energia, a diversidade de organismos no ambiente e a prática de seleção artificial (de Boef, 2007; Odum & Barret 2007)

³ **Diversidade genética:** Refere-se a toda variedade de genes de todos os organismos, de seres humanos e de plantas cultivadas, de fungos e vírus, etc... (De Boef, 2007). A perda da diversidade genética, provocada principalmente pela monocultura de materiais melhorados e homogêneos, gera a erosão genética das espécies, podendo afetar irreversivelmente a biodiversidade.

Neste cenário encontra-se a proposta de trabalho do Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade⁴ (NEABio) da UFSC (Universidade Federal de Santa Catarina) que vem desenvolvendo iniciativas de pesquisa e extensão com enfoque participativo voltadas para as comunidades locais de agricultores do Oeste Catarinense, na busca de alternativas para a conservação, o manejo e uso adequado da agrobiodiversidade ainda conservada nessa região. Um dos trabalhos, que surgiu a partir de uma demanda apontada pelas entidades locais que participaram de avaliações de desempenho agrônômico (Ogliari & Alves, 2007), adaptativo (Sasse, 2008) e nutricional (Kuhnen *et al.*, 2011) de variedades locais, elegeu a população composta de milho local MPA1 como a mais promissora para início de trabalho de melhoramento genético participativo.

Buscando o desenvolvimento de uma variedade de ampla adaptação e potencial produtivo, foi utilizado um método modificado de seleção recorrente⁵ (Seleção Convergente e Divergente Entre e Dentro de Famílias de Meios-Irmãos - SCDFMI), baseado nos princípios descritos por Lonquist *et al.* (1979) (Kist *et al.* 2010). Após dois ciclos de seleção com participação dos agricultores locais e conduzido pelo NEABio, foram geradas as populações MPA1-C1 (ciclo 1) e MPA1-C2 (ciclo 2) derivadas da população composta local MPA1 original (MPA1-C0). Nestes dois ciclos de SCDFMI, não foram observados ganhos genéticos substanciais para a redução da altura média de planta de MPA1. A partir disso, foi considerado relevante a introdução do gene *br2* de Piranão VD2, visto que o gene confere a redução da altura das plantas sem alteração da produtividade (Bandel, 1987).

Os ensaios comparativos do desempenho das populações de diferentes ciclos de seleção recorrente (MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2), e de duas

⁴ **Agrobiodiversidade:** Pode ser entendida como um componente da biodiversidade, e envolve o processo de relações e interações de manejo da diversidade de espécies, com conhecimentos tradicionais e múltiplos agroecossistemas (Machado, 2007).

⁵ **Seleção recorrente:** Se trata qualquer sistema designado para aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis para até o eventual limite da variabilidade genética disponível, por meio de repetidos ciclos de seleção, sem reduzir a variabilidade genética da população. Isto é, utilizar a base genética de uma semente melhorada para um novo ciclo de seleção (Borém, 1998).

populações resultantes da combinação de MPA1-C1 com a VMPA Piranão VD2 (F2 e RC1F2), em dois diferentes agroecossistemas do estado de Santa Catarina são objetos de estudo deste trabalho de conclusão de curso.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Classificação botânica e aspectos morfológicos

O milho é uma gramínea anual, monóica, que apresenta fecundação cruzada e sua via de fotossíntese é C₄. Seu grão é uma cariopse com um único embrião no seu interior. O monoicismo indica a separação dos sexos na mesma planta, favorecendo a alogamia (Goodman & Smith, 1987; Instituto Anchieta de Pesquisa, 2004; Fornasieri Filho, 2007).

A inflorescência masculina (pendão) encontra-se na extremidade superior da planta, após a folha bandeira, posicionada perfeitamente para dispersão de pólen pelo vento. Possui ramificações primárias, secundárias e até terciárias, finalizando com a ramificação principal, também conhecida por eixo central. As anteras ficam no interior da espiguetas estaminal, protegida pela pálea, lema e glumas (Fornasieri Filho, 2007).

A inflorescência feminina (espiga) encontra-se na extremidade do *rachis*, que cresce no nó do fuste. Pode haver a produção de mais de uma espiga, uma principal (a superior) e uma ou mais espigas secundárias (inferiores). O florescimento feminino se dá pela emergência dos estilos (barba) através da palha, e ocorre normalmente de 2 a 3 dias após a antese (Goodman & Smith, 1987). A classificação botânica é: Família: Poaceae; Subfamília: Panicoideae; Tribo: Andropogoneae; Subtribo: Tripsacinae; Gênero : *Zea*; Espécie: *Zea mays* (Linnaeus, 1753).

2.2. Origem e Evolução do Milho

O milho é a cultura alimentar melhor descrita. Isso ocorre devido a diversos trabalhos e dissertações publicadas a partir da década de 1930 (Goodman, 1987).

Dentre as teorias de origem do milho, destacam-se três principais. A hipótese da “evolução divergente” de Watherwax (1935) e Randolph (1955), sugerindo que uma planta selvagem originou o milho, os teosintes e o gênero *Tripsacum*, a partir de uma evolução divergente (Goodman, 1987; Fornasieri Filho, 2007). A segunda hipótese é do “milho como antepassado do teosinte”, sugerindo de que o teosinto foi originado do milho. A terceira hipótese, atualmente mais aceita, é a da “descendência do teosinte”, sugerindo que o milho se originou, unicamente, do teosinto por seleção feita pelo homem (Goodman, 1987; Fornasieri Filho, 2007).

Evidências genéticas e citológicas indicam que o milho e o teosinte são bem aparentados. Eles apresentam homologia e o mesmo número de cromossomos e podem gerar indivíduos férteis a partir de seu cruzamento (Goodman, 1987; Paterniani & Campos, 2005).

Atualmente, se tem como o centro de origem mais provável do milho, o México. Evidências arqueológicas indicam que o milho tenha sido cultivado desde o ano de 2500 A.C.. Estágios de evolução do milho datam desde 5000 A.C., quando ainda apresentava sabugos pequenos e pouco consistentes. Em 2300 A.C., o milho já apresentava maior sabugo e maior dureza. Próximo desta data, em 2250 A.C., já era registrada a presença de milhos com 8 fileiras em peças de barro no Equador (Goodman, 1987). O que não se tem dúvida é de que o milho se trata de uma das culturas mais domesticada, dentre as espécies cultivadas para a alimentação, e que é dependente do homem para a sobrevivência (Fornasieri Filho, 2007). A espécie atingiu o mais elevado estágio de domesticação, uma vez que perdeu a característica de sobrevivência sem o manejo do ser humano (Paterniani & Campos, 2005).

O processo de seleção e domesticação da espécie conduziu a planta de milho à diminuição do número de espigas por colmo, favoreceu o aumento do tamanho da espiga e a redução do número de perfilhos. A colheita favorece a

seleção pelo ser humano, visto que a produção e as características de cada espiga são imediatamente identificadas (Paterniani & Campos, 2005).

O milho expandiu-se até ocupar praticamente todo o continente americano. Atualmente é um dos principais alimentos de vários povos e civilizações americanas e encontra-se disseminado em todo o mundo (Paterniani & Campos, 2005).

2.3. Importância Econômica

O milho é o cereal mais produzido no mundo e a espécie de maior importância econômica com origem nas Américas (Duarte, 2001; ICEPA, 2011). Possui grande importância com relação à composição química e ao valor nutritivo, sendo utilizada na aplicação alimentícia, na indústria farmacêutica, química, têxtil e de papéis, dentre outras aplicação ainda mais nobres (Paes, 2006).

A maior parte da produção de milho no mundo destina-se a alimentação animal de aves, suínos e bovinos. A quantidade estimada deste insumo para a produção animal é de 70% da produção mundial, o restante é destinado para indústria, o consumo humano e, uma pequena parte, para sementes (Cruz, 2011).

O Brasil se tornou na safra 2011/2012, o terceiro maior produtor mundial de milho, ultrapassando a União Européia, após alcançar uma produção de 72,8 milhões de toneladas frente a 65,4 milhões de toneladas da UE. A tendência é de que essa diferença aumente, devido ao esgotamento das fronteiras agrícolas européias e a tendência de aumento de produção brasileira. Segue a frente em produção os EUA e a China, os quais possuem um patamar de produção muito distante dos outros países, com 313,9 milhões de toneladas e 192,8 milhões de toneladas, respectivamente. Em termos de consumo, Brasil se mantém como o quarto maior consumidor, atrás dos EUA, da China e da UE e é quinto maior exportador (ICEPA, 2012).

O Estado de Santa Catarina está entre os grandes consumidores de grãos de milho do país. O fato se deve por que a base da alimentação de aves e suínos é realizada, principalmente, por grãos de milho. Apesar de possuir o maior

rendimento por área do país, são 6,85 t ha⁻¹ frente a 4,96 t ha⁻¹ de média nacional registrados na safra 2012/2013 (CONAB, 2013), ainda possui déficit produtivo que totalizou 47% na safra de 2011/2012. Sua produção total representa apenas 4% da produção nacional, colocando-o como 8º maior produtor nacional (2,9 milhões de toneladas em 2011/2012), sendo o Paraná o maior produtor (17,1 milhões de toneladas em 2011/2012) (ICEPA, 2012). Enquanto a produção nacional vem aumentando, a produção estadual vem diminuindo. O motivo dessa diminuição é a substituição das áreas de produção de milho para soja, devido à obtenção de melhores preços e liquidez do mercado da soja (ICEPA, 2012).

