



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Rosenilda de Souza

**Variedades locais de milho doce do Extremo Oeste de Santa Catarina: Caracterização,
potencial agrônômico e estudo de base genética**

FLORIANÓPOLIS

2019

Rosenilda de Souza

Variedades locais de milho doce do Extremo Oeste de Santa Catarina: Caracterização, potencial agrônômico e estudo de base genética

Tese submetido(a) ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal de Santa Catarina para a obtenção do título de doutora em Ciências.

Orientador: Prof. Dr. Juliana Bernardi Ogliari

Florianópolis

2019

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor,
através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Universitária da UFSC.

Souza, Rosenilda de
Variedades locais de milho doce do Extremo Oeste de
Santa Catarina: Caracterização, potencial agronômico e
estudo de base genética / Rosenilda de Souza ; orientador,
Juliana Bernardi Ogliari, 2019.
172 p.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Santa
Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós
Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Florianópolis,
2019.

Inclui referências.

1. Recursos Genéticos Vegetais. 2. Milho doce . 3.
Caracterização de germoplasma. 4. Melhoramento genético. 5.
Híbridos intervarietais. I. Bernardi Ogliari, Juliana. II.
Universidade Federal de Santa Catarina. Programa de Pós
Graduação em Recursos Genéticos Vegetais. III. Título.

Rosenilda de Souza

Variedades locais de milho doce do Extremo Oeste de Santa Catarina: Caracterização, potencial agrônômico e estudo de base genética

O presente trabalho em nível de doutorado foi avaliado e aprovado por banca examinadora composta pelos seguintes membros:

Prof. Messias Gonzaga Pereira, Dr.

Universidade Estadual do Norte Fluminense

Prof. Maurício Sedrez dos Reis, Dr.

Universidade Federal de Santa Catarina

Prof. Altair Toledo Machado, Dr.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

Certificamos que esta é a **versão original e final** do trabalho de conclusão que foi julgado adequado para obtenção do título de doutora em Ciências.

Prof. Dr. Cláudio Roberto Fonsêca Sousa Soares

Coordenador do Programa

Prof. Dra. Juliana Bernardi Ogliari

Orientadora

Florianópolis, 25 de abril de 2019.

Aos meus pais, Manoel e Jovina;
meus irmãos, Rosiane, Adailton e
Renata; meus sobrinhos, Arthur,
Alison, Bernardo e Sofia; e aos
meus cunhados, Ana Paula e
Alexandre!

Eu Dedico!

AGRADECIMENTOS

Esta tese é o resultado de muito esforço e muita determinação. Mas eu não a construí sozinha.

Por este motivo, agradeço a Deus pelo dom da vida, pela saúde e por todos os anjos que colocou em meu caminho, os quais me ajudaram na constituição deste trabalho. A eles, minha eterna gratidão:

Minha família, o meu maior tesouro. Meu porto seguro em todos os momentos. Meus pais, Manoel e Jovina, pelo amor e carinho, pela educação e por me ensinarem a importância que tem um agricultor.

Minha irmã Renata, irmãzinha caçula, que a cada dia me faz mais forte. Parceira e meu suporte nos momentos mais difíceis. Juntas, aprendemos, desde cedo, o quanto deveríamos confiar uma na outra, a amadurecer, a lutar pelo que queríamos e, principalmente, a tirar do papel os nossos sonhos.

Meus irmãos, Rosiane e Adailton, e meus cunhados, Alexandre e Ana Paula, por todo incentivo, carinho e ajuda em muitos momentos. Por terem me dado quatro sobrinhos lindos e abençoados: Arthur, Bernardo, Alison e Sofia.

Minha orientadora, professora Juliana Bernardi Oglari, por esses 11 anos de orientação, confiança, ensinamentos de vida e, por todas as vezes, que acreditou no meu potencial, mesmo quando eu desacreditei.

Minhas amigas de vida: Keterin, Janaína, Amaranta, Elisa, Gabriela, Lu e Marcinha. Agradeço imensamente a amizade, por sempre me ouvirem, incentivarem e compreenderem a minha correria e ausência.

Meus grandes amigos do NEABio: Wagner, Tassiane, Rose Mari, Gabriel Moreno, Linda, Estevão, Francisco, Luíza, Inês, Moisés, Samuel, Rafael, Betzaida e Kelly, pela colaboração e incentivo diário, cada um de uma maneira. Vocês me ensinaram o valor do trabalho em equipe.

Os amigos que o CCA me deu durante o período da pós-graduação: Marinice, Márcia, Ana Paula, Bruno, Sebastian, Gisele, Lilian, Matheus, Dudu, Juan, Andréa, Fernando e Fernanda. Levo comigo, dentre tantos almoços e lembranças, o sorriso e o afago que recebi durante esta jornada.

As famílias de agricultores de Anchieta e Guaraciaba, em especial: a família de Deogênio e Monica Alberton; a família de Roselei e Larinei Wille e seus filhos, Francisco e Clara; a família de Ricardo e Letícia Scalco e seu filho Ícaro. Obrigada pelo enorme

acolhimento, disponibilização das áreas, dedicação durante a condução dos experimentos e pelo conhecimento transmitido.

As Bolsistas voluntárias: Cassiane Uliana e Tamires Schapuis Wendling, estudantes de graduação em agronomia, da Universidade Federal da Fronteira Sul, que participaram de toda a avaliação a campo e pós colheita dos ensaios. Muito obrigada pela dedicação e pelo apoio emocional!

Os moradores de Anchieta e Guaraciaba, pela acolhida em seus lares e pela ajuda a campo. Os padres, Nelson e Reneu, da paróquia Santa Lúcia de Anchieta. A família de dona Neide Moscou. Os funcionários da prefeitura de Anchieta, em especial, a Ivan Canci, Fernanda Segalin e Josemir Folgiarini. A Cooper Anchieta e ao Sintraf, em especial, Emelson, Alba, Valdecir Cella, Marcos Locatelli. O Adriano Canci, parceiro de projeto. O estudante Jacson Soteli do CEDUP.

As mulheres agricultoras, em especial, Roselei Aparecida Wille, Raquel Perin, Helena Frare e Belonir Frare. As mulheres do Movimento de Mulheres Camponesas – MMC de Anchieta, sempre trabalhadores e inspiradoras.

A equipe da Fazenda Experimental da Ressacada, em especial, Otávio, Nuno, Elson e Clézio. Agradeço o suporte técnico em todos os ensaios conduzidos na Fazenda, os ensinamentos, almoços coletivos e pelas risadas durante os infinitos dias de campo.

A equipe da UFSC e do Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, pelo ensino de qualidade e dedicação, em especial, professor Maurício Sedrez dos Reis, professor Rubens Onofre Nodari, a secretária Bernadete, a auxiliar de limpeza Elisabete, os professores e pesquisadores Messias, Altair, Marcelo M, Rosete P.

A pesquisadora da Embrapa, Flávia França Teixeira, pela contribuição na construção do projeto e auxílio na obtenção das cultivares melhorados e dos acessos de milho doce do BAG Milho da Embrapa.

A Epagri, em especial aos pesquisadores Ângelo Massignan, Felipe Pereira e Everton Blainski.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa concedida. O apoio financeiro do CNPq (Edital 58/2010) e da FAPESC (Edital 04/2012).

A todos os citados, MUITO OBRIGADA!!

Oração do Milho

“Sou a planta humilde dos quintais pequenos e das lavouras pobres. [...] Alimento de rústicos e animais do jugo. Fui o angú pesado e constante do escravo na exaustão do eito. Sou a broa grosseira e modesta do pequeno sitiante. Sou a farinha econômica do proletário. Sou a polenta do imigrante e a miga dos que começam a vida em terra estranha. Sou apenas a fartura generosa e despreocupada dos paióis. Sou o cocho abastecido donde rumina o gado. Sou o canto festivo dos galos na glória do dia que amanhece. Sou o carcarejo alegre das poedeiras à volta dos seus ninhos. Sou a pobreza vegetal, agradecida a Vós, Senhor, que me fizeste necessária e humilde. Sou o milho”.

Cora Coralina

RESUMO

O milho doce (*Zea mays* L.) é um tipo especial de milho que apresenta elevados teores de açúcares no endosperma, resultantes da ação de genes mutantes e recessivos. No Brasil, este milho apresenta baixa diversidade de variedades e poucas cultivares adaptadas as condições brasileiras. Entretanto, variedades locais de milho doce vêm sendo conservadas *in situ-on farm* no Extremo Oeste de Santa Catarina (EOSC). O objetivo deste estudo foi estabelecer bases genéticas de um programa de melhoramento de milho doce para a região do EOSC. Assim, nove variedades foram caracterizadas e cruzadas com materiais de genótipo conhecidos, para identificação dos alelos mutantes responsáveis pelo fenótipo doce. A caracterização morfológica de espiga e grão apontou similaridade entre as variedades para caracteres qualitativos, e uma maior variação, entre e dentro, para os caracteres quantitativos. Os testes alélicos comprovaram a presença do mutante sugary1 em sete variedades, e do mutante shrunken2 em uma variedade. A variedade 2433F apresentou dissimilaridade em relação às demais, porém, não foi possível a identificação do gene mutante. As variedades locais e duas cultivares de milho doce da Embrapa foram avaliadas quanto aos teores de açúcares solúveis totais (AST) e amido, a partir de uma amostra de espigas polinizadas manualmente. As variedades 2255A, 319A, 741B e 2276A se destacaram com 32,1, 31,8, 28,8 e 27,5% de AST, respectivamente, e 17,2, 24,7, 23,4 e 22,4% de amido, nesta ordem. O potencial agrônomo das variedades sugary1 foi verificado em quatro experimentos, em agroecossistemas distintos de Santa Catarina, sendo dois em diferentes altitudes de Anchieta (L1 – 717 m, e L3 – 422 m), um em Guaraciaba (L2 – 624 m) e um em Florianópolis (L4 – 5 m). Os ambientes ocasionaram variação no desempenho fenológico, morfológico e agrônomo das variedades. Os acessos 3000A, 319A e 2029A se destacaram para caracteres agrônomo. O potencial genético de combinação das variedades de milho doce sugary1 foi estudado a partir de 15 híbridos F1's e 6 genitores, avaliados em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições em dois ambientes. As análises dialélicas e as magnitudes dos quadrados médios associados a CGC e CEC denotam a existência de variabilidade, resultante da ação de efeitos aditivos e não-aditivos para a maioria dos caracteres. Estimativas \hat{g}_i favoráveis foram obtidas pelas variedades 741B, 2276A e 319A e Cubano para diminuição do ciclo, 741B e 319A para a diminuição da altura de plantas; 741B e 2276A para aumento do diâmetro do colmo, e 319A, 2276A e Cubano para aumento da produtividade. As combinações 2276Ax319A e 741Bx2276Ax319A apresentaram os melhores resultados para produtividade, diâmetro de colmo, e altura média de plantas. Os resultados alcançados geraram subsídios científicos para o desenvolvimento de um programa de melhoramento participativo de milho doce para o EOSC, e permitem afirmar que as variedades locais de fenótipo doce desta região apresentam potencial genético, passíveis de serem utilizadas pelos agricultores para comercialização na linha de milhos especiais e como populações base em programas de melhoramento que visam ampliar a variabilidade genética deste tipo de milho e estimular o uso de germoplasma local.

Palavras-chave: *Zea mays* L.. Sugary. Shrunken. Híbridos intervarietais. Dialelo completo.