Os principais produtores catarinenses se concentram na região Oeste do Estado. Em primeiro lugar, está a microrregião de Chapecó; em segundo lugar Joaçaba, seguido de São Miguel do Oeste, com produção de 616, 601 e 562 mil toneladas, respectivamente; sendo que o último inclui os municípios de Anchieta e de Guaraciaba (ICEPA. 2012).

2.4. Importância nutricional

Durante muitos anos de melhoramento genético, a semente de milho teve sua composição química alterada. Tradicionalmente, os melhoristas se atentaram durante muitos anos, para outros aspectos produtivos, sem se preocupar com a parte nutricional das sementes. A composição química, ainda pode variar com o tipo de semente, tipo de solo, fertilizantes e condições climáticas (Tosello, 1987).

Pelo fato de a energia ser um dos componentes principais da nutrição, o milho é largamente utilizado em todo mundo na alimentação animal, apresentando alto valor de amido, facilmente digerível e a baixo custo. Apresenta desvantagem na produção de proteína que, em média, representa 10% do grão total (tabela 1) e ainda possui baixa digestibilidade para animais monogástricos, incluindo o homem, devido ao baixo teor de aminoácidos essenciais como lisina, metionina e triptofano (Tosello, 1987; Fornasieri Filho, 2007). Kuhnen (2011)

avaliou as proteínas da farinha de variedades crioulas procedentes do Oeste de Santa Catarina. Como resultado dessa avaliação, a análise de proteínas da farinha revelou possuir maior valor nutritivo nas variedades crioulas Pixurum 6, Pixurum 5, e MPA1 original (MPA1-C0), contendo quantidades superiores de imunoglobulina e frações de albumina, com maiores teores de lisina e triptofano, conferindo maior qualidade a proteína (Tosello, 1987; Fornasieri Filho, 2007).

Tabela 1. Composição química média do grão maduro de milho.

Fração	Grão inteiro
Amido (%)	71,50
Proteína (%)	10,30
Lipídeos (%)	4,80
Açúcares (%)	2,00
Cinza (%)	1,40

Fonte: (Tosello, 1987)

2.5. Início dos trabalhos do NEABio na região

No ano de 2002, o NEABio em parceria com Sindicatos, Associações de Agricultores (ASSO e ASCOOPER) e a Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão de Santa Catarina (EPAGRI), iniciou seus trabalhos de identificação dos agricultores que conservavam variedades locais e crioulas de milho na região Oeste de Santa Catarina. Posteriormente, um diagnóstico sócio cultural, econômico e biológico foi realizado no município de Anchieta, focado em agricultores que conservavam variedades crioulas de várias espécies, dentre elas, o milho. Esse trabalho foi desenvolvido em parceria com o Sindicato dos trabalhadores na agricultura familiar (SINTRAF) do município. Após o resgate de 30 variedades locais de milho foram realizadas avaliações de desempenho agrônomo, além de análises químicas de grãos, folhas e estiletes, identificando aquelas de elevado potencial genético, agrônomo, adaptativo, nutricional e

medicinal, dentre as quais se destaca a população composta local MPA1 (Ogliari & Alves, 2007; Sasse, 2008; Kuhnen *et al.*, 2011; Ogliari *et al.*, 2013) .

2.6. Desenvolvimento e Melhoramento da População Composta Local MPA1

A formação da população composta de milho local MPA1-C0 se iniciou na propriedade do agricultor Névio Alceu Forgiarini, com agricultores associados a ASSO, e apoio do técnico do SINTRAF no ano de 1999 (Kist *et al.* 2010). A população MPA1-C0 é resultante do cruzamento de 25 populações de milho, dentre as quais 18 eram populações sintéticas comerciais, três variedades de polinização aberta do grupo Pixurum, e quatro eram variedades locais ou crioulas cultivadas no mesmo município. No ano de 2000, outras cinco variedades locais de origem desconhecida foram introduzidas na base do MPA1, através do intercruzamento “topcross” (Hallauer & Miranda Filho, 1995). Dentre as variedades utilizadas, 12 eram variedades de porte elevado do Oeste de Santa Catarina (Kist *et al.* 2010).

No ano de 2004, após três ciclos de seleção massal estratificada (Gardner, 1961), agricultores locais, interessados em um desenvolvimento ainda maior da população, apontaram a população MPA1-C0 como promissora para a realização de um melhoramento formal participativo, e o NEABio seria o coordenador deste trabalho, em parceria com organizações locais (ASSO, MPA, EPAGRI e SINTRAF) e agricultores locais (KIST *et al.* 2010).

O processo cíclico de seleção recorrente de milho, utilizando a população MPA1-C0 como população base, empregou uma estratégia de seleção, a partir de critérios de seleção estabelecidos pelos agricultores familiares dos municípios envolvidos na pesquisa. A condução dos experimentos ocorreu nas unidades de produção dos próprios agricultores, caracterizando o trabalho como melhoramento participativo (Kist *et al.*, 2010).

O NEABio propôs um esquema de seleção recorrente modificado (Kist *et al.*, 2010; Ogliari *et al.*, 2013), tendo em vista o desenvolvimento de uma variedade de polinização aberta de ampla adaptação na região. O método em questão, intitulado seleção divergente-convergente de famílias de meio-irmãos –

SDFMI, foi fundamentado nos princípios da seleção convergente-divergente descritos por Lonquist et al. (1979), para desenvolvimento de população composta. Todavia, o mesmo conceito foi usado para processos cíclicos de seleção recorrente intrapopulacional, envolvendo famílias de meio-irmãos. Esta proposta modificada utiliza, como unidade de seleção, diferentes amostras independentes de famílias de meio-irmãos para serem avaliadas em diferentes locais dentro da região de interesse (fase divergente). Cada amostra é avaliada em um ambiente diferente (fase divergente) e as melhores famílias de cada amostra e local são, posteriormente, reunidas para serem recombinadas em um único lote isolado de despendoamento (fase convergente).

2.6.1. Primeiro ciclo de seleção recorrente pelo método de SDCFMI

No primeiro ciclo de seleção, dentro da população MPA1 original (MPA1-C0), foram selecionadas visualmente por agricultores e técnicos locais, utilizando blocos isolados, 220 FMI. Após a seleção realizada por agricultores e técnicos locais, em lavouras de produção, a partir do cultivo de MPA1-C0, tipo de grão, formato da espiga comprimento e diâmetro da espiga, número de fileiras de grãos na espiga, número de grãos por fileira entre outras, foram algumas das características de interesse dos agricultores para esta primeira etapa. Posteriormente, 186 espigas foram selecionadas para a realização das avaliações das FMI (Kist et al, 2010; Kist, 2010; Souza, 2012).

Na fase seguinte, de seleção recorrente com FMI, as 186 FMI foram divididas em três experimentos (fase divergente), onde cada um constituía de 62 FMI e mais duas testemunhas, a população original (MPA1-C0) e a variedade de polinização aberta BRS 4150 da EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária) recomendada para a região sul do Brasil. Os três experimentos foram realizados em locais diferentes do Município de Anchieta/SC, e entre as FMI de cada local, foi aplicada uma intensidade de seleção de 25% para aumento de rendimento de grãos. As FMI selecionadas foram recombinadas em lotes isolados de despendoamento pelo esquema *top cross*, a partir do qual, foram

selecionadas as 192 FMI (fase convergente), que foram usadas para a formação de MPA1-C1 e usadas no segundo ciclo de SDCFMI.

2.6.2. Segundo ciclo de seleção recorrente pelo método SDCFMI

O segundo ciclo de seleção foi iniciado a partir da avaliação de duas amostras independentes de 96 FMI, cada qual conduzida em dois municípios da região Oeste de Santa Catarina. Aos quatro experimentos, conduzidos em Anchieta, Iporã D'Oeste, Guaraciaba e Novo Horizonte. foram incluídas quatro testemunhas comuns (MPA1-C0, MPA1-C1, EPAGRI SCS-154 e EMBRAPA BRS-4150). Como no primeiro ciclo, o segundo ciclo também recebeu uma intensidade de seleção de 25% para rendimento de grãos, e a recombinação das espigas selecionadas ocorreu em duas etapas, em lotes isolados de despendoamento no esquema *top cross*⁶. A primeira etapa ocorreu na safra agrícola 2008/2009, em Guaraciaba, e a segunda, na safra agrícola 2009/2010, realizada na Fazenda experimental da Ressacada, em Florianópolis. Em ambas as etapas, foram selecionadas plantas dentro das FMI a campo, e na pós-colheita as melhores espigas foram avaliadas visualmente, observando alguns caracteres qualitativos, pouco influenciados pelo ambiente (número de fileiras por espiga, comprimento de espiga, diâmetro de espiga, diâmetro de sabugo, direção das fileiras e outros). As cinco melhores espigas selecionadas das FMI recombinadas deram origem semente genética da PCML MPA1-C2 (Souza, 2012; Kist, 2010).

⁶ **Top cross:** Cruzamentos entre seleções, linhagens ou clones e um progenitor comum masculino, que pode ser variedade, linhas endógamas, cruzamento simples etc. O progenitor comum masculino é denominado testador. Não obrigatoriamente este genitor comum deve ser o masculino, pode também ser o genitor feminino (Hallauer & Miranda Filho, 1995).