ABSTRACT

Sweet corn (*Zea mays* L.) is a special type of maize that has high endosperm sugar content resulting from the action of mutant and recessive genes. In Brazil, this maize presents low variety diversity and few cultivars adapted to the Brazilian conditions. However, local sweet corn varieties are being conserved *in situ-on farm* in the Far West of Santa Catarina (FWSC). The aim this study was to establish the genetic basis of a breeding program for sweet corn for the FWSC region. Thus, nine varieties were characterized and crossed with known genotype materials to identify the mutant alleles responsible for the sweet phenotype. The morphological characterization of ear and grain pointed similarity between the varieties for qualitative characters, and a greater variation, between and within, for the quantitative characters. Allelic tests showed the presence of the sugary1 in seven varieties and the shrunken2 in one variety. The variety 2433F showed dissimilarity in relation to the others, however, it was not possible to identify the gene mutant. Local varieties and two Embrapa sweet corn cultivars were evaluated for total soluble sugar (TSS) and starch content of a sample of hand pollinated ears. The varieties 2255A, 319A, 741B and 2276A stood out with 32.1, 31.8, 28.8 and 27.5% of AST, respectively, and 17.2, 24.7, 23.4 and 22.4% starch, in this order. The agronomic potential of the sugary1 local varieties was verified in four experiments in different agroecosystems of Santa Catarina, two at different altitudes of Anchieta (L1 - 717 m, and L3 - 422 m), one in Guaraciaba (L2 - 624 m) and one in Florianópolis (L4 - 5 m). The environments caused variation in the phenological, morphological and agronomic performance of the varieties. The accessions 3000A, 319A and 2029A stood out for agronomic characters. The genetic potential of the sugary1 sweet corn varieties combination was studied from 15 F1's hybrids and 6 parents, evaluated in a randomized complete block design with three replications in two environments. The diallel analyzes and the magnitude of the mean squares associated with CGC and ECC shows the existence of variability resulting from the action of additive and nonadditive effects for most characters. Favorable \hat{g}_i estimates were obtained for varieties 741B, 2276A and 319A and Cuban for cycle shortening, 741B and 319A for plant height reduction; 741B and 2276A for increased stem diameter, and 319A, 2276A and Cuban for increased productivity. The combinations 2276Ax319A and 741Bx2276Ax319A showed the best results for yield, stem diameter, and average plant height. The obtained results generated scientific subsidies for the development of a participatory sweet corn breeding program for the FWSC, and it can be affirmed that the local sweet phenotype varieties of this region have genetic potential, which can be used by farmers for marketing in the specialty corn line and as base populations in breeding programs aimed at increasing the genetic variability of this type of maize and stimulating the use of local germplasm.

Keywords: *Zea mays* L.. Sugary.Shrunken. Intervarietal hybrids. Complete diallel cross.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1:** Municípios de Anchieta e Guaraciaba, na microrregião do Extremo Oeste de Santa Catarina – Sul do Brasil. Fonte: Costa et al. (2016). 34
- Figura 2:** Distância entre variedades locais de milho doce de Anchieta e Guaraciaba e quatro materiais de genótipos conhecidos para o fenótipo doce. Coeficiente de correlação cofenética de Gower ($r = 0,77$), método de agrupamento UPGMA. 42
- Figura 3:** Análise dos componentes principais das variedades locais de milho doce e quatro materiais de genótipo conhecido para o fenótipo doce. 43
- Figura 4:** Resultado para tipo de grão dos cruzamentos alélicos. A e B- F1 com grãos do tipo doce. C - F1 com grãos do tipo semiduro e dentado. D - F1 com grãos do tipo doce. E – F1 com grãos do tipo doce resultante do cruzamento recíproco entre 3001A e BRS VIVI. F - Ilustração dos grãos da variedade 3001A e BR 400 (ambas com grãos do tipo doce) e os grãos do tipo duro resultante do cruzamento entre as variedades. 46
- Figura 5:** Amostras de espigas submetidas a polinização manual e colhidas no estágio de grãos leitoso. A – Espigas da variedade local 558A, colhidas aos 18 DAP; B – Espigas da variedade BR 402, colhidas aos 18 DAP; C – Espigas da variedade local 2537C, colhidas aos 22 DAP; D – Espigas da variedade local 741B, colhidas aos 22 DAP. 67
- Figura 6.** Gráfico da análise conjunta para altura média de plantas para três ensaios de variedades de milho doce no Extremo Oeste de SC, Safra 2017/2018. 108
- Figura 7.** Gráfico da análise conjunta para peso de espigas sem palha para três ensaios de variedades de milho doce no Extremo Oeste de SC, Safra 2017/2018. 109
- Figura 8.** Gráfico da análise conjunta para produtividade de espigas sem palha para três ensaios de variedades de milho doce no Extremo Oeste de SC, Safra 2017/2018. 109
- Figura 9.** Gráfico da análise conjunta para diâmetro de espigas sem palha para três ensaios de variedades de milho doce no Extremo Oeste de SC, Safra 2017/2018. 110

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1:** Caracterização morfológica qualitativa das variedades locais de milho doce do Extremo Oeste do estado Santa Catarina, Sul do Brasil, das cultivares da Embrapa e do acesso do BAG Milho da Embrapa. Safra 2013/2014..... 39
- Tabela 2:** Caracterização morfológica quantitativa das variedades locais de milho doce do Extremo Oeste do estado Santa Catarina, Sul do Brasil, das cultivares da Embrapa e do acesso do BAG Milho da Embrapa. Safra 2013/2014..... 40
- Tabela 3:** Cor e tipo de grão resultante dos cruzamentos alélicos entre variedades locais de milho do EOSC e as variedades de genótipo conhecido para o fenótipo doce..... 45
- Tabela 4:** Porcentagens e miligramas de açúcares solúveis totais e amido em relação à matéria seca (% MS) para nove variedades locais de milho procedentes do EOSC e duas cultivares de milho doce da Embrapa, aos 18 dias após a polinização. 61
- Tabela 5:** Porcentagens de açúcares solúveis totais (AST) e amido em matéria seca (% MS) de duas variedades locais de milho do EOSC e um acesso de milho doce do Banco Ativo de Germoplasma de milho da Embrapa, aos 18 e 22 dias após a polinização (DAP). 65
- Tabela 6.** Relação das abreviaturas, denominações e etapa de avaliação de cada variável. ... 77
- Tabela 7.** Dados de precipitação e temperatura média do ar para os períodos de condução dos ensaios de variedades locais de milho doce no EOSC e Florianópolis, safra 2017/2018..... 80
- Tabela 8.** Médias¹ de dias para emergência (EM), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF), e protandria FM-FF), das variedades locais de milho doce sugary1, cultivadas em quatro ambientes em Santa Catarina – Sul do Brasil, na safra 2017/2018. 86
- Tabela 9.** Temperatura média¹ do ar no período da sementeira à emergência (S-E) e emergência à floração (E-F), e soma de graus dia (GD) para as variedades locais de milho doce sugary1, avaliadas em quatro ambientes em Santa Catarina – Sul do Brasil, na safra 2017/2018..... 88
- Tabela 10.** Caracteres morfológicos¹ de planta das variedades locais de milho doce sugary1, em quatro locais na safra 2017/2018..... 94
- Tabela 11.** Caracteres agrônômicos de espiga¹ das variedades locais de milho doce sugary1, em quatro locais na safra 2017/2018..... 102
- Tabela 12.** Variedades de milho doce sugary1 - cinco variedades locais e uma variedade do BAG Milho - Identificação da variedade (IDV), nome, procedência, altitude de origem (m), tempo de cultivo (TC) e genótipo. 123
- Tabela 13.** Cruzamentos dialélicos completo entre seis variedades de milho doce, portadoras do genótipo *su/su*..... 124
- Tabela 14.** Tratamentos: seis variedades doce sugary1 parentais (cinco variedades locais e uma variedade do BAG Milho) e os respectivos híbridos intervarietais F1's. 124
- Tabela 15.** Relação das abreviaturas, denominações e etapa de avaliação de cada variável. 126
- Tabela 16.** Estimativa dos quadrados médios da análise dialélica individual para oito caracteres de híbridos intervarietais de variedades de milho doce sugary1 avaliados em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), Santa Catarina, 2017/2018..... 130

Tabela 17. Estimativas dos quadrados médios da análise dialélica conjunta para caracteres fenológicos, morfológicos e agronômicos de híbridos intervarietais de variedades de milho doce sugary1 avaliados em Anchieta e Guaraciaba, Santa Catarina, 2017/2018.....	131
Tabela 18. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e desvios-padrão (DP) das variedades de milho doce sugary1 avaliadas em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), Santa Catarina, 2017/2018,.....	132
Tabela 19. Estimativas da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) e desvios-padrão (DP) para caracteres fenológicos, morfológicos e agronômicos de 15 híbridos intervarietais de variedades de milho doce sugary1, avaliados em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), SC, 2017/2018.	134
Tabela 20. Médias dos caracteres fenológicos e morfológicos de planta ¹ para seis variedades de milho doce sugary1 e seus híbridos intervarietais, avaliados em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), Santa Catarina, 2017/2018.	147
Tabela 21. Médias dos caracteres morfológicos ¹ e agronômicos para seis variedades de milho doce sugary1 e seus híbridos intervarietais, avaliados em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), Santa Catarina, 2017/2018.....	148
Tabela 22. Médias dos caracteres agronômicos ¹ para seis variedades de milho doce sugary1 e seus híbridos intervarietais, avaliados em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), Santa Catarina, 2017/2018.	149
Tabela 23. Predição de Composto Tipo A x B, para os seis genótipos de milho doce sugary1. Safra 2017/2018.....	154
Tabela 24. Predição de Composto Tipo A x B x C para os seis genótipos de milho doce sugary1. Safra 2017/2018.....	155

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

BAG Banco Ativo de Germoplasma
CAPES Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior
CCA Centro de Ciências Agrárias
CDB Convenção para a Diversidade Biológica
CIRAM Centro de Informações de Recursos Ambientais e de Hidrometeorologia de Santa Catarina
CNPq Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico
EMBRAPA Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
EOSC Extremo Oeste de Santa Catarina
EPAGRI Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina
FAPESC Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina
IBGE Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
IBPGR International Board for Plant Genetic Resources
ICEA Instituto de Controle do Espaço Aéreo.
INPI Instituto Nacional de Propriedade Industrial
LAGROBio Laboratório de Pesquisa de Agrobiodiversidade
MAPA Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
MDA Ministério do Desenvolvimento Agrário
MMA Ministério do Meio Ambiente
MMC Movimento de Mulheres Camponesas
MPA Movimento dos Pequenos Agricultores
NEABio Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade
SBLF Estação Meteorológica de Superfície de Florianópolis
SINTRAF Sindicato dos Trabalhadores na Agricultura Familiar
TIRFAA Tratado Internacional de Recursos Fitogenéticos para Alimentação e Agricultura
UFFS Universidade Federal da Fronteira Sul
UFSC Universidade Federal de Santa Catarina
USDA United States Department Agriculture
WIPO World Intellectual Property Organization