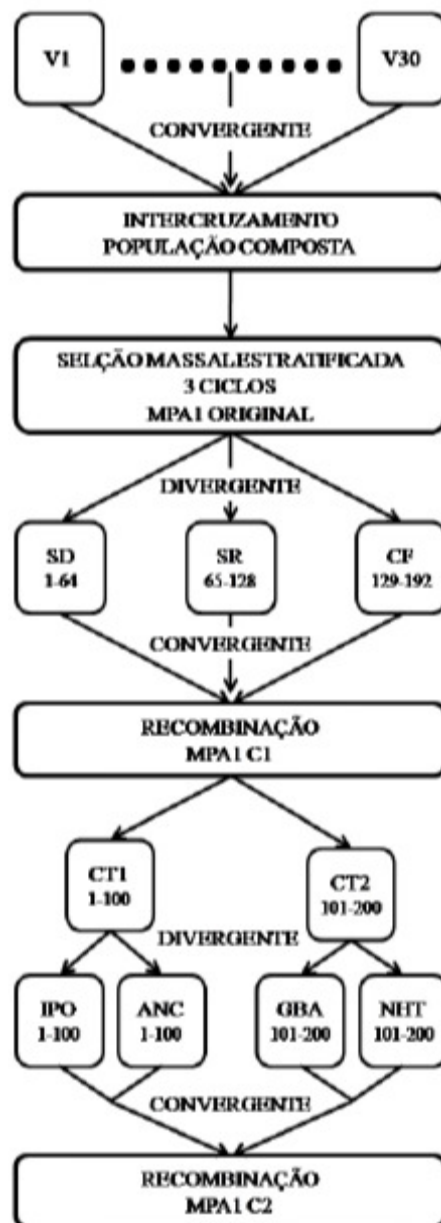


Figura 1. Esquema de melhoramento genético de milho (*Zea mays L.*) mediante uma nova proposta de SDCFMI, iniciando pelo inter cruzamento de entre 30 populações de diferentes origens (V1 a V30) com a finalidade de formar a PCML MPA1 (fase convergente); três ciclos de seleção massal estratificada (MPA1 original – C0); avaliação de três amostras independentes de FMI no ciclo 1 (SD: *São Domingos*, SR: *São Roque* e CF: *Café Filho*) e duas amostras independentes no ciclo 2 (ANC: *Anchieta*; GBA: *Guaraciaba*; NH: *Novo Horizonte*), em diferentes ambientes (fase divergente); recombinação em um lote isolado representado por uma amostra contendo todas as FMI selecionadas. Fonte: Souza 2012.

Após os dois primeiros ciclos de seleção, foi observado que os caracteres produtividade e altura média de plantas correlacionam-se positivamente, ou seja,

a medida que seleciona-se para aumento do rendimento, aumenta-se a altura média de planta (KIST, 2010; KIST *et al.*, 2010).

2.7. Piranão VD2

A variedade de polinização aberta Piranão VD2 é homozigótica para o gene mutante recessivo *br2*. Esse gene é responsável pela redução do porte das plantas de milho, pelo encurtamento dos internódios das plantas, decorrente de distúrbios no metabolismo de uma auxina responsável pelo alongamento celular. A redução da altura média de planta ocorre sem prejuízo ao rendimento de grãos (Bandel, 1987). Além disso, plantas de porte mais baixo possuem a vantagem de serem mais adaptadas a colheita mecanizada, de poderem ser cultivadas em densidades maiores, e de evitarem maiores perdas por quebra e acamamento proporcionados pelo vento (Bandel, 1987).

2.8. Interação genótipo x ambiente

A manifestação fenotípica é resultante da ação do genótipo sob influência do meio em que se encontra. O estudo da interação genótipo x ambiente (GxE), tem o objetivo de avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos, a partir da correlação existente entre os genótipos e os ambientes. A presença de interação entre genótipos e ambientes (G x E) é decorrente do comportamento diferenciado de materiais genéticos frente a condições ambientais distintas, diminuindo, desse modo, a correlação entre genótipo e fenótipo (Falconer, 1987; Borém, 1998; Cruz & Carneiro, 2001). Usualmente, em situação experimental, a correlação existente entre GxE é omitida, e é utilizado o modelo $V_P = V_G + V_E$, sendo considerado uma relação independente entre os dois valores. Na prática, é inevitável considerar que possa haver uma covariância entre a correlação GxE, podendo, uma diferença ambiental possuir efeitos distintos em diferentes genótipos (Falconer, 1987). Os genótipos podem sofrer influência das latitudes, das altitudes, época de semeadura, precipitação, umidade relativa, nebulosidade, tipo de solo e ano (Borém, 1998; Terasawa Junior, 2006), provocando interações GxE simples ou complexas (Cruz & Carneiro, 2001). Nas relações simples, o material genético em estudo mantém sua classificação de desempenho em

diferentes ambientes. Enquanto que nas interações complexas, o mesmo desempenho não pode ser considerado em diferentes ambientes, podendo o melhor genótipo em um ambiente, não ser o melhor em outro (Cruz & Carneiro, 2001).

As causas de interação complexas podem ser atribuídas a fatores fisiológicos e bioquímicos de cada genótipo, os quais, respondem de forma distinta às variações ambientais (Cruz & Carneiro, 2001). Robertson (1958) coloca que as interações podem estar relacionadas a dois fatores biológicos completamente distintos, sendo que o primeiro indica que podem existir diferentes componentes de variação em diferentes grupos, e o segundo que a verdadeira classificação entre os grupos pode ser diferente.

3. OBJETIVOS

3.1. Objetivos Gerais

- Avaliar e caracterizar as populações MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1C2, e as populações F2 e RC1F2, resultantes da combinação entre Piranão VD2 e MPA1C1, quanto ao desempenho agrônomico e adaptativo, em dois agroecossistemas do Estado de SC;
- Investigar mudanças na performance e divergência genética das populações derivadas de MPA1-C0, em processo cíclico de seleção recorrente (MPA1-C0, MPA1-C1 e MPA1-C2) e daquelas portadoras de 50% (F2) e 25% (RC1F2) do background genético da variedade braquítica Piranão VD2, mediante análise da divergência efetuada com base em variáveis fenotípicas.

3.2. Objetivos Específicos

- Implantar experimentos de campo para avaliação fenotípica (fenológica, adaptativa e agrônômica) das populações MPA1-C0, MPA1-C1, MAP1-C2, e as populações F2 e RC1F2, resultantes da introgressão de Piranão VD2 em MPA1-C1, em dois municípios (Anchieta e Florianópolis) de Santa Catarina;

- Utilizar análises de variância para classificação dos materiais e a interação dos mesmos com o ambiente. Aplicar análises multivariadas para estudo de divergência genética entre os genótipos e de distância ambiental.

4. MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas e caracterizadas quanto a fenologia, desempenho agrônômico e adaptativo, em dois agroecossistemas do Estado de SC, cinco populações de base genética do MPA1 e mais uma variedade melhorada de polinização aberta produzida pela EPAGRI (SCS155 – Catarina). Esta última foi a testemunha do experimento, por ser considerada adaptada a região Oeste do estado. Os locais escolhidos para os ensaios foram, Anchieta, situado no Oeste Catarinense, e Florianópolis, localizado no Litoral Catarinense. As avaliações foram realizadas por estudantes de graduação e pós-graduação vinculados ao Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade (NEABio), através de observações periódicas aos experimentos. Houve auxílio dos agricultores nas avaliações fenológicas do experimento conduzido em realizado em Anchieta, pois as avaliações demandavam observações diárias, fator que caracterizou o trabalho como avaliação participativa. Os resultados obtidos foram analisados individualmente para cada local e, em conjunto (interação G x E) através do software ASSISTAT®. Quando as fontes de variação foram significativas 5% de probabilidade pelo teste de Fisher (1958), foram aplicados testes de separação de médias (Scott-Knott, 1974) ao mesmo nível de significância.

Foi utilizada uma análise de distância ambiental, para os dois locais, através do método de análise de agrupamento descrito por Ouyang et al. (1995) e incluindo três caracteres quantitativos, ou seja, rendimento de grãos (P), em t ha⁻¹, altura média de planta (AP), em cm, e o índice estabelecido a partir da altura média de espiga e a altura média de planta (AE/AP).

O estudo de divergência genética utilizou o método de análise de agrupamentos chamada Distância Euclidiana Média (Cruz, 2001). Foram utilizadas variáveis não correlacionadas (Diâmetro médio de planta, peso de 1000 sementes, espigamento e protandria) e que apresentaram diferença significativa no teste de Fisher (1958) a 5% de probabilidade de erro.

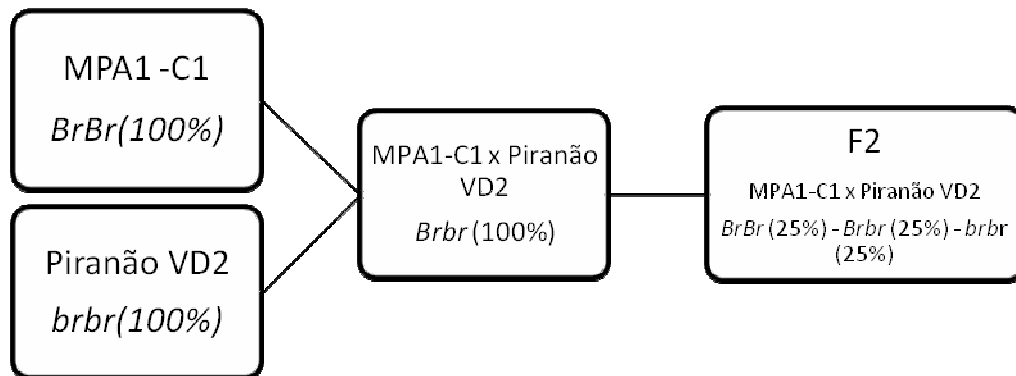
4.1. Material Vegetal

Os tratamentos utilizados nesse estudo foram constituídos pelas populações desenvolvidas a partir da população MPA1-C0: MPA1-C1, MPA1-C2, F2 (MPA1-C1 x Piranão VD2), RC1F2 [(MPA1-C1 x Piranão VD2) x MPA1-C1], a própria MPA1-C0, e uma testemunha representada pela variedade SCS155 Catarina, recomendada pela EPAGRI, para cultivo nesse Estado.

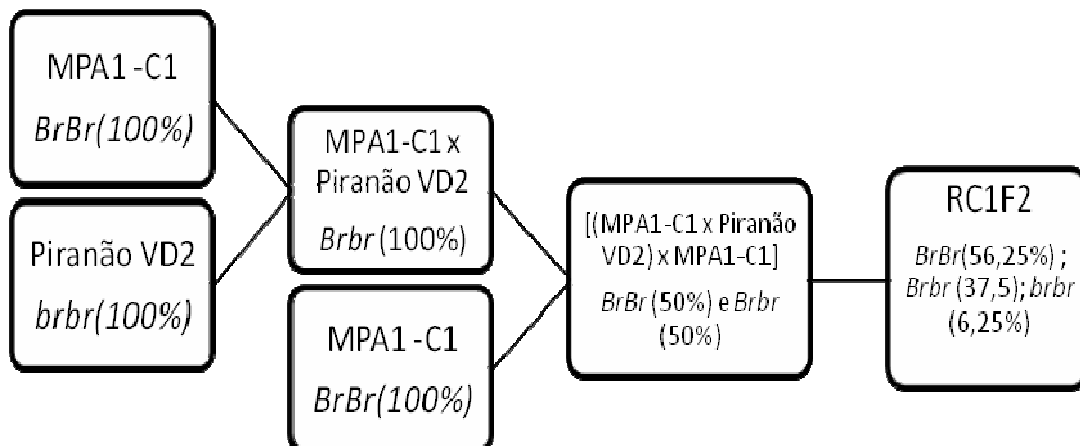
4.1.1. Produção dos cruzamentos F2 e RC1F2

NEABio, em parceria com a ESALQ/USP, desenvolveram os cruzamentos entre MPA1-C1 e Piranão VD2, na safra 2010/2011, resultando nas populações F1 (MPA1-C1 x Piranão VD2) e RC1F1 [(MPA1-C1 x Piranão VD2) x MPA1-C1]. Assim, a introgressão do gene *br2* foi realizada através de retrocruzamento entre a geração F1 desse cruzamento e o parental recorrente MPA1-C1. No ano de 2011, foram obtidas as populações F2 e RC1F2, na Fazenda da Ressacada, em Florianópolis. A combinação entre plantas RC1F1 produziu a população RC1F2 (75% MPA1-C0 e 25% Piranão VD2) e a recombinação entre plantas F1 resultaram na população F2 (50% MPA1 e 50% Piranão VD2). O cruzamento e o retrocruzamento iniciais foram realizados na ESALQ, em Piracicaba-SP, enquanto, em Florianópolis, foram desenvolvidas as populações F2 e RC1F2, conforme esquema abaixo:

1º MÉTODO (MPA1-C1 x Piranão VD2):



2º MÉTODO [(MPA1-C1 x Piranão VD2) x MPA1C1]:



4.2. Locais

Os experimentos foram conduzidos em dois agroecossistemas distintos, sendo um localizado no próprio município de onde foi desenvolvida a população original MPA1-C0, em Anchieta, localizado no Oeste de Santa Catarina, microrregião de São Miguel do Oeste. O outro município foi Florianópolis, Capital do Estado de Santa Catarina.

4.2.1. Anchieta

O experimento foi realizado na área de produção ao lado do moinho de farinha de milho e de arroz da ASSO. A implantação recebeu auxílio de associados e vizinhos na linha São Luiz, comunidade onde se encontra o moinho da ASSO.

O município de Anchieta, localizado na latitude 26,53°S e longitude 53,33°O à 745 km da capital Florianópolis, possui o bioma da Mata Atlântica. A região possui clima mesotérmico úmido, temperatura média anual de 17,8 °C, precipitação pluviométrica anual em torno de 1.700 a 2.000 mm e altitude de 740 m. Anchieta possui uma população de 6.380 habitantes em uma área de 228 km².

As características pedogenéticas do local do experimento se enquadram na classe de Cambissolos, apresentando relevo ondulado com pedregosidades (EMBRAPA, 2006)

4.2.2. Florianópolis

O experimento realizado no município de Florianópolis foi conduzido na Fazenda Experimental da Ressacada da UFSC situada na latitude 27,41°S e longitude 48,32°O. Possui como vegetação nativa Floresta Ombrófila Densa e clima subtropical constantemente úmido, temperatura média anual de 24,0°C, sem estação seca, com verão quente e precipitação anual normal variando de 1270 a 1600 mm. O solo da área experimental é classificado de acordo com o Sistema Brasileiro de Classificação dos Solos como NEOSSOLO QUARTZARÊNICO Hidromórfico típico (EMBRAPA, 2006).

4.3. Tratos culturais

4.3.1. Anchieta

A adubação de base foi realizada com a proporção de 2400 kg ha⁻¹ de cama de peru no momento da semeadura e incorporada no solo. Esta primeira adubação disponibilizou 45 kg ha⁻¹ de N, 57,6 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 63 kg ha⁻¹ de K₂O. Após 40 dias da emergência foi realizada uma capina manual e o desbaste com o objetivo de manter uma densidade de 50.000 plantas ha⁻¹. A adubação de cobertura foi realizada com uréia (45% de N) e incorporada no solo, no mesmo momento da capina. A quantidade aplicada de uréia na cobertura foi proporcional a 30 kg ha⁻¹ de N, conforme recomendação da SIBICS (2010).

4.3.2. Florianópolis

O solo foi preparado com uso de enxada rotativa e foi realizada a adubação de base com N, P e K separados, na forma de uréia (45%), super fosfato triplo (42%) e cloreto de potássio (57%). A quantidade utilizada seguiu as recomendações de ROLAS para solo em pousio, com teor de matéria orgânica de 2,2%. Portanto o N foi adicionado na proporção de 50 kg ha⁻¹ de base e 30 kg ha⁻¹ de cobertura. O P e K apresentaram teores médios, sendo adicionados na proporção de 75 e 60 kg ha⁻¹, respectivamente, na adubação de base.

4.4. Desenho experimental

O delineamento experimental foi de blocos completos casualizados, contendo 4 repetições em Florianópolis e em Anchieta. Cada parcela foi constituída por 4 linhas de 5 metros lineares, com uma densidade de plantio de 50.000 plantas ha⁻¹ ou 25 plantas por linha.

4.5. Caracteres avaliados

Os caracteres avaliados foram produtividade (P), altura média de planta (AP), relação altura de espiga e altura de planta (AE/AP), diâmetro de colmo (DC),

peso médio de 1000 sementes (PG), florescimento feminino (FF) e protandria (PR).

O caráter agrônômico P, que representa o resultado final do processo produtivo, sendo considerado um dos elementos de maior importância, foi avaliado por meio do peso total de grãos da parcela útil, a qual correspondeu a 4m². O peso final foi corrigido para 13% de umidade e transformada em t ha⁻¹.

A variável AP, medida desde o solo até a folha bandeira, e a altura média de espiga (AE), medida desde o solo até a altura da inserção da espiga principal, foram estimados à partir de uma amostra aleatória de 10 plantas por parcela. A partir destas últimas, foi calculada a variável estabelecida a partir do quociente entre AE e AP (AE/AP).

O espigamento (florescimento feminino) (FF), caracterizado pela saída dos primeiros estilos-estígmias (cabelo) para fora das brácteas (Fornasieri Filho, 2007) foi calculado em dias após a emergência (DAE), e indica o início da fase reprodutiva, quando ambos os órgãos, masculino e feminino, estão maduros.

A PR é um tipo de dicogamia (intervalo entre a maturação do órgão reprodutor masculino e feminino), onde ocorre a antese dias antes do florescimento feminino. A PR foi avaliada contando o intervalo dias entre o florescimento masculino e feminino.

O PG foi avaliado seguindo as RAS (Regras de Análise de Sementes) (Brasil, 2009). O peso médio de 1000 sementes tem, na prática, o objetivo de calcular a quantidade de semente (em kg) para semear uma lavoura na densidade desejada.

O diâmetro médio de colmo foi medido com ajuda de um paquímetro, no meio do entrenó inferior a espiga principal, conforme a recomendação dos descritores mínimos do milho (Brasil, 1997).