SUMÁRIO

CONTEXTUALIZAÇÃO E ESTRUTURAÇÃO DA TESE.....	21
I. INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA	21
II. OBJETIVOS	25
OBJETIVO GERAL	25
OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	25
III. ESTRUTURA DA TESE.....	26
IV. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	28
CAPÍTULO I	31
IDENTIFICAÇÃO DE ALELOS PARA O FENÓTIPO DOCE EM VARIEDADES LOCAIS DE MILHO DO EXTREMO OESTE DO ESTADO DE SANTA CATARINA, SUL DO BRASIL	31
1.0 RESUMO.....	31
2.0 INTRODUÇÃO	32
3.0 MATERIAL E MÉTODOS.....	34
3.1 MATERIAL VEGETAL	34
3.2 CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA	35
3.3 TESTES ALÉLICOS.....	35
4.0 RESULTADOS	37
4.1 CARACTERIZAÇÃO DAS VARIEDADES LOCAIS.....	37
4.2 IDENTIFICAÇÃO DOS GENES MUTANTES.....	43
5.0 DISCUSSÃO	46
6.0 CONCLUSÕES.....	51
7.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	52
CAPÍTULO II.....	55
QUANTIFICAÇÃO DE AÇÚCARES SOLÚVEIS TOTAIS E AMIDO EM VARIEDADES DE MILHO DOCE CONSERVADAS <i>ON FARM</i> , NO SUL DO BRASIL	55
1.0 RESUMO.....	55
2.0 INTRODUÇÃO	56
3.0 MATERIAL E MÉTODOS.....	58

3.1 MATERIAL VEGETAL.....	58
3.2 QUANTIFICAÇÃO DE AÇÚCARES SOLÚVEIS TOTAIS E AMIDO.....	59
4.0 RESULTADOS E DISCUSSÃO	60
4.1 AÇÚCARES SOLÚVEIS TOTAIS E AMIDO.....	60
4.2 AÇÚCARES SOLÚVEIS TOTAIS E AMIDO AOS 18 E 22 DAP	64
5.0 CONCLUSÕES	67
6.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	68
CAPÍTULO III.....	71
POTENCIAL GENÉTICO DE VARIEDADES DE MILHO DOCE SUGARY1, CONSERVADAS <i>IN SITU-ON FARM</i> NO SUL DO BRASIL.	71
1.0 RESUMO	71
2.0 INTRODUÇÃO.....	72
3.0 MATERIAL E MÉTODOS.....	74
3.1 MATERIAL VEGETAL.....	74
3.2 LOCALIDADES.....	74
3.3 DESENHO EXPERIMENTAL, TRATOS CULTURAIS E CARACTERES AVALIADOS	75
3.4 DADOS CLIMÁTICOS	76
3.5 ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	78
4.0 RESULTADOS.....	79
4.1 DADOS DE PRECIPITAÇÃO E TEMPERATURA.....	79
4.2 ANÁLISES INICIAIS	81
4.3 FENOLOGIA.....	81
4.4 MORFOLOGIA	89
4.5 AGRONÔMICOS.....	96
4.6 INTERAÇÃO G X A: ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DAS VARIEDADES	105
4.7 INDICAÇÕES DE MELHORAMENTO	110
5.0 CONCLUSÕES	112
6.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	113
CAPÍTULO IV	120
POTENCIAL GENÉTICO DE HÍBRIDOS INTERVARIETAIS F1'S ENTRE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO DOCE PORTADORES DO GENÓTIPO <i>SUISUI</i>	120

1.0 RESUMO.....	120
2.0 INTRODUÇÃO	121
3.0 MATERIAL E MÉTODOS	123
3.1 MATERIAL VEGETAL	123
3.2 ENSAIOS DE AVALIAÇÃO	124
3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	126
4.0 RESULTADOS E DISCUSSÃO	128
4.1 RESULTADOS INICIAIS	128
4.2 FENOLOGIA	137
4.3 CARACTERES MORFOLÓGICOS DE PLANTA	138
4.4 CARACTERES AGRONÔMICOS	141
4.5 VARIABILIDADE PASSÍVEL DE SELEÇÃO E INDICAÇÕES PARA O MELHORAMENTO	150
4.6 PREDIÇÃO DOS COMPOSTOS	152
5.0 CONCLUSÕES.....	155
6.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	157
V. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	160
ENCAMINHAMENTOS E PERSPECTIVAS PARA UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO PARTICIPATIVO DE MILHO DOCE.....	160
VI. APÊNDICES.....	163

CONTEXTUALIZAÇÃO E ESTRUTURAÇÃO DA TESE

I. INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA

O milho é uma das espécies mais estudadas e conhecidas no mundo, possuindo grande diversidade de tipos, de raças e, conseqüentemente, de usos. Originário da América Central, uma das culturas mais importantes das civilizações Asteca, Maia e Inca, o milho foi submetido a seleção pelos diferentes povos e suas particularidades culturais, o que ocasionou o desenvolvimento de inúmeras raças, sendo atualmente conhecidas cerca de 400 raças distintas no mundo, das quais 350 descritas nas Américas (Paterniani & Goodman, 1977; Doebley, 1990a; Doebley, 1990b; Matsuoka et al., 2002; Freitas et al., 2003; Vigouroux et al., 2008; Serratos, 2012).

Além da classificação por raças, alguns tipos de milho são considerados especiais por possuírem características e usos distintos do milho comum, como por exemplo, milho pipoca, milho forrageiro, minimilho, milhos com alta qualidade nutricional e milho doce (Pereira Filho & Cruz, 2011; Tracy, 2001, Teixeira et al., 2014).

O milho doce, objeto de estudo deste trabalho, existia na América Central e do Sul, no período pré-colombiano (Tracy, 2001). Dentre as teorias que tentam explicar a origem deste tipo de milho, Mangelsdorf (1974) defende uma única origem derivada de uma raça peruana denominada *Chullpi*, enquanto Tracy (2001) propõe origens independentes de mutações recorrentes. Atualmente, a diversidade genética deste tipo de milho é muito pequena, comparada ao de milho comum. Tracy (2001) estima que existam apenas 300 variedades de milho doce com polinização aberta no mundo, sendo que muitas destas são derivadas de programas de melhoramento. No Brasil, as primeiras ocorrências descritas de milho doce estão relacionadas a materiais vindos de programas de melhoramento, com finalidade de ampliar a base genética dos programas de melhoramento de milho no país. Até 1978, o Brasil possuía somente uma variedade plantada comercialmente, a Doce de Cuba, adaptada às nossas condições e com boa produtividade (Garcia et al., 1978). Atualmente, no Banco de Germoplasma de milho (BAG Milho) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) são conservados 20 acessos caracterizados como milho doce (TIRFAA, 2013).

Com relação as principais pesquisas envolvendo milho doce no Brasil, estas são realizadas por instituições de pesquisa e empresas privadas, que trabalham essencialmente para o desenvolvimento de híbridos, com base em germoplasma derivado de programas de melhoramento nacionais e internacionais. Além disso, boa parte do germoplasma de milho

conservado *ex situ* no Brasil, dentre eles de milho doce, não apresentam dados de caracterização (Teixeira et al., 2011), dificultando o uso desses recursos genéticos por parte dos melhoristas.

Muito popular nos Estados Unidos e Canadá, tendo como principais destinos de produção o consumo fresco ou em conserva, no Brasil, o milho doce tem como principal destino de produção o processamento industrial, com uma pequena parte destinada ao consumo *in natura* (Barbieri et al., 2005; Teixeira et al., 2013). Alguns autores afirmam que o cultivo deste tipo de milho, seja para a indústria ou para o consumo como milho verde, pode se tornar uma alternativa de grande importância econômica para o Brasil. A abertura do nicho de mercado que envolve o cultivo e a venda de milho doce pode agregar valor e diversificar a produção agrícola nas pequenas propriedades, sendo uma interessante opção de renda para os agricultores (Araújo et al., 2006; Parentoni et al., 1990; Gama et al., 1992; Grigulo et al., 2011).

O pouco conhecimento por parte do consumidor, que muitas vezes desconhecem esse tipo de milho, a falta de cultivares adaptadas às condições ambientais brasileiras (Gama et al., 1992), a redução da germinação e a baixa resistência a doenças e pragas associada a presença do gene mutante (Tracy, 2001) são fatores que impedem o aumento do cultivo de milho doce no Brasil. Além disso, as indústrias requerem cultivares que, além de produtivas, sejam uniformes quanto à maturação, tamanho e formato de espigas (Kwiatkowski & Clemente, 2007). O consumidor, por sua vez, é exigente em variedades de coloração amarelo-alaranjado e o pericarpo fino, que contribui para a maior maciez do grão.

Uma forma de resolver a falta de variedades de milho doce mais produtivas e adaptadas às condições de ambiente de cada região é por meio da utilização de variedade locais como fonte de genes em programas de melhoramento.

As variedades locais são resultado do manejo da agrobiodiversidade, *que inclui todos os componentes da biodiversidade que têm relevância para a agricultura e alimentação, e todos os componentes da biodiversidade que constituem os agroecossistemas* (Stella et al., 2006; CDB, 2000), e pode ser entendida como “o processo de relações e interações do manejo da diversidade entre e dentro de espécies, os conhecimentos tradicionais e o manejo de múltiplos agroecossistemas, sendo um recorte da diversidade” (Machado et al., 2008a).

Dentre as diferentes definições de variedades locais, também chamadas de variedades tradicionais, crioulas ou *landraces*, Bellon & Brusch (1994) conceituam como variedades mantidas pelos agricultores ao longo de muitas gerações, e que, após vários anos sendo cultivadas e selecionadas, adquirem características próprias de adaptação ao agroecossistema local. Zeven (1998), definem como populações conservadas, selecionadas, multiplicadas e usadas por agricultores tradicionais ao longo de muitos anos de cultivo, sendo consideradas

populações geograficamente distintas, diversas em sua composição genética e adaptadas às condições agroclimáticas e ecológicas particulares às áreas de cultivo. Louette et al. (1997), no México, considera variedade local aquela que não tenha passado por um processo de melhoramento formal e que a semente tenha sido cultivada na região, pelo menos, por uma geração de agricultores ou por aproximadamente 30 anos. Para Machado et al. (2008a), variedade tradicional é aquela que vem sendo manejada em um mesmo ecossistema, por pelo menos três gerações familiares (avô, pai e filho), e a partir da qual são incorporados valores culturais, que passam a fazer parte das tradições familiares.

Na presente tese, o termo *variedade local* será utilizado para designar populações de plantas de milho conservadas, nomeadas, selecionadas, multiplicadas e manejadas pelos agricultores familiares do Extremo Oeste de Santa Catarina, ao longo de muitos anos de cultivo, sendo consideradas populações geograficamente distintas, diversas em sua composição genética e adaptadas ao agroecossistema local.

A adaptação singular das variedades locais às condições dos ambientes de onde procedem viabiliza sistemas de cultivo sustentáveis, pouco exigentes em insumos e ajustados a preservação dos recursos naturais (Ogliari et al., 2007). O longo tempo de uso, manejo e conservação desses recursos vegetais pelos agricultores tradicionais e os efeitos da pressão de seleção do ecossistema agrícola seriam fatores determinantes para a estabilidade produtiva e adaptação dos mesmos frente aos ambientes particulares (Ogliari et al., 2007).

Neste cenário, encontra-se o Extremo Oeste de Santa Catarina (EOSC), região detentora de elevada diversidade de variedades locais conservados *in situ-on farm* pelos agricultores familiares (Pinto et al., 2019; Pinto et al., 2018; Souza et al., 2018; Costa et al., 2016; Ogliari et al., 2013; Silva et al., 2015; Silva et al., 2016). As variedades locais de milho (comum, pipoca e doce) dessa região são utilizadas para diferentes usos, suprindo inicialmente as necessidades de alimentação da família, na forma de grãos, farinha, canjica, pipoca e milho verde. O milho comum também atende parte das demandas da alimentação animal, na forma de grãos e silagem, além de fornecer matéria prima para a confecção de artesanato (Costa et al., 2016; Ogliari et al., 2007; Kist et al., 2010; Souza, 2015; Silva, 2015).