As análises de variância apresentadas nesse trabalho foram feitas para as variáveis P, AP e AE/AP. As variáveis DC, PG, espigamento (FF) e protandria,

foram usados no cálculo de divergência fenotípica entre os genótipos testados. Não foram apresentadas as análises de variância para estes caracteres.

4.6. Análises estatísticas

Os resultados obtidos nos dois experimentos foram sistematizados em planilhas do EXCEL®, e analisados no software ASSISTAT®. Cada local foi avaliado individualmente, em blocos completos casualizados, através do software ASSISTAT®, e separado pelo teste de Scott-Knott (1974) a 95% de confiabilidade quando o teste de Fischer (1958) foi significativo ao mesmo nível de probabilidade. O modelo matemático foi: $Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij}$, onde Y_{ij} é a observação do i -ésimo tratamento ($i = 1, 2, \dots, 6$) do j -ésimo bloco ($j = 1, 2 \dots 4$) e μ é igual a média geral de cada experimento. O coeficiente de variação experimental foi estimado pela fórmula: $CV(\%) = QME^{1/2} / \mu$.

A análise da interação G x E foi realizada no software STATISTICA 7® considerando o modelo fixo, no qual, dos componentes das observações, apenas os erros experimentais são variáveis aleatórias (Vencovsky, 1992). O modelo matemático usado nas análises conjuntas foi: $Y_{ijk} = \mu + t_i + l_j + tl_{ij} + b_{k(j)} + e_{ijk}$, onde Y_{ijk} é a observação do i -ésimo do tratamento, do j -ésimo local e do k -ésimo bloco, onde μ é igual a média geral dos locais. As médias dos tratamentos nos dois locais foram separadas pelo teste de Tukey (1977), quando significativos no teste de Fisher (1958). O coeficiente de variação experimental foi estimado pela fórmula: $CV(\%) = QME^{1/2} / \mu$.

Para estimar a distância ambiental (D_{jj}) entre os dois locais, foi utilizado o modelo proposto por Ouyang et al. (1995). O modelo foi estabelecido para correlacionar e agrupar ambientes mais próximos entre si. Nesse caso, onde todos os genótipos foram repetidos em ambos os locais, a distância é calculada por: $D_{jj} = 2 \cdot (1 - 1/n) \cdot (1 - r_{jj})$, onde n é o número de genótipos, e r_{jj} é a correlação

linear simples entre dois locais (j -ésimo local), definida como: $r_{jj} = \frac{cov(j,j)}{\sqrt{\sigma_j \cdot \sigma_j}}$.

Os limites mínimo e máximo de distância variam entre zero e quatro, respectivamente. A interpretação dos resultados é dada por: $D_{jj}' = 0$, quando a correlação é absoluta ($r_{jj}' = 1$); $D_{jj}' = 2$, para ausência de correlação ($r_{jj}' = 0$); $D_{jj}' = 4$, na presença extrema de interações complexas ($r_{jj}' = -1$).

A divergência genética entre as populações foi estimada através de valores fenotípicos das quatro variáveis, que apresentaram diferença significativa no teste de Fischer (1958), e que não estabeleciam algum tipo de correlação linear aos pares. Esta análise tem por objetivo o conhecimento da divergência genética de um conjunto de germoplasma, para fins de melhoramento genético, classificação de raças e populações (Elias *et al.* 2007) e estudos da diversidade genética. A distância Euclidiana é estimada aos pares (dois tratamentos), sendo possível utilizar um número ilimitado de variáveis não correlacionadas através do modelo:

$$d_{ii}' = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_j (X_{ij} - \bar{X}_{i.})^2}$$

onde d_{ii}' corresponde à ligação entre o i-ésimo

tratamento a partir da j-ésima variável analisada, \bar{X} corresponde média das variáveis, ignorando os efeitos dos blocos. Foi utilizado o software STATISTICA 7®, que gerou um dendograma de similaridade genética entre os genótipos.

5. RESULTADOS E DISCUSSÕES

5.1. Análises individuais e conjuntas

Em decorrência de problemas ambientais durante o andamento do experimento, um dos blocos do experimento de Anchieta teve de ser invalidado.

As análises individuais dos experimentos obtiveram coeficientes de variação, em valores percentuais (CV%), entre 3,29% para AE/AP em Florianópolis e 17,37% para P em Anchieta (tabela 1 e 2). Na análise conjunta, entre os dois locais, o CV% variou entre 3,86% para AE/AP e 17,14% para P (gráfico 1, 2 e 3). De maneira geral, os CV% foram de baixa e média magnitude se levado em consideração o tipo de variedade utilizada e o ambiente de baixo

controle ambiental. Scapim et al (1995) classifica, neste caso, valores inferiores a 4,5%, para AP, como baixo, e acima deste valor, até 9%, classifica como médio. A variável AE/AP deve seguir padrão semelhante segundo Scapim (1995). Segundo o mesmo autor, o rendimento de grãos com valor percentual de CV(%) entre 10% e 22% é classificado como médio.

Na comparação entre os quadrados médios do resíduo dos dois locais, a relação entre os mesmos não excedeu 1:2 (Tabelas 2 e 3), sendo um requisito necessário para avaliação conjunta entre locais, uma relação inferior a 1:7 (Gomes, 1990).

No experimento realizado em Florianópolis, nenhuma das variáveis analisadas (P, AP e AE/AP) apresentou diferença significativa pelo teste de Fisher (1958) (Tabela 1), enquanto no município de Anchieta, a variável AE/AP, foi a única a apresentar diferença significativa pelo mesmo teste (1958) (Tabela 2). As médias da variável relação AE/AP foram separadas pelo teste de Skott & Knott (1974), e classificou os tratamentos MPA1-C1, MPA1-C2 e MPA1-RC1F2 como de menor relação, com valores que variaram entre 0,504 e 0,511 para MPA1-C2 e MPA1-C1, respectivamente. O grupo que mostrou maior relação AE/AP, variou entre 0,5413 e 0,565 para MPA1-C0 e MPA1-F2, respectivamente (Tabela 2). Em Florianópolis, onde não houve diferença significativa pelo teste de Fisher (1958) para a variável relação AE/AP, as médias variaram entre 0,5684 e 0,5954 para MPA1-C1 e MPA1-RC1F2, respectivamente (Tabela 2).

Na análise conjunta efetuada para a mesma variável, a relação AE/AP não apresentou diferença significativa para o efeito de interação G x E, porém, apresentou diferença significativa para os dois locais e para os tratamentos. A aplicação conjunta do teste de Tukey (1977) para os dois locais, separou a menor relação AE/AP de MPA1-C1 (0,544), da população MPA1-RC1F2, com relação de 0,581. Houve diferença significativa entre os dois locais, tendo Anchieta, as menores médias para esta variável (Gráfico 3 e Tabela 3).

Segundo Li et al. (2007) a relação AE/AP é uma variável que contribui para a avaliação de tendência da ao acamamento, pois esta possui influencia direta no centro de gravidade da planta. Assim, quanto mais elevada estiver essa relação,

mais susceptível a planta está ao acamamento. Zanette e Paterniani (1992) relatam relação AE/AP de 0,51 para plantas homozigotas para o gene *br2*.

A variável P não apresentou diferença significativa entre os tratamentos em ambos os locais. Variou, entre 5,39 e 7,46 t ha⁻¹ com os tratamentos MPA1-F2 e Catarina, respectivamente (Tabela 1), no experimento conduzido no município de Florianópolis e entre 6,19 e 8,6 t ha⁻¹ para os tratamentos MPA1-F2 e MPA1-C2, respectivamente, no experimento realizado em Anchieta (Tabela 2). A análise conjunta dos experimentos nos dois municípios, não apresentou interação G x E e nem diferença significativa entre os tratamentos. No entanto, foi observada diferença de performance entre os dois locais, sendo Anchieta o local com melhor desempenho produtivo (Gráfico 1 e Tabela 3). Nas últimas safras 2010/2011 e 2011/2012, o estado de Santa Catarina, apresentou P de 6,5 e 5,5 t ha⁻¹, respectivamente (ICEPA, 2012).

A variável AP não apresentou diferença nos dois locais e nem na análise conjunta realizada para os dois locais. No município de Florianópolis, a AP variou entre 2,16 m e 2,34 m, ns tratamentos Catarina e MPA1-C2, respectivamente (Tabela 3). No município de Anchieta as variações foram de 2,09 m e 2,26 m nos tratamentos Catarina e MPA1-C0. Não houve diferença significativa para essa característica nos dois locais. Em trabalho realizado por Zanette e Paterniani (1992) com a variedade Piranão VD2, foi observado AP de 163 cm em populações homozigóticas para o gene recessivo *br2*. Entretanto, a proporção média de plantas homozigóticas para o gene *br2* nas PCML MPA1-F2 e MPA1-RC1F2, é de ¼ e 1/16, respectivamente.

As interações entre G x E não foram significativas para os caracteres P, AP e AE/AP. Esse padrão de comportamento, onde não é identificado interação significativa, indica boa estabilidade ambiental entre os genótipos testados e/ou baixa diversidade genética entre os mesmos (Borém, 1998). Todavia, sugere-se a avaliação dessas populações para essas variáveis, em outras regiões de Santa Catarina, onde o milho é recomendado para cultivo.

5.2. Distância média ambiental

A distância média ambiental calculada a partir das variáveis P, AP e AE/AP pelo método de Ouyang et al. (1995), apresentou valor de 0,9745. Valores próximo de zero e até 2 indicam alta e baixa correlações positivas, respectivamente, e de 2 a 4 indicam baixa e alta correlações negativas. Pode-se considerar zero para ambientes mais similares e quatro para ambientes mais divergentes. A distância ambiental leva em consideração, inevitavelmente, a interação dos genótipos aos dois ambientes. No caso desse trabalho, os ambientes se mostraram similares, embora haja uma distância espacial de 900 km entre ambos.

5.3. Divergência genética

As variáveis utilizadas para o estudo de divergência genética (DC, PG, FF, PR), apresentaram diferenças significativas no teste de Fisher (1958) e por não possuírem correlação significativa entre eles (tabela 3), para servir como variáveis da análise de divergência genética.

O dendograma gerado pelo software STATISTICA 7® (figura 1), indica aproximação maior entre as populações MPA1-C0, MPA1-C1 e MPA1-C2, em processo cíclico de seleção recorrente, para as variáveis analisadas. Uma maior distância é observada entre aquelas e as populações MPA1-F2 e o MPA1-RC1F2. Mais distante das demais é a variedade Catarina. A fidelidade da análise de divergência genética aumenta à medida em que incluímos maior número de variáveis, capazes de discriminar estatisticamente os tratamentos. No caso de avaliação fenotípica, existe ainda a variação ambiental, diminuindo a precisão dos resultados. Nesse sentido, é apropriado a realização de pesquisas que incluam os marcadores moleculares como ferramentas auxiliares das análises de divergência.

6. CONCLUSÕES

Os dois ciclos de seleção, realizados para o incremento do rendimento de grão pelo esquema divergente–convergente de FMI, não resultaram em mudanças significativas nas populações MPA1-C1, MPA1-C2, para essa característica.

As populações MPA1-F2 e MPA1-RC1F2 não apresentaram mudanças significativas para a altura média de planta e altura média de espiga, em decorrências das baixas frequências do gene *br2* nessas populações (25% e 6,25%, respectivamente).

A identificação, seleção e recombinação de plantas homozigóticas para o gene *br2* deverá ser a próxima etapa do programa de melhoramento, com a finalidade de fixar o gene *br2* nas populações segregantes para esse gene e, conseqüentemente, reduzir o porte médio das plantas.

Os tratamentos avaliados não apresentaram interação significativa com o ambiente para nenhuma das variáveis. Todavia, a inclusão de dados de experimentos conduzidos em outras regiões do estado deverá contribuir para o aumento da precisão das estimativas efetuadas no presente trabalho.

O estudo da distância ambiental entre Anchieta e Florianópolis apresentou de média a baixa divergência. Esse resultado também pode ter contribuído para a ausência de interação G x E significativa, a partir dos locais escolhidos para a condução dos experimentos, na safra 2012/2013.

O estudo de características fenotípicas das plantas cultivadas é importante para se conhecer a divergência genética do conjunto de germoplasma disponível. Recomenda-se a inclusão de um maior número de características e o uso de marcadores moleculares para aumentar a confiabilidade dos resultados.

7. REFERÊNCIAS

Bandel G. Genética: Genes que afetam a planta. In: Paterniani, E.; Viégas, G. P. **Melhoramento e produção de milho**. (Ed.) Campinas: Fundação Cargill. 1987. p. 97-121.

Bellon, M. R. & Brush, S. B. Keepers of maize in Chiapas, México. **Economic Botany**, v.48, n.2, 1994, p. 196-209.

Borém, A. **Melhoramento de plantas**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1998. 453p.

Brasil. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Regras para análise de sementes**. Secretaria de Defesa Agropecuária. – Brasília : Mapa/ACS, 2009. 399 p.

Campos, M. C. C.; Silva, V. A.; Cavalcante, I. H. L.; Beckmann, M. Z. P e características agronômicas de cultivares de milho safrinha sob plantio direto no Estado de Goiás. **Revista Acadêmica de Ciências Agrárias e Ambiental**. Curitiba, v.8, n.1, 2010, p. 77-84.

Céleres: **Biotechnology Report**. 2011 . Galvao A (Ed.). Disponível em: < http://www.celeres.com.br/pdf/RelBiotecBrasil_1103.pdf>. Acesso em: maio de 2013.

CONAB – Companhia Nacional do Abastecimento. **Acompanhamento da safra Brasileira – Grãos**. Safra 2012/2013. Nono levantamento. Junho 2013. Disponível em: http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_06_06_09_09_27_boletim_graos_-_junho_2013.pdf. Acesso em Jun. 2013

Cruz, C.D.; Carneiro, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Ed. UFV, 585 p., Viçosa, 2001.

Cruz, J. C. (Ed.); Cultivo do Milho; Sistema de Produções 1; Versão Eletrônica - 7ª edição Set./2011 ; **Embrapa Milho e Sorgo**. Disponível em:

<http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho_7_ed/index.htm>. Acesso em Jun. 2012.

Cruz, J. C.; Pereira Filho, I. A.; Alvarenga, R. C.; Gontijo Neto, M. M.; Viana, J. H. M.; Oliveira, M. F.; Santana, D. P. **Manejo da cultura do milho**. Circular técnica 87. Embrapa: Sete Lagoas, 2006.

De Boef, W. S. Biodiversidade e Agrobiodiversidade. In: De Boef, W. S.; Thijssen, H. M.; Ogliari, J. B; Sthapit, B. R. (Org). **Biodiversidade e Agricultores: Fortalecendo o Manejo Comunitário**. Porto Alegre, RS: L&PM, 2007a. p. 36 – 40.

De Boef, W. S. Uma Perspectiva de Sistemas Aproximando Agricultores e Pesquisadores no Manejo Comunitário da Agrobiodiversidade. In: De BOEF, W. S.; THIJSSSEN, H. M.; OGLIARI, J. B; Sthapit, B. R. (Org). **Biodiversidade e Agricultores: Fortalecendo o Manejo Comunitário**. Porto Alegre, RS: L&PM, 2007b. p. 59 – 66.

Duarte, J.O.; Garcia, J.C.; Miranda, R.A. **Embrapa Milho e Sorgo: Sistema de Produção 1 Versão eletrônica. 7º edição** .Setembro 2011. Disponível em: <http://www.cnpms.embrapa.br/publicações/milho7ed>. Acesso em: 21 de abril 2012.

Elias, H. T.; Vidigal, M. C. G.; Gonela, A. G.; Vogt, G. A. **Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.42, p.1443-1449, 2007.

EMBRAPA - CNPS. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Brasília: Embrapa-SPI; Rio de Janeiro: Embrapa-Solos, 2006. 306 p.

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

Fisher, W. K. On grouping for maximum homogeneity. **Journal American Statistical Association**, Washington, v.53, p.789-798, 1958.

Fornaesieri Filho, D. **Manual da cultura do milho**. Jaboticabal: Funep, 2007. 576 p.

Gardner, C. O. Na evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Sci**. 1961, 1:241-245.

Gomes, F. P. **Curso de Estatística Experimental**. 13.ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 468p.

Goodman, M. M. História e origem do milho. In: Paterniani, E.; Viégas, G. P. (coord.) **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 2 ed. p. 3-38.

Goodman, M. M.; Smith, J. D. C. Botânica. In: Paterniani, E.; Viégas, G. P. (coord.) **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 2 ed. p. 41-78.

Hallauer, A. R.; Miranda Filho, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2ª ed. Ames: Iowa State University Press. 1995. 468p.

IBGE. **Cidades@**. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/cidadesat/painel/painel.php?codmun=420080#>. Acesso em: 13 de junho de 2013.

ICEPA - Instituto de planejamento e economia agrícola de Santa Catarina. **Síntese anual da agricultura de Santa Catarina (2009/2010)**. 2010. Disponível em: < http://cepa.epagri.sc.gov.br/Publicacoes/Sintese_2011/sintese%202010-2011.pdf>. Acesso em maio. 2013.

ICEPA - Instituto de planejamento e economia agrícola de Santa Catarina. **Síntese anual da agricultura de Santa Catarina (2011/2012)**. 2012. Disponível em: < http://cepa.epagri.sc.gov.br/Publicacoes/Sintese_2012/sintese%202012.pdf>. Acesso em maio. 2013.

IMEA - Instituto Mato-Grossense de Economia Aplicada. **Custo de produção de milho, safra 2013/2014**. Disponível em:

http://www.imea.com.br/upload/publicacoes/arquivos/R410_2013_03_CPMilho.pdf

. Acesso em: 14 de maio de 2013.

Instituto Anchietano de Pesquisa. **Milho na América do Sul pré-colombiana: Uma história natural**. São Leopoldo: Unisinos, 2004.

Kist V, Ogliari JB, Alves AC and Miranda Filho JB. Genetic potential analysis of a maize population from Southern Brazil by modified convergent-divergent selection scheme. **Euphytica**, 2010, v.176, p.25-36.

Kist, V. **Seleção recorrente de famílias de meio-irmãos em população composta de milho (*Zea mays* L.) procedente de Anchieta**. Florianópolis, 2006, 163f. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Santa Catarina.

Kist, V.. **Análise do potencial genético de população composta de milho mediante esquema modificado de seleção recorrente de famílias de meio-irmãos**. Florianópolis, 2010, 238f. Tese de Doutorado. Universidade Federal de Santa Catarina.