Com relação ao cultivo de variedades locais de milho doce, Costa et al. (2016) identificaram no *Censo da Diversidade* de 2012 (Projeto Mays I) 61 variedades nos municípios de Anchieta (ANC) e Guaraciaba (GBA), classificadas como adocicadas, seguindo a indicação do agricultor. Souza (2015), durante o *Diagnóstico da Diversidade* nesses dois municípios, entrevistou agricultores mantenedores de variedades locais de milho adocicado, coletando 11 de milho doce (grão do tipo enrugado). As famílias cultivam as variedades para consumo como

milho verde, citando que tais variedades são mais doces e, se mantêm por mais tempo em ponto de milho verde, o que favorece o consumo “*in natura*” da família (Souza, 2015).

A diversidade de milho doce manejada e conservada pela agricultura familiar da região Oeste catarinense é significativa e encontra-se em constante ameaça, assim como os demais tipos de milho cultivados na região (Vogt 2005; Ogliari et al., 2004; Canci et al., 2004, Vidal et al., 2014, Pinto et al., 2014; Souza, 2015, Silva, 2015). Dentre as principais ameaças de erosão da diversidade de milho doce estão: o reduzido número de agricultores mantenedores; o cultivo em pequenas áreas; a reduzida quantidade de sementes armazenadas de um ano para o outro; a idade avançada dos mantenedores; a falta de sucessão familiar; e o risco de cruzamentos com milhos de fenótipos comuns (Souza, 2015; Silva, 2015). Trabalhos recentes na região ainda sugerem um processo contínuo de erosão genética aumentado por eventos climáticos, como por exemplo, o aumento da ocorrência de períodos de seca (Vidal et al., 2014; Silva, 2015; Pinto et al., 2014).

Em um cenário em que o germoplasma de milho doce conservado *ex situ* no Brasil é pequeno e que a diversidade conservada *in situ – on farm* encontra-se em constante ameaça, é eminente a necessidade de ações que promovam o uso deste germoplasma local, ao passo que possibilite a conservação *in situ – on farm*. Dentre as ações de promoção da conservação, encontra-se o melhoramento participativo, voltado para as comunidades locais de agricultores. Tal estratégia tem como base o uso de germoplasma local, prioriza a conservação e o manejo adequado da agrobiodiversidade (Machado e Machado, 2003).

Neste contexto, a relevância da presente pesquisa pode ser destacada pelos seguintes aspectos: (i) potencial de uso do milho doce como uma alternativa de renda para a agricultura familiar; (ii) constante ameaça de erosão genética dos cultivos na região; (iii) crescente demanda por variedades de milho doce, que reúnam as características requeridas pelos consumidores e adaptadas as condições climáticas brasileiras, e; (iv) raros trabalhos de melhoramento genético voltados para o desenvolvimento de variedades de milho doce no Brasil.

II. OBJETIVOS

OBJETIVO GERAL

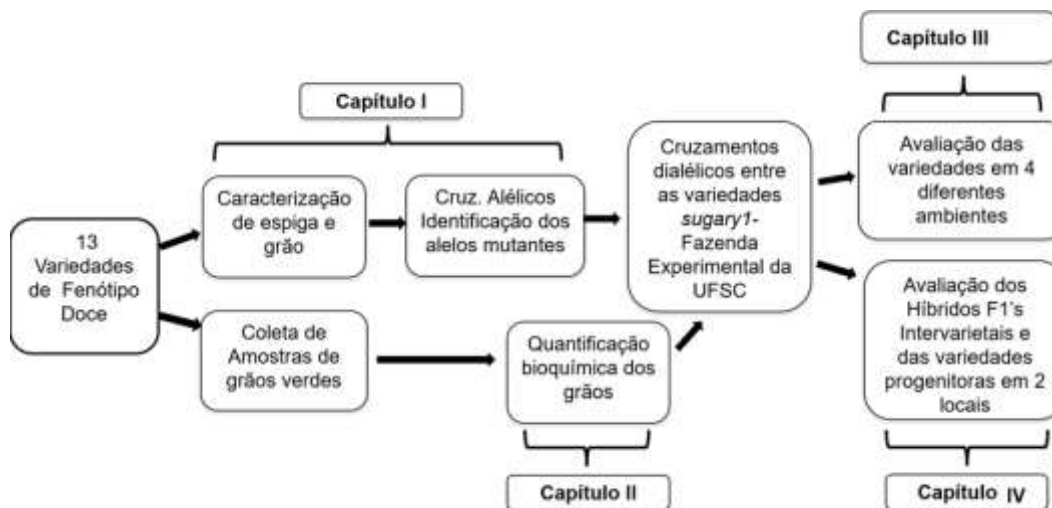
Estabelecer as bases genéticas de um programa de melhoramento de variedades locais de milho doce para o Extremo Oeste de Santa Catarina.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1. Caracterizar fenotipicamente variedades locais de milho doce procedentes do EOSC;
2. Identificar os alelos mutantes responsáveis pelo fenótipo doce em variedades locais de milho coletadas no EOSC;
3. Avaliar o potencial bioquímico dos grãos de variedades locais de milho doce para teores de açúcares solúveis totais e amido;
4. Caracterizar para caracteres fenológicos, morfológicos e agronômicos, sete variedades locais de milho doce sugary1;
5. Identificar variedades locais de milho doce sugary1 com potencial genético para o melhoramento;
6. Verificar a amplitude de adaptação/estabilidade das variedades locais de milho doce sugary1 do EOSC;
7. Avaliar o potencial genético de combinação de seis variedades de milho doce sugary1, com base na avaliação de híbridos intervarietais F1's;
8. Avaliar o comportamento dos híbridos intervarietais F1's em dois ambientes da região do EOSC.
9. Identificar as melhores combinações intervarietais quanto à capacidade específica de combinação;

III. ESTRUTURA DA TESE

A presente tese, intitulada “Variedades locais de milho doce do Extremo Oeste de Santa Catarina: Caracterização, potencial agrônômico e estudo de base genética”, está estruturada em quatro capítulos, conforme o fluxograma a seguir.



Em decorrência da inclusão de variedades locais no decorrer do desenvolvimento da tese, alguns materiais não estão presentes em todos os capítulos.

O primeiro capítulo, intitulado “Identificação de alelos para o fenótipo doce em variedades locais de milho do Extremo Oeste do estado de Santa Catarina, Sul do Brasil” corresponde a caracterização das variedades locais de milho doce do EOSC, bem como da identificação dos alelos mutantes responsáveis pelo fenótipo doce. Foram estudadas nove variedades: 2255A, 2276A, 2433F, 2514A, 319A, 741B, 2029A, 3000A, 3001A, e utilizadas as variedades BR 400, BR 401, BR Vivi e Cubano como testadoras de genótipo conhecido para o fenótipo doce.

O segundo capítulo, intitulado “Quantificação de açúcares solúveis totais e amido em variedades de milho doce conservadas on farm, no Sul do Brasil”, corresponde a quantificação dos teores de açúcares solúveis totais e amido para nove variedades locais de milho conservadas on farm no EOSC. Neste capítulo foram avaliadas sete variedades de genótipo *su1su1* (2255A, 2276A, 2514A, 319A, 741B, 2029A), identificadas no capítulo I incluídas duas variedades de grão dentado (558A e 2537C), uma variedade de fenótipo doce de gene mutante não identificado (2433F), e duas cultivares desenvolvidas pela Embrapa (BR 402 e BRS Vivi) como testemunhas. As variedades 3000A e 3001A não foram estudadas nesse capítulo pelo fato de terem sido identificadas após a etapa de campo do trabalho.

O capítulo III, intitulado “Potencial genético de variedades de milho doce sugary1, conservadas in situ-on farm no Sul do Brasil”, avaliou o desempenho fenológico, morfológico e agrônômico das variedades locais de milho doce sugary1 em diferentes ambientes do Estado de Santa Catarina. Deste estudo somente as variedades locais portadoras de genótipo *su1su1* (2255A, 2276A, 2514A, 319A, 741B, 2029A, 3000A), e duas testemunhas portadoras do mesmo genótipo (Cubano e BR401) foram estudadas.

Por fim, o capítulo IV, intitulado “Potencial genético de híbridos intervarietais F1’s entre variedades locais de milho doce portadores do genótipo *su1su1*”, avaliou o potencial genético de combinação de seis variedades de milho doce sugary1. Foram realizados os cruzamentos entre oito variedades (sete variedades locais de genótipo sugary1 identificadas no capítulo I, e o acesso Cubano do BAG Milho da Embrapa), porém por questão da quantidade de sementes obtidas nos cruzamentos foi estudado o dialelo completo entre seis materiais (cinco locais, 2255A, 2276A, 319A, 741B, 2029A, e o acesso Cubano).

IV. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARAUJO, E.F., et al. **Qualidade fisiológica de sementes de milho doce colhidas em diferentes épocas.** *Bragantia*, Campinas, v.65, n.4, p. 687-692. 2006.
- BARBIERI, V.H. B., et al. **Produtividade e rendimento industrial de híbridos de milho doce em função de espaçamento e populações de plantas.** *Hortic. Bras.*, Brasília, v.23, n.3. 2005.
- BELLON, M.R.; BRUSH, S.B. **Keepers of maize in Chiapas, Mexico.** *Economic Botany*, New York, v. 48, n.2, p. 196-209. 1994.
- CANCI, A., VOGT, J. A., CANCI, I. J. A. **Diversidade das espécies crioulas em Anchieta - SC.** *Mclee*. São Miguel do Oeste. p.212, 2004.
- CONVENÇÃO SOBRE DIVERSIDADE BIOLÓGICA: Conferência para Adoção do Texto Acordado da CDB–Ato Final de Nairobi. Brasília: MMA/SBF, 60p. (Biodiversidade 2), 2000.
- COSTA, F. M.; SILVA, N. C. A.; OGLIARI, J. B.; **Maize diversity in southern Brazil: indication of a microcenter of *Zea mays* L.** *Genetic Resources and Crop Evolution (Print)*, v. 1, p. 1-20, 2016.
- DOEBLEY JF. **Molecular systematics of *Zea* (Gramineae).** *Maydica* 35:143-150, 1990a.
- DOEBLEY, JF. **Molecular evidence and the evolution of maize.** *Economic Botany*, v. 44, p. 6-27, 1990b.
- EMBRAPA. **Banco de Germoplasma de Milho.** TIRFAA. Disponível em: <<http://tirfaa.cenargen.embrapa.br/MCPDGenebank/MCPD?map=Teste.RESULT>>. Acesso em 30 de abril de 2016.
- FREITAS, F O.; BENDEL, G.; ALLABY, R G.; BROWN, T A. **DNA from primitive maize landraces and archaeological remains: implications for the domestication of maize and its expansion into South America.** *Journal of Archaeological Science*, v. 30, p. 901–908, 2003.
- GAMA, E.E.G.; PARENTONI, S.N.; REIFSCHNEIDER, F.J.B. **Origem e importância do milho doce.** In: Empresa Agropecuária Brasileira. *A cultura do milho doce*. Sete Lagoas. (Circular Técnica, 18). p.5- 34, 1992.
- GARCIA, J.L.M., et al. **Determinação do ponto de colheita do milho doce.** *Boletim do Instituto de Tecnologia de Alimentos*, 58:107-127, 1978.
- GRIGULO ASM, et al. **Avaliação do desempenho de genótipos de milho para Consumo in natura em Tangará da Serra, MT, Brasil.** *Bioscience Journal* 27: 603-608, 2011.
- KIST, V., et al. **Genetic potential analysis of a maize population from Southern Brazil by modified convergent-divergent selection scheme.** *Euphytica*, v.176, p.25-36, 2010.
- KWIATKOWSKI A; CLEMENTE E. **Características do milho doce (*Zea mays*) para industrialização.** *Revista Brasileira de Tecnologia Agroindustrial* 1: 93-103, 2007.
- LOUETTE, D.; CHARRIER, A.; BERTHAUD, J. **In situ conservation of maize in Mexico: genetic diversity and maize seed management in a traditional community.** *Economic Botany*. v. 51, p. 20–38, 1997.
- MACHADO, A. T.; SANTILLI, J.; MAGALHAES, R.. **A agrobiodiversidade com enfoque agroecológico: implicações conceituais e jurídicas.** *Texto para Discussão (Brasília)*, Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, DF, v 34, p. 1-98, 2008a.

- MACHADO, A.T.; MACHADO, C. T. T. **Melhoramento vegetal participativo com ênfase na eficiência**. Planaltina, DF : Embrapa Cerrados, 39 p. 2003..
- MANGELSDORF P. C., **Corn: Its Origin, Evolution, and Improvement**. Belknap/Havard Univ. Press, Cambridge, MA, 1974.
- MATSUOKA, Y., et al. **A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping**. Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, v. 99, p. 6080 – 6084, 2002.
- OGLIARI J.B.; KIST, V.; CANCI, A.. The participatory genetic enhancement of a local maize variety in Brazil. In: de BOEF W.S.; SUBEDI, A.; PERONI, N.; THIJSSSEN, M.; O'KEEFFE, E. (ed). **Community biodiversity management, promoting resilience and the conservation of plant genetic resources**. Routledge, Oxon, Ed. 1. p. 265-271, 2013.
- OGLIARI, J.B. ALVES, A.C. **Manejo e uso de variedades de milho como estratégia de conservação em Anchieta**. In: Boef, W. S.; Thijssen, M. H.; Ogliari, J. B.; Sthapit, B. (Eds.) Biodiversidade e Agricultores: Fortalecendo o manejo comunitário. Porto Alegre: L&PM. p.226-234, 2007.
- OGLIARI, J.B., et al. Relatório Final Técnico – Científico, Processo nº 420007/2001-6. Análise Genética da Diversidade e Caracterização Fenotípica de Zea mays L. e P. vulgaris de Santa Catarina. 2004.
- PARENTONI, S.N., et al. **Milho doce**. Informe Agropecuário, v.14, p.17-22, 1990.
- PATERNIANI, E.; GOODMAN, M.M. **Races of maize in Brazil and adjacent areas**. Centro Internacional de Mejoramiento de Maiz y Trigo, México. 95 p, 1977.
- PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C. **Milhos especiais: pipoca, doce, milho-verde e minimilho**. In: Cruz, J. C.; Magalhães, P. C.; Pereira Filho, I. A.; Moreira, J. A. A. (Ed.). Milho: o produtor pergunta, a Embrapa responde. Brasília, DF: Embrapa Inf. Tecnológica; Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2011. cap. 19, p. 297-305.
- PINTO, T. T., et al. **O arroz de sequeiro e a segurança alimentar de famílias rurais do Extremo Oeste de Santa Catarina**. Agropecuária Catarinense, v. 31, p. 44-49-49, 2018.
- PINTO, T. T.; Ogliari, J.B.; MAGHELLY, O.R.; **Phenotypic characterization of dryland rice (Oryza sativa L.) germplasm conserved in situ (on farm) in a crop-diversity microcenter in southern Brazil**. Genetic Resources and Crop Evolution, v. 66, p. 415-427, 2019.
- PINTO, T.T., et l. **Agrobiodiversidade em risco: Perda de variedades crioulas de arroz de sequeiro no Oeste Catarinense**. In: III CBRG - Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, 2014, Santos. Anais III Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, 2014.
- SERRATOS, H.J.A.; JOSÉ, A. **El origen y la diversidad del maíz en el continente Americano**. Greenpeace.2 ed. México, DF. 2012.
- SILVA, N.C.A., et al. **Presence of Zea luxurians (Durieu and Ascherson) Bird in Southern Brazil: Implications for the conservation of Wild Relatives of Maize**. PLOS ONE DOI:10.1371/journal.pone.0139034 October 21, 2015.
- SILVA, N.C.; VIDAL, R.; OGLIARI, J.B. **New popcorn races in a diversity microcenter af Zea mays L. in the Far West of Santa Catarina, Southern Brazil**. Rev. Genetic Resources and Crop Evolution, 1-20, 2016.
- SILVA, N.C.A. **Diversidade de variedades crioulas de milho e distribuição de parentes silvestres no oeste de Santa Catarina. Impactos potenciais do milho geneticamente**

modificado na conservação in situ-on. Universidade Federal de SANTA CATARINA, Tese (Doutorado) 230p. Florianópolis. 2015.

SOUZA, R. de. **Diversidade de variedades crioulas de milho doce e adocicado conservadas por agricultores do oeste de Santa Catarina.** Universidade Federal de Santa Catarina, Dissertação (mestrado). 136p. Florianópolis. 2015.

SOUZA, R., et al. **Divulgação e discussão de pesquisas científicas para a valorização da agrobiodiversidade e do conhecimento tradicional da agricultura familiar do Extremo Oeste Catarinense: Experiências do I ENAOC.** Cadernos Agroecológicos, v. 13, p. 8, 2018.

STELLA, A.; KAGEYAMA, PP. Y.; NODARI, R.O.. **Políticas públicas para a agrobiodiversidade. In: Agrobiodiversidade e Diversidade cultural.** Brasília, DF: MMA/SBF, 82p, 2006.

TEIXEIRA F. F., et al. **BRS Vivi: single-cross super sweet corn hybrid.** Crop Breed Appl Biot. 14:124-127, 2014.

TEIXEIRA, F.F., et al. **Pré-melhoramento do milho.** In: LOPES, M. A. et al. (Ed.). Pré-melhoramento de plantas. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, p. 571-614, 2011.

TEIXEIRA, F.F., et al. **Melhoramento do Milho-Doce.** Documento 154, 32 p. Embrapa Milho e Sorgo Sete Lagoas, MG, 2013.

TRACY W.F. **Sweet corn.** In: Hallauer, A.R. **Specialty corn.** Boca Raton, p.155-198, 2001.

VIDAL, R., et al. **Causas de la perdida de variedades criollas de maíz en el estado de Santa Catarina, Sur de Brasil.** In: XXV Congresso Nacional y V Internacional de Fitogenética, 2014, San Luis Potosi. Anais XXV Congresso Nacional y V Internacional de Fitogenética, V xxv, 2014.

VIGOUROUX, Y., et al. **Population structure and a genetic diversity of new world maize races assessed by DNA microsatellites.** American Journal of Botany. v. 95, n. 10, p.240-243, 2008.

VOGT, A. G.; **A dinâmica do uso e manejo de variedades locais de milho em propriedades agrícolas familiares.** Dissertação (Mestrado), Florianópolis. 102p. 2005.

ZEVEN, A. C. **Landraces: a review of definitions and classifications.** Euphytica. Holanda, 104, p. 127-139, 1998.

CAPÍTULO I

IDENTIFICAÇÃO DE ALELOS PARA O FENÓTIPO DOCE EM VARIEDADES LOCAIS DE MILHO DO EXTREMO OESTE DO ESTADO DE SANTA CATARINA, SUL DO BRASIL

1.0 RESUMO

No microcentro de diversidade do gênero *Zea*, localizado no Extremo Oeste do estado de Santa Catarina (EOSC), agricultores familiares conservam *in situ-on farm* uma rica diversidade de populações locais desse gênero, inclusive de milho doce. Caracterizar a diversidade local de milho doce é fundamental para ampliar e promover a manutenção da conservação deste recurso genético. Com o intuito de obter informações sobre o germoplasma local de milho doce dessa região, o presente capítulo teve por objetivo caracterizar a diversidade fenotípica para caracteres associados à espiga e ao grão, bem como identificar os alelos mutantes responsáveis pelo fenótipo doce, para nove variedades de milho conservadas *in situ-on farm* no EOSC. A caracterização morfológica de espiga e grão apontou similaridade entre as variedades classificadas como doce, para caracteres qualitativos. Quanto aos caracteres quantitativos, a análise descritiva demonstrou maior variação tanto entre como dentro das variedades estudadas. Os testes alélicos comprovaram a presença de alelos recessivos para o caráter doce em oito das nove variedades locais estudadas, sendo identificados o mutante *sugary1* da classe II (doce) e o mutante *shrunken2* da classe I (super doce). A análise de agrupamento dividiu os materiais em cinco grupos distintos. Os grupos I e IV contêm apenas variedades locais portadoras do alelo mutante *sugary1*, que codifica o fenótipo doce. O grupo II agrupou variedades portadoras de genes mutantes distintos: a variedade 3001A, mutante *shrunken2*; a 3000A, mutante *sugary1*; e o acesso BR 400, mutante *brittle1*. Os acessos BR 401 e Cubano da Embrapa, mutante *sugary1*, e o acesso BRS Vivi, mutante *shrunken2*, formaram o grupo III. A variedade 2433F (grupo IV) apresentou maior dissimilaridade em relação às demais, além de não ter sido possível a identificação do alelo mutante, podendo se tratar de um gene ainda desconhecido responsável pela doçura dos grãos. As variedades locais do EOSC possuem diversidade para os alelos mutantes responsáveis pelo fenótipo doce (*su1* e *sh2*), além de possuírem divergência morfológica para características de espiga e grão. Estudos sobre o potencial agrônomo e bioquímico das variedades locais de milho doce devem completar as informações de caracterização do presente estudo, visando a elaboração de um plano de melhoramento genético com estratégias que favoreçam a conservação.

Palavras-chave: caracterização de germoplasma, alelos mutantes; *sugary*, *shrunken*.

2.0 INTRODUÇÃO

O milho doce (*Zea mays* L.) é utilizado para consumo humano na forma *in natura* ou industrializado, diferenciando-se dos demais tipos de milho por conter um ou mais genes mutantes que alteram a síntese de amido no endosperma, com consequentes modificações na textura, no sabor, no aroma e na maciez dos grãos (Tracy, 2001).

Diferentes mutantes são responsáveis pelo fenótipo doce, divididos em duas classes com base nos seus efeitos na composição de endosperma (Tracy, 2001). Os mutantes da classe I, conhecidos como super doce e os mutantes da classe II, denominados de doce (Boyer, 1984).

Embora existam muitos mutantes que conferem o fenótipo doce, a diversidade genética de milho doce é pequena, sendo conhecidas mundialmente apenas 300 variedades de polinização aberta (Tracy, 2001). No Brasil, a coleção de germoplasma de milho doce é conservada no BAG Milho da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa). Dos 4.000 acessos de milho conservados na Embrapa, apenas 20 são caracterizados como milho doce (TIRFAA, 2013) e nenhum é procedente de coletas efetuadas em Santa Catarina.

As iniciativas de resgate de material genético de milho, nos diversos biomas brasileiros, não abrangem todas as regiões do país detentoras de expressiva e desconhecida diversidade de variedades locais portadoras de valores de uso raro e valores adaptativos a ecossistemas agrícolas particulares (Coradin, 2006). A realização de novas coletas de germoplasma por diferentes regiões, onde ainda existam tais variedades, torna-se fundamental no intuito de conservar e conhecer o seu potencial genético. Neste sentido, por serem menos abundantes em relação a outros tipos de milho e menos explorados em programas nacionais de melhoramento genético, é premente que sejam adotadas ações de resgate de germoplasma de milho de fenótipo doce e subsequentes ações de conservação, caracterização e avaliação, visando aumentar a diversidade conservada *on bank* no Brasil.