Kuhnen, S.; Ogliari, J. B.; Dias, P. F.; Boffo, E. F.; Correia, I.; Ferreira, A. G.; Delgadillo, I.; Maraschin, M. ATR-FTIR spectroscopy and chemometric analysis applied to discrimination of landrace maize flours produced in southern Brazil. **International Journal of Food Science and Technology** 45, 2010,1673-1681.

Linnaeus, C. **Species plantarum**. Suécia: Laurentius Salvius, 1753, v2, p.971.

Lonnquist, J.H.; Compton, W.A.; Geadelmann, J.L.; Loeffel, F.A.; Shank, B.; Troyer, A.F. Convergent-Divergent Selection for Area Improvement in Maize. **Crop Science**, v.19, p.602-604, 1979.

Louette, D.; Charrier, A; Berthaud, J. *In situ* conservation of maize in México: genetic diversity and maize and seed management in a traditional community. **Economic Botany**, v.51, p.20-38, 1997.

Machado, A. T. Biodiversidade e Agroecologia. In: De Boef, W. S.; Thijssen, H. M.; Ogliari, J. B; Sthapit, B. R. (Org). **Biodiversidade e Agricultores: Fortalecendo o Manejo Comunitário**. Porto Alegre, RS: L&PM, 2007. p. 40 – 45.

Odum, E.P. & Barret, G.W. **Fundamentos de Ecologia**. São Paulo: Thompson, 2007. 612p.

Ogliari, J. B.; Alves, A. C. Manejo e uso da variedades de milho com estratégia da Conservação de Anchieta. In: Boef, W. S., Thijsen M. H.; Ogliari, J. B.; Stapit B. R. (Eds) **Biodiversidade e agricultores: fortalecendo o manejo comunitário**. L&PM, Porto Alegre, p 226-234, 2007.

Ogliari, J.; Kist, V.; Miranda Filho, J. Maize breeding for sustainable agriculture by modified convergent-divergent selection. **Scientia Agricola**, s/a.

Ouyang, Z.; Mowers, R.P.; Jensen, A.; Wang, S.; Zheng, S. Cluster analysis for genotype x environment interaction with unbalanced data. **Crop. Sci.**, v. 35, p.1300-1305, 1995.

Paes, M. C. D. **Aspectos Físicos, Químicos e Tecnológicos do Grão de Milho**. Circular técnica 75. Embrapa. Sete Lagoas, MG. 2006.

Paterniani, E. & Campos, M.S. **Melhoramento do Milho**. In: Borém, A. Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: UFV. 2005. p.491 – 552.

Paterniani, E. Melhoramento genético de populações de milho. In: Kerr, W. E. **Melhoramento e genética**. Piracicaba: USP. 1969. p.39-60.

Robertson, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics.**, v. 15, p. 469-485, 1959.

Sasse, S. **Caracterização de variedades locais de milho procedentes de Anchieta – SC quanto à resistência a *Exserohilum turcicum***. 2008. 88f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis, SC. 2008.

Scapim, C. A.; Carvalho, C. G. P.; Cruz, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**. 1995. v.30, p.683-686.

Scott, A. J.; Knott, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**. Raleigh, v.30, n.3, p.507-512, 1974.

Soares, A.C.; Resgate e conservação. In: **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Eds: Soares, A.C.; Machado, A.T.; Silva, B.M.; Weid, J.M. von der. Rio de Janeiro; AS – PTA, 1998. 185p.

Souza, R. **Avaliação da eficiência de uma nova abordagem de melhoramento de milho pelo esquema de seleção recorrente convergente-divergente de famílias de meios irmãos**. Florianópolis, SC, 2012. 80 f : il., tab., graf. TCC (Graduação em Agronomia) – Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, 2012.

Terasawa Junior, F. **Implicações da interação genótipo-ambiente no melhoramento do milho no Estado do Paraná**. Curitiba, 143f. Universidade Federal do Paraná, 2006.

Toselo, G. A. Milhos especiais e seu valor nutritivo In: Paterniani, E.; Viéguas, G. P. (coord.) **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 2 ed. p. 375-409.

Tukey, J.W. **Exploratory Data Analysis**. Ed.: Addison-Wesley. 1977, 688p.

Vencovsky, R. & Barriga, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto – SP. Revista Brasileira de Genética, 1992, p.486.

Vogt, G.A. **A dinâmica do uso e manejo de variedades locais de milho em propriedades agrícolas familiares**. 102f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis, SC. 2005.

Zanette VA and Paterniani E (1992) Efeito do gene braquítico-2 em populações melhoradas de milho porte baixo. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, vol.: 27(8): 1173-1181.

8. APÊNDICE

Tabela 2. Rendimento de grão ($t\ ha^{-1}$), altura média de planta (cm) e relação altura média de espiga e de planta (AE/AP) de populações de milho derivadas de MPA1. Médias obtidas das análises de variância do experimento conduzido em Florianópolis, SC, Safra 2012/2013.

Tratamentos	Produtividade ^{1'2} (t/ha)	Altura ¹ (cm)	AE/AP ¹
MPA1 C0	5,92	2,32	0,5763
MPA 1 C1	6,45	2,28	0,5684
MPA1 C2	6,59	2,34	0,5861
MPA1 F2	5,39	2,21	0,5882
MPA1 RC1F2	5,70	2,20	0,5954
Catarina	7,46	2,16	0,5853
Média	6,25	2,25	0,58
CV(%)	16,27	4,05	3,29
QME	1,034	0,0083	$3,64 \cdot 10^{-4}$
Prob. teste F	NS	NS	NS

(1) Média de 4 repetições; (2) Ajustado a 13% de umidade; (NS) Diferença não significativa pelo teste de Fisher; (QME) Quadrado médio do erro. Médias seguidas pela mesma letra, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Skott-Knott a 5% de probabilidade de erro.

Tabela 3. Rendimento de grão ($t\ ha^{-1}$), altura média de planta (cm) e relação altura média de espiga e de planta (AE/AP) de populações de milho derivadas de MPA1. Médias obtidas das análises de variância do experimento conduzido em Anchieta, SC, Safra 2012/2013.

Tratamentos	Produtividade ^{1'2} (t/ha)	Altura ¹ (cm)	AE/AP ¹	
MPA1 C0	8,60	2,26	0,5413	b
MPA 1 C1	7,13	2,16	0,5110	a
MPA1 C2	7,18	2,24	0,5040	a
MPA1 F2	6,19	2,25	0,5650	b
MPA1 RC1F2	6,98	2,24	0,5610	b
Catarina	7,84	2,09	0,5060	a
Média	7,325	2,21	0,53	
CV(%)	17,37	5,63	4,79	
QME	1,618	0,0154	$6,4 \cdot 10^{-4}$	
Prob. teste F	NS	NS	*	

(1) Média de 3 repetições; (2) Ajustado a 13% de umidade; (NS) Diferença não significativa pelo teste de Fisher; (QME) Quadrado médio do erro. Médias seguidas pela mesma letra, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Skott-Knott a 5% de probabilidade de erro.

Tabela 4. Rendimento de grão ($t\ ha^{-1}$), altura média de planta (cm) e relação altura média de espiga e de planta (AE/AP) de populações de milho derivadas de MPA1. Médias obtidas das análises conjuntas de experimentos conduzidos em Florianópolis e Anchieta, SC, Safra 2012/2013.

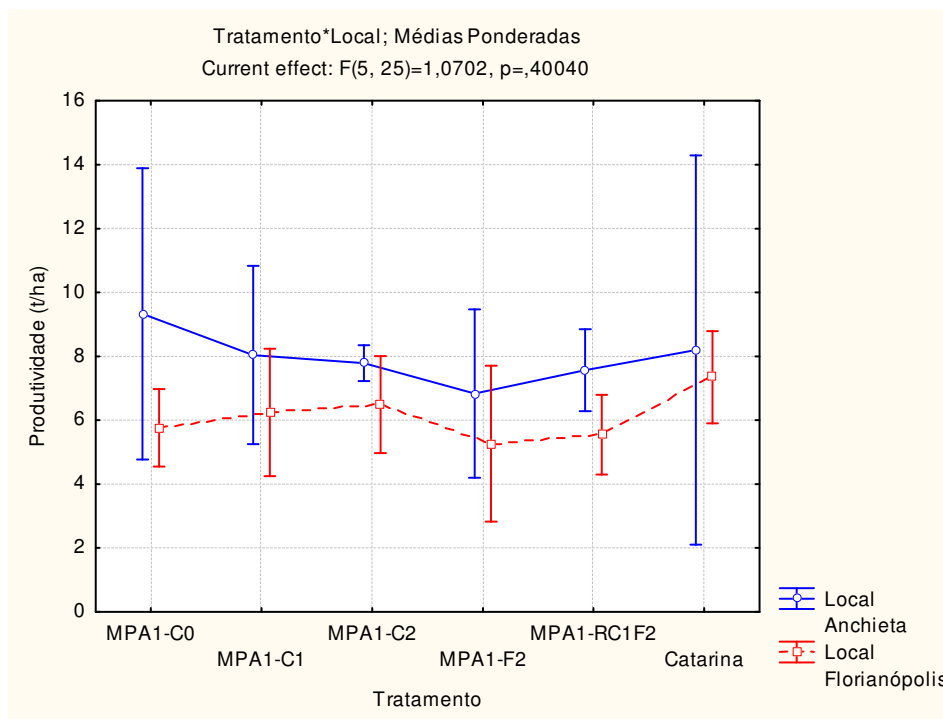
Tratamentos	Relação AE/AP ¹	Produtividade ^{1,2} (t/ha)	Altura ¹ (m)
MPA1-C1	0,544 a	7,01	2,23
MPA1-C2	0,551 a b	7,04	2,30
Catarina	0,552 a b	7,71	2,13
MPA1-C0	0,561 a b	7,29	2,24
MPA1-F2	0,576 a b	5,94	2,22
MPA1-RC1F2	0,581 b	6,41	2,22
Média	0,56	6,90	2,22
CV(%)	3,86	17,14	5,15
Prob. teste F	<1%	NS	NS

(1) Média dos dois locais; (2) Ajustado a 13% de umidade; (NS) Diferença não significativa pelo teste de Fisher. Médias seguidas pela mesma letra, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro.