Dentre as regiões do Brasil reconhecidas pela elevada diversidade de variedades locais e populações silvestres do gênero *Zea*, destaca-se o Extremo Oeste do estado de Santa Catarina (SC) (Seledes et al., 2019; Costa et al., 2016; Silva et al., 2016; Silva et al., 2015; Ogliari et al., 2013; Ogliari et al., 2007). Situada no Bioma Mata Atlântica e dentro do Vale do Rio das Antas, essa região foi recentemente indicada como um microcentro de diversidade de milho (Costa et al. 2016). Das 1.513 populações locais de *Zea mays* L. identificadas em 558 km² desse vale, no último censo da diversidade de 2012, 31 eram de milho doce e comum de sabor adocicado (Costa et al. 2016). No que diz respeito a importância local destes materiais, as variedades locais de milho doce do EOSC, conservadas principalmente pelas mulheres em pequenas áreas, estão diretamente associadas à soberania e segurança alimentar das famílias produtoras da região,

sendo utilizadas na alimentação da família em 100% dos casos, segundo a análise sociocultural e de manejo dos mantenedores (Souza, 2015).

A identificação de variedades de milho doce do EOSC, associado à limitada diversidade conservada nos bancos nacionais de germoplasma e à escassez de informações sobre o seu potencial genético, indicam a importância da coleta e caracterização do germoplasma conservado *in situ-on farm* pelos agricultores dessa região.

A caracterização de germoplasma é uma ferramenta que amplia o conhecimento do atual estado da diversidade, fornecendo informações que contribuem tanto para o desenvolvimento de programas de melhoramento, quanto para a conservação *in situ-on farm* e *ex situ*. No que diz respeito ao melhoramento de milho doce, também é necessária a identificação *a priori* dos genes mutantes responsáveis pelo fenótipo doce.

A identificação do alelo mutante responsável pela doçura do grão pode ser feita a partir de teste alélico, cruzando variedades de milho de genótipo desconhecido para o fenótipo doce, com materiais de genótipo conhecido (Coe, 1985; Strickberger 1968). O método de cruzamento alélico ou complementação genética é realizado através de cruzamentos a campo para a validação das relações alélicas entre os mutantes de milho doce, uma vez que as mudanças na composição química, tamanho, formato, cor e tempo de desenvolvimento dos grãos, em função da natureza genética do pólen responsável pela fertilização, é visível na geração F1 (Jha et al., 2016). Tal efeito, que altera as características químicas e morfológicas do grão, é conhecido como fenômeno xênia (Denney, 1992), e resulta de um efeito direto do pólen no embrião e endosperma, após a fertilização e desenvolvimento do grão.

Com base nessas considerações, o presente trabalho teve por objetivos caracterizar fenotipicamente (descritores morfológicos) a diversidade das variedades locais de milho de grãos do tipo doce da região do EOSC e identificar os genes mutantes responsáveis pelo fenótipo doce. Os resultados deste trabalho servirão como base para um plano de conservação *in situ-on farm* por meio da valorização e uso das variedades em programas de melhoramento genético participativo

3.0 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL VEGETAL

O material vegetal usado no presente estudo é constituído por nove variedades locais de milho doce da região do EOSC, três cultivares desenvolvidas pelo programa de melhoramento de milho da Embrapa (BR 400, BR 401 e BR Vivi) e um acesso do BAG Milho (Cubano). As variedades locais foram coletadas em unidades familiares de produção rural dos municípios de ANC e GBA, localizadas na região Sul do Brasil, mesorregião do Oeste e microrregião do Extremo Oeste de Santa Catarina (IBGE, 2010) (Figura 1). A região Oeste catarinense, onde estão localizados esses dois municípios, é caracterizada por minifúndios e produção diversificada de cultivos e animais. ANC e GBA possuem uma população de pouco mais de 6 e 10 mil habitantes, respectivamente, com 59,5% (ANC) e 53,1% (GBA), residentes no meio rural, nessa ordem (IBGE 2010).

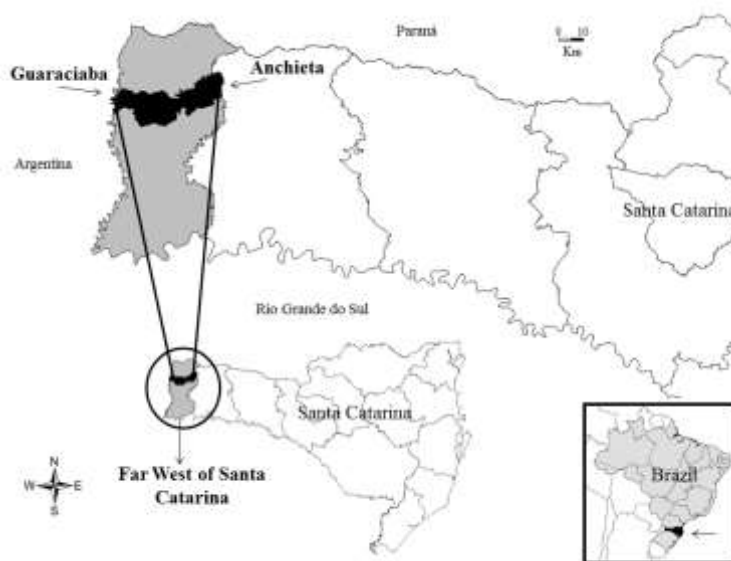


Figura 1: Municípios de Anchieta e Guaraciaba, na microrregião do Extremo Oeste de Santa Catarina – Sul do Brasil. Fonte: Costa et al. (2016).

A amostra de sementes coletada de cada variedade local diferiu de acordo com a quantidade que a família mantenedora¹ pôde disponibilizar, visto que muitas famílias armazenam pequenas quantidades de sementes de um ano para o outro. As sementes foram acondicionadas em sacos de papel e armazenadas no BAG do Laboratório de Pesquisa em

¹ Os agricultores que doaram sementes concordaram em assinar um termo de anuência prévia, declarando estar de acordo com a doação de sementes.

Agrobiodiversidade (LAGROBio) da UFSC, onde foram submetidas aos processos de limpeza, registro (dados de passaporte) e teste de germinação.

3.2 CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA

A caracterização fenotípica das variedades locais de milho de fenótipo doce, das cultivares da Embrapa e do BAG Milho se deu com base em caracteres morfológicos de espiga e grão, de acordo com os descritores mínimos da cultura (IBPGR,1991; MAPA, 1997), a saber: cor do grão (CG), cor do pericarpo do grão (CP), cor do endosperma (CEN), forma do grão (FG), forma da espiga (FE), número de fileiras (NF), arranjo das fileiras (AF), cor do sabugo (CS), número de grãos por fileira (NGF), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), comprimento do grãos (COG), largura do grão (LG) e espessura do grão (EG). Foram utilizados sete caracteres relacionados à espiga e sete relacionados ao grão, sendo avaliadas cinco espigas por variedade e 10 grãos por espiga (Apêndice L).

Os dados de caracterização de espiga e grão foram submetidos à análise descritiva e multivariada (análise de agrupamento e componentes principais), com auxílio do software PAST 3.04 (Hammer et al. 2001). Para as variáveis nominais, foi considerada a moda para a classificação dentro de cada conjunto de dados. Para as variáveis quantitativas, foi considerada a média dos dados e estimado o intervalo de confiança a 95% de confiabilidade pela distribuição t de Student.

Para a análise de agrupamento, foram utilizadas nove variáveis, excluindo aquelas de menor variação e correlacionadas. A existência de correlação entre as variáveis foi verificada a partir do coeficiente de correlação de Pearson. Para gerar o dendrograma, foi constituída uma matriz de distância pelo método de Gower, devido à presença de caracteres qualitativos e quantitativos, na matriz de dados. Para construir os agrupamentos (Hierarchical Clustering), foi usado o método de médias aritméticas não ponderadas (Unweighted Pair-Group Method using arithmetic Averages - UPGMA), por ter apresentado o maior valor de coeficiente de correlação cofenética (0,77). O ponto de corte foi estabelecido com base na média entre o menor e o maior valor da matriz de distância (Mingoti, 2005). O método de ordenação de análise de componentes principais (PCA) foi utilizado para a identificação dos caracteres responsáveis pela maior variação entre as variedades.

3.3 TESTES ALÉLICOS

A identificação dos genes responsáveis pelo fenótipo doce foi realizada por meio de testes alélicos, usando como testador as quatro variedades de milho doce da Embrapa de genótipo conhecido para o fenótipo doce. São elas a variedade super doce BR400, portadora do genótipo

bt2bt2; o híbrido super doce BRS Vivi, portador do genótipo *sh2sh2*; as variedades doces BR 401 e Cubano, ambas portadoras do genótipo *sulsul*.

Os testes foram conduzidos em quatro áreas, com isolamento espacial (áreas espaçadas e com barreiras vegetais) e temporal (intervalos de 15 dias para a semeadura) entre si, na Fazenda Experimental da Ressacada, em Florianópolis, na safra 2016/2017. Em cada área, um material de genótipo conhecido foi usado como doador de pólen, enquanto as nove variedades locais foram doadoras de óvulos, testadas para a identificação do alelo mutante.

Cada área foi constituída por 12 fileiras de cinco metros lineares de comprimento, espaçadas 1,0 m entre si, a uma densidade de 50.000 plantas ha⁻¹. Cada três fileiras de variedades locais (doadoras de óvulos), foram intercaladas por uma fileira contendo uma das quatro variedades de genótipo conhecido (doadora de pólen). As fileiras constituídas pelas variedades polinizadoras foram semeadas em duas épocas, visando coincidir a liberação do pólen com a emissão dos estilos-estigmas das espigas das variedades locais. Na fase do florescimento feminino, antes da liberação dos estilo-estigmas, as espigas das variedades locais foram encapadas com saco plástico e os pendões das variedades doadoras de pólen foram protegidos com saco de papel Kraft para a coleta de pólen.

A polinização das espigas foi realizada, manualmente, e cada espiga polinizada foi sinalizada com um número de identificação, contendo o número do cruzamento, a data da polinização e a identificação da variedade local (doadora de óvulo) e da variedade doadora de pólen. No momento da colheita, um total de 500 cruzamentos foram avaliados visualmente quanto ao tipo de grão e, a partir do fenótipo resultante de tais cruzamentos, a variedade era classificada como doce ou super doce, ao mesmo tempo em que o alelo responsável por esses fenótipos era identificado. Considerando o caráter recessivo, as variedades que mantiveram o grão enrugado do tipo doce, após o cruzamento, foram consideradas portadoras do genótipo homocigoto recessivo do seu testador. Por outro lado, as variedades que perderam a característica de grão enrugado do tipo doce, foram consideradas como portadoras de genótipo distinto do seu testador. Esta identificação foi possível, na própria geração da planta mãe, em decorrência do efeito xênia, que provoca alteração na composição química dos grãos pela natureza do pólen, que são perceptíveis pelo fenótipo morfológico do grão (Apêndice M).

4.0 RESULTADOS

4.1 CARACTERIZAÇÃO DAS VARIEDADES LOCAIS

A Tabela 1 contém a caracterização dos 13 tratamentos (nove variedades locais, três cultivares melhoradas da Embrapa e de um acesso do BAG Milho da Embrapa), para sete caracteres morfológicos qualitativos associados ao grão e à espiga. As variedades locais de milho doce do EOSC, bem como as cultivares da Embrapa e o acesso Cubano, apresentam pouca diversidade com relação as características qualitativas de espiga e grão, diferenciando apenas para caracteres relacionados à cor do grão. Os caracteres forma de grão, cor do sabugo e cor do pericarpo não apresentaram variação, sendo que todas os tratamentos apresentaram grão de forma *contraída*, sabugo de cor *branca* e pericarpo *incolor*. Para a cor de grão e cor de endosperma, oito (61,5%) das treze variedades locais apresentaram grãos de cor *translúcida/incolor*, duas de cor *amarela* e duas de cor *amarelo laranja* (15,4%), além do acesso da Embrapa de cor *amarelo ouro* (7,7%). Para o caráter arranjo das fileiras, apenas duas variedades locais apresentaram espigas com fileiras em *espiral*, sendo que a variedade 2255A apresentou espigas em *espiral e direito*. As demais variedades apresentaram espigas com fileiras *reta e direito*. Quanto à forma de espiga, os tratamentos apresentam espigas *cônica-cilíndrica* (53,8%), *cilíndrica* (30,8%), *cônica* (7,7%) e *redonda* (7,7%).

Quanto aos caracteres quantitativos, a análise descritiva demonstrou maior variação entre e dentro dos tratamentos estudados (Tabela 2). Para o número de fileiras, a maior parte dos materiais apresentam 14 fileiras por espigas, variando de 12 a 18, com exceção das variedades locais 2433F e 2029A, que apresentaram uma moda de 12 fileiras por espiga. Para NGF e CE, as variedades locais apresentaram valores variando de 22,0 a 40,8 cm e 11,2 a 16,8 e 17,1 cm, respectivamente.

Dentre as variedades locais, o tratamento 2433F, de cor amarela, foi aquele que apresentou maiores valores para NGF, CE, COG e LG, e menor valor para EG, com médias de 40,8, 16,8 cm, 16,4 mm, 9,3 mm e 2,8mm, respectivamente. Por outro lado, a variedade 741B apresentou os menores valores, com médias de 22,0, 11,2 cm, 8,8 mm para NGF, CE e COG, nessa ordem. Para o diâmetro de espiga, as variedades locais 2276A e 2514A foram aquelas que apresentaram maiores diâmetros, sendo 4,8 e 4,6 mm, respectivamente.

As variáveis comprimento, largura e espessura de grão foram as características que apresentaram maior variação entre os tratamentos, porém com menor amplitude de variação dentro da variedade. As médias para as variedades variaram de 8,4 a 8,8 a 16,4 mm, para CG, 6,5 a 9,3 mm para LG e 2,8 a 3,8 mm para EG.

A análise dos dados, agrupando os materiais por cor de grão, demonstrou que os tratamentos de grãos de cor *amarela* - variedade local 2433F e a cultivar BRS Vivi - foram os que apresentaram maiores tamanhos de espigas (CE e DE) e NGF. As variedades de grãos de cor *translúcida* apresentaram maiores variações entre as variedades, e com médias próximas as variedades de cor *amarelo laranja*, para todas as variáveis, com exceção de EG e NF. A cultivar BR 401 da Embrapa, de grãos de cor *amarelo ouro*, tende a apresentar valores próximos aos materiais de cor *translúcida* (Tabela 2).

Tabela 1: Caracterização morfológica qualitativa das variedades locais de milho doce do Extremo Oeste do estado Santa Catarina, Sul do Brasil, das cultivares da Embrapa e do acesso do BAG Milho da Embrapa. Safra 2013/2014.

IDV ^a	Nome da Variedade ^b	Cor do Grão (coroa)	Cor do Pericarpo do Grão	Cor do Endosperma	Forma do Grão	Forma da Espiga	Arranjo das Fileiras	Cor do Sabugo
2255A	Doce Branco	Translúcido	Incolor	Incolor	Contraída	Cônica-Cilíndrica	Espiral/Direito	Branco
2276A	Branco	Translúcido	Incolor	Incolor	Contraída	Cônica-Cilíndrica	Espiral	Branco
2433F	Doce	Amarelo	Incolor	Amarelo	Contraída	Cônica-Cilíndrica	Direito	Branco
2514A	Branco Doce	Translúcido	Incolor	Incolor	Contraída	Cônica-Cilíndrica	Direito	Branco
319A	Comum	Translúcido	Incolor	Incolor	Contraída	Redonda	Direito	Branco
741B	Branco	Translúcido	Incolor	Incolor	Contraída	Cilíndrica	Direito	Branco
2029A	Murcho	Translúcido	Incolor	Incolor	Contraída	Cônica	Direito	Branco
3000A	Milho Verde	Translúcido	Incolor	Incolor	Contraída	Cônica-Cilíndrica	Direito	Branco
3001A	Amarelo Doce	Alaranjado	Incolor	Alaranjado	Contraída	Cônica-Cilíndrica	Direito	Branco
BR 400	Super doce	Amarelo Laranja	Incolor	Alaranjado	Contraída	Cilíndrica	Direito	Branco
BR 401	Doce de Ouro	Amarelo Ouro	Incolor	Amarelo Ouro	Contraída	Cilíndrica	Direito	Branco
BRS Vivi	BR Vivi	Amarelo	Incolor	Amarelo	Contraída	Cônica – Cilíndrica	Direito	Branco
Cubano	Cubano	Translúcido	Incolor	Incolor	Contraída	Cilíndrica	Direito	Branco

^a IDV: Identificação da variedade como acesso do BAG Milho da UFSC. ^b Nome atribuído à variedade, segundo o seu mantenedor.

Tabela 2: Caracterização morfológica quantitativa das variedades locais de milho doce do Extremo Oeste do estado Santa Catarina, Sul do Brasil, das cultivares da Embrapa e do acesso do BAG Milho da Embrapa. Safra 2013/2014.

IDV ^a	Número de fileiras ^b	Nº grãos por fileira (cm) ^c	Comprimento da espiga (cm)	Diâmetro da espiga (cm)	Comprimento do grão (mm)	Largura do grão (mm)	Espessura do grão (mm)
2255A	14 (12-18)	36,6 (27,2-46,0) ^d	16,4 (1,2-19,5)	4,3 (3,7-4,8)	9,4 (9,0-9,7)	7,2 (7,0-7,5)	3,7 (3,5-4,0)
2276A	14 (14-18)	31,4 (23,8-39,0)	13,4 (10,8-16,0)	4,8 (4,4-5,1)	11,5 (11,3-11,8)	7,5 (7,2-7,8)	4,2 (4,0-4,5)
2433F	12 (12-14)	40,8 (22,4-59,1)	16,8 (14,4-19,1)	4,3 (3,7-4,9)	16,4 (16,4-16,5)	9,3 (9,2-9,3)	2,8 (2,7-2,9)
2514A	14 (12-18)	23,8 (12,3-35,3)	12,6 (9,6-15,6)	4,6 (3,4-5,8)	10,6 (10,1-11,1)	7,6 (7,3-7,9)	3,7 (3,4-7,0)
319A	14 (12-16)	32,2 (23,1-41,3)	12,9 (10,7-15,1)	3,9 (3,6-4,3)	9,1 (8,9-9,3)	6,8 (6,6-7,1)	3,4 (3,2-3,6)
741B	14 (12-16)	22,0 (10,2-33,8)	11,2 (5,5-16,8)	4,0 (3,3-4,6)	8,8 (8,1-9,5)	7,5 (6,9-8,0)	3,8 (3,5-4,1)
2029A	12 (12-14)	25,0 (22,7-27,3)	14,0 (12,7-15,3)	3,9 (2,8-5,1)	9,2 (8,7-9,6)	7,0 (6,8-7,2)	3,4 (3,1-3,6)
3000A	14	30,5 (28,7-32,3)	12,7 (9,8-15,5)	4,0 (3,7 – 4,3)	9,2 (8,9-9,5)	6,5 (6,3-6,7)	3,1 (2,9-3,3)
3001A	14 (12-16)	28,0 (20,8-35,2)	12,5 (10,4-14,6)	3,7 (3,4-4,0)	9,0 (8,8-9,2)	6,6 (6,5-6,8)	3,1 (2,9-3,4)
BR 400	14 (12-14)	29,2 (24,4-34,0)	15,2 (14,0-16,5)	4,0 (3,6-4,4)	8,4 (8,0-8,8)	7,1 (6,8-7,3)	2,7 (2,5-2,9)
BR 401	14 (12-16)	29,0 (18,2-39,8)	16,7 (13,8-19,5)	4,2 (3,6-4,9)	8,8 (8,3-9,3)	7,5 (7,2-7,9)	3,6 (2,3-4,0)
BRS Vivi	14	36,6 (34,3-38,9)	15,8 (15,3-16,3)	4,8 (4,6-5,0)	8,5 (8,0-9,0)	7,6 (7,1-8,1)	4,2 (3,7-4,7)
Cubano	14 (12-16)	34,6 (31,4-37,8)	17,1 (16,7-17,5)	4,7 (4,5-4,9)	9,6 (9,1-10,1)	7,6 (7,1-8,1)	3,9 (3,5-4,2)

^a IDV: Identificação da variedade como acesso do BAG Milho da UFSC. ^b Classificação de acordo com modo e amplitude de variação. ^c Média das variáveis quantitativas para cada variedade; ^d Intervalo de confiança a 5% de probabilidade pela distribuição t de Student.

A análise de agrupamento dividiu o conjunto de tratamentos - nove variedades locais, três cultivares e um acesso do BAG Milho - em cinco grupos distintos (Figura 2). As variedades locais de grãos translúcidos ficaram organizadas em três diferentes grupos. O grupo I foi constituído pelas variedades 2514A, 741B, 319A e 2029A; o grupo IV pelas variedades 2276A e 2255A. As variedades locais do grupo I são similares para NGF, CE e DE. Dentro do grupo IV, encontram-se as variedades que apresentaram os maiores tamanhos para caracteres quantitativos de espiga e grão. A variedade 3000 A (grãos *translúcidos*), agrupou-se com a variedade 3001A e a cultivar BR 400 (ambas com grão *amarelo laranja*), formando o grupo II. O grupo III foi constituído pela cultivar BR 401 e pelo acesso Cubano de grãos *translúcidos*, e pelo híbrido BRS Vivi, de grãos *amarelos*. O grupo V foi formado por apenas um material, a variedade local de grãos *amarelos* 2433F, que além de se diferenciar das demais pela cor do grão, é o tratamento que apresenta o maior tamanho de espiga e grão.

De acordo com o PCA, os componentes principais 1 e 2 explicaram 35,0 e 24,2%, da variação ocorrida entre os materiais estudados, respectivamente (Figura 3). Cada componente está representando um vetor e considera-se que, quanto maior o tamanho, maior a importância para explicar a variabilidade entre as amostras. Sendo assim, de acordo com os coeficientes de correlação entre as variáveis e os dois primeiros componentes de ordenação da PCA, as variáveis largura de grãos e número de grãos por espiga correspondem as variáveis de maior peso no primeiro componente. Dentro do componente 2, as variáveis espessura do grão e cor de grão são as variáveis de maior significância.