Tabela 5. Matriz de correlação simples de Spearman entre as variáveis analisadas no município de Florianópolis.

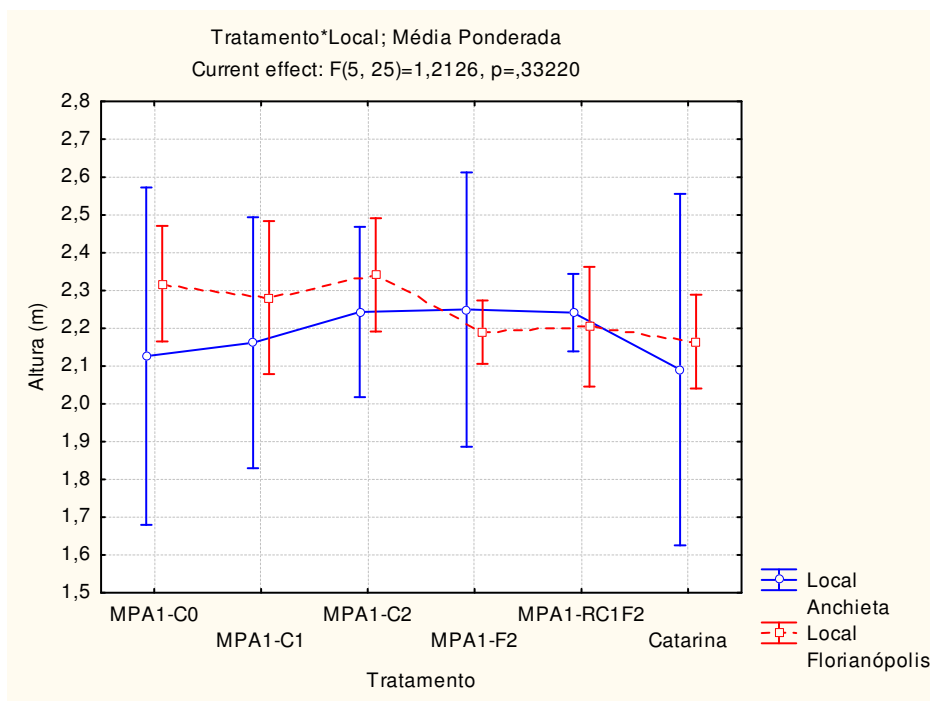
Variável	Protandria	Diâmetro de planta	Peso de 1000 sementes	Espigamento
Protandria	1,000	-0,322	-0,016	0,050
Diâmetro de planta	-0,322	1,000	0,121	-0,147
Peso de 1000 sementes	-0,016	0,121	1,000	-0,288
Espigamento	0,050	-0,147	-0,288	1,000

Gráfico 1. Interação G x E para a variável produtividade média de grãos, em t.ha-1, entre os municípios de Florianópolis e de Anchieta na safra 2012/2013.



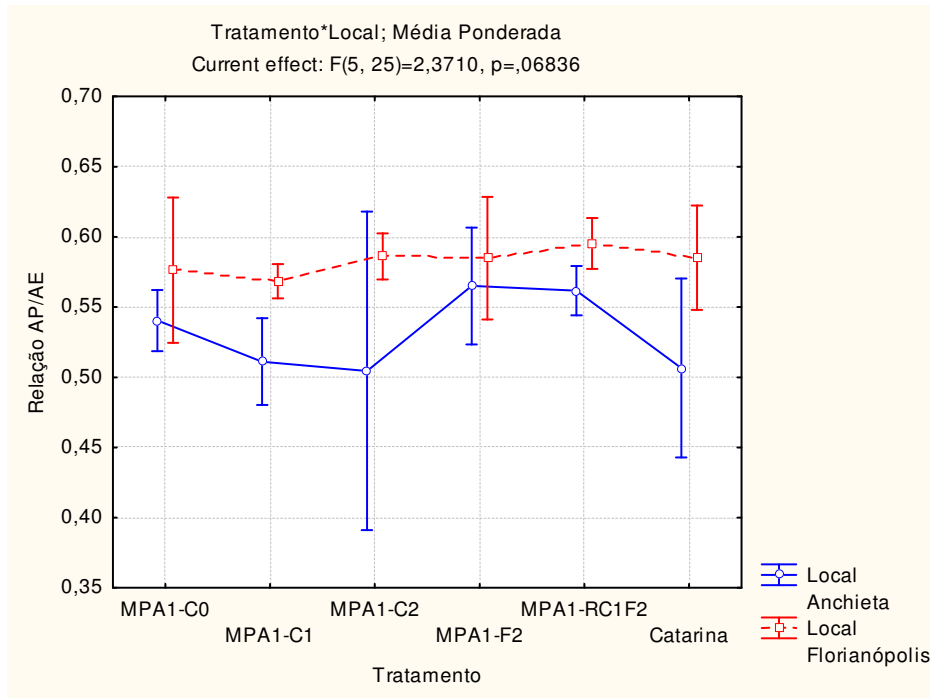
Prob. F-teste: Local: 0,000036; Tratamento: 0,115645; Local x Tratamento: 0,400402;. CV%: 17,14%. As barras verticais indicam intervalo de confiança de 0,95.

Gráfico 2. : Interação G x E para a variável altura média de planta, entre os municípios de Florianópolis e de Anchieta na safra 2012/2013.



Prob. F-teste: Local: 0,082717; Tratamento: 0,243227; Local x Tratamento: 0,332204;. CV%: 5,15%. As barras verticais indicam intervalo de confiança de 0,95.

Gráfico 3. Interação G x E para a variável relação AE/AP entre os municípios de Florianópolis e de Anchieta na safra 2012/2013.



Prob. F-teste: Local: 0,0000; Tratamento: 0,008984; Local x Tratamento: 0,068361; CV%: 3,86%. As barras verticais indicam intervalo de confiança de 0,95.

Figura 1. Dendograma de similaridade fenotípica entre 6 genótipos e 4 caracteres no município de Florianópolis/SC, safra 2012/2013.

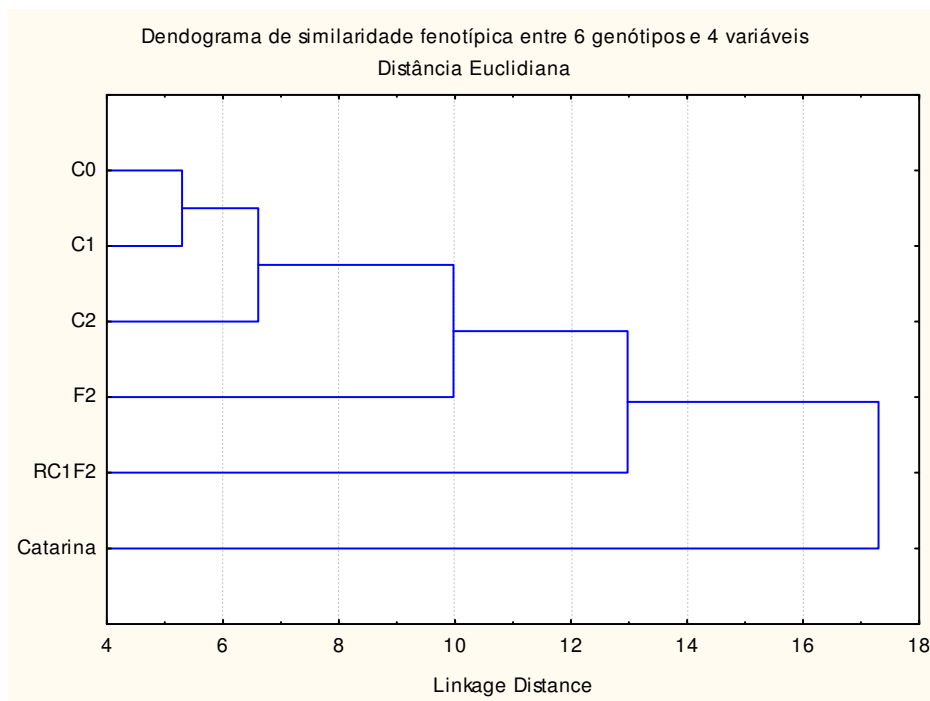


Figura 2. Experimento realizado no município de Anchieta na safra 2012/2013. Ao fundo moinho da ASSO.



Figura 3. Experimento realizado na Fazenda Experimental da Ressacada, localizada no município de Florianópolis, safra 2012/2013.