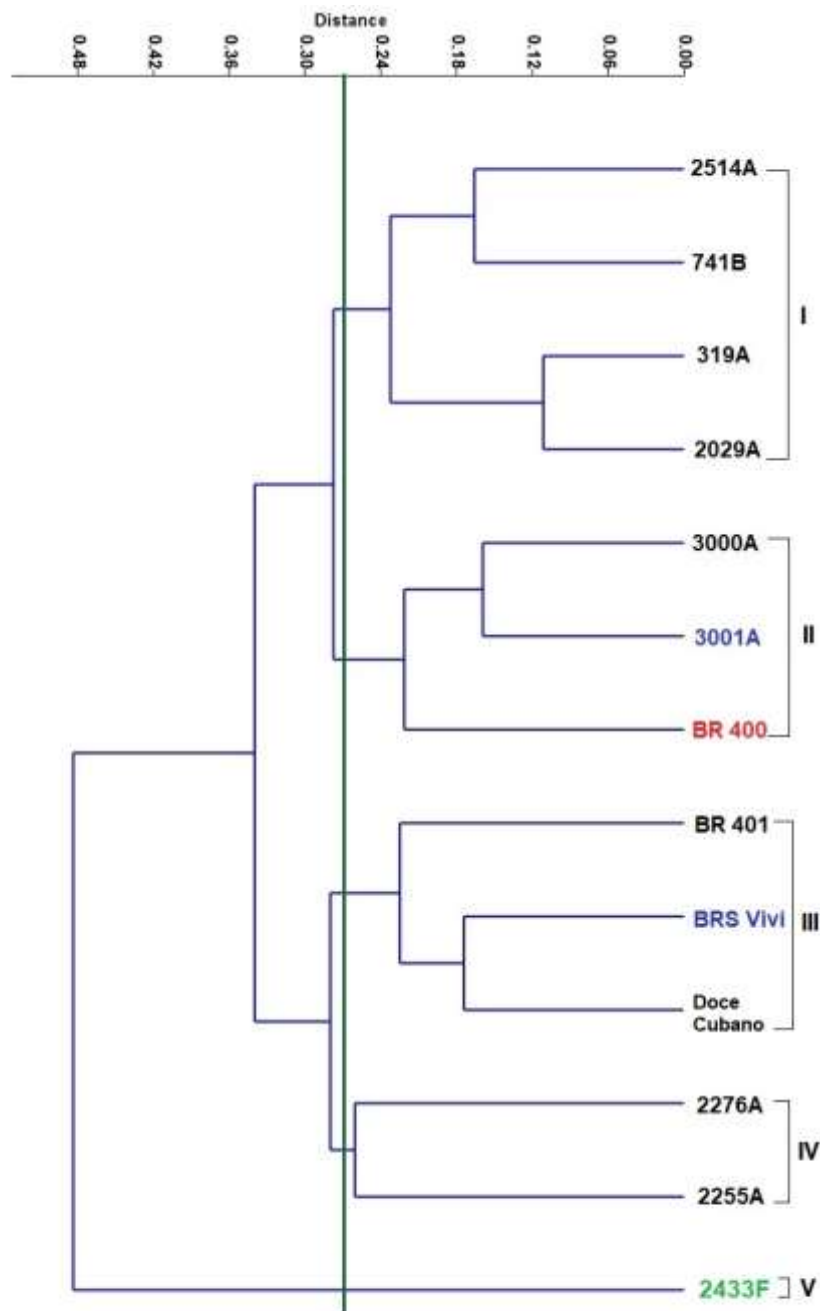
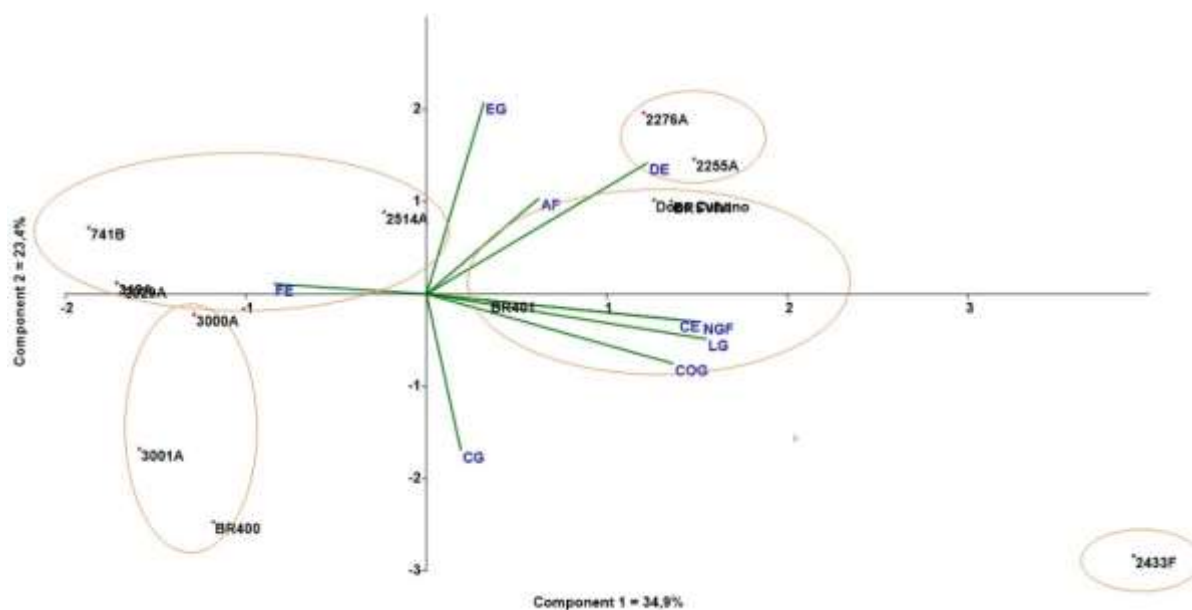


Figura 2: Distância entre variedades locais de milho doce de Anchieta e Guaraciaba e quatro materiais de genótipos conhecidos para o fenótipo doce. Coeficiente de correlação cofenética de Gower ($r = 0,77$), método de agrupamento UPGMA.



***Variáveis:** (CG) Cor de grão; (FE) Forma da espiga; (AF) Arranjo das fileiras; (NGF) N° grãos por fileira; (CE) Comprimento da espiga; (DE) Diâmetro da espiga; (COG) Comprimento do grão; (LG) Largura do grão; (EG) Espessura do grão.

Figura 3: Análise dos componentes principais das variedades locais de milho doce e quatro materiais de genótipo conhecido para o fenótipo doce.

4.2 IDENTIFICAÇÃO DOS GENES MUTANTES

Diante do agrupamento das variedades e formação de diferentes grupos, a identificação dos alelos responsáveis pelo fenótipo doce se torna essencial para a definição de futuros trabalhos de conservação e melhoramento destes materiais.

Os testes alélicos comprovaram a presença de alelos recessivos para o caráter doce em oito das nove variedades locais estudadas (Tabela 3), sendo identificados o mutante *sugary1* da classe II (doce) e o mutante *shrunken2* da classe I (super doce). A confirmação da presença dos alelos recessivos responsáveis pelo fenótipo doce foi possível a partir da mudança na composição dos grãos pela natureza do pólen, denominado fenômeno xênia em milho.

As variedades locais 2029A, 741B, 2514A, 2276A, 319A, 3000A e 2255A apresentaram grãos do tipo doce (*enrugado* e *translúcido*), quando cruzadas com as variedades BR 401 e Cubano (Tabela 3; Figura 4), portadoras de genótipo homocigoto recessivo *sulsul1*, mutante *sugary1*. As mesmas variedades apresentaram grãos do tipo *dentado*, *semiduro* ou *duro*, quando cruzada com os genótipos BRS Vivi, portadora do genótipo *sh2sh2*, e BR400, portadora do genótipo *bt2bt2* (Tabela 3). A variedade 2276A, por exemplo, apresentou grãos do tipo *semiduro* e *dentado*, quando cruzada com o híbrido BRS Vivi (Figura 4 – C).

O cruzamento da variedade 3001A (grão alaranjado e enrugado) com o híbrido BRS Vivi (genótipo *sh2sh2* de grãos amarelos e enrugados) resultou em grãos do tipo doce, inclusive quando foram realizados cruzamentos recíprocos (Figura 4 - D/E). Tal resultado comprova a presença dos alelos mutantes *shrunken2*, super doce da classe I, como responsáveis pelo fenótipo doce na variedade local 3001A (Tabela 3).

Quando a variedade 3001A de grão amarelo laranja recebeu pólen da variedade super doce BR400 (grão *amarelo laranja*, genótipo *bt2bt2*), o que se esperava era a obtenção de grãos do tipo doce, pela semelhança fenotípica entre as variedades. Entretanto, o resultado do cruzamento foi grão *amarelo laranja*, mas do tipo *duro* (Figura 4 - F). Ambas as variedades apresentaram o fenótipo super doce, porém com mutantes diferentes em homozigose recessiva.

O cruzamento da 3001A com o acesso Cubano e a cultivar BR401, portadores do gene *sugary1*, apresentou grãos do tipo *semiduro* e *duro*, respectivamente.

A variedade 2433F, apesar de apresentar grãos do tipo *enrugado* na maturidade fisiológica, não resultou em grãos do tipo doce ou super doce quando cruzadas com os materiais de genótipo conhecido, não sendo possível identificar o alelo do tipo mutante responsável por tal fenótipo.

Observando os resultados encontrados na análise de agrupamento das variedades com dados de identificação dos alelos mutantes, é possível verificar que dentre as variedades que apresentam os mesmos genes mutantes para o fenótipo doce, existe divergências com relação às características morfológicas. As variedades 2276A e 2255A (Grupo IV) diferenciam-se para tamanho de espiga das variedades 2514A, 741B, 319A e 2276A, 2029A (Grupo I), de mesmo fenótipo *su/su1*.

Embora as variedades do grupo I, com genótipo *su/su1*, tenham apresentado similaridade para NGF, DE e EG, as mesmas são distintas para forma de espigas, variando em cônica, cilíndrica, redonda e cônica cilíndrica (Tabela 1). Entretanto, a maior dissimilaridade entre estas variedades locais ocorreu para a variedade 3000A, a qual se agrupou com materiais de cor amarelo laranja, portadoras de dois diferentes genótipos para o fenótipo doce, e a variedade 3001A (gene *shrunken2*) e cultivar BR 400 (gene *brittle2*), com valores médios de comprimento de espiga e comprimento, largura e espessura de grãos muito semelhantes.

Tabela 3: Cor e tipo de grão resultante dos cruzamentos alélicos entre variedades locais de milho do EOSC e as variedades de genótipo conhecido para o fenótipo doce.

Variedades Locais ^a ♀	Materiais de Genótipo Conhecido ♂			
	BR 400 – Super doce (<i>bt2bt2</i>) Classe I ^b Amarelo Laranja	BR 401 - Doce de Ouro (<i>su1su1</i>) Classe II Amarelo Ouro	Cubano (<i>su1su1</i>) Classe II Translúcido	BRS VIVI (<i>sh2sh2</i>) Classe I Amarelo
2255A – T ^c	Semiduro ^d - AM	Doce - T	Doce - T	Semidentado e Semiduro - AC
2276A - T	Semidentado - AM	Doce - T	Doce - T	Semiduro e Dentado - AC
2514A - T	Semiduro - AM	Doce - T	Doce - T	Semidentado - AC
319A – T	Dentado - AM	Doce - T	Doce - T	Dentado e Duro - AC
741B – T	Dentado – AC	Doce - T	Doce - T	Semidentado e Semiduro - AC
2029A – T	Semiduro - AM	Doce - T	Doce - T	Semiduro e Duro - AM
3000A – T	Semiduro e Dentado – AC	Doce - T	Doce - T	Semiduro e Duro - AC
3001A – T	Duro - AL	Duro - AM	Semiduro -AM	Doce -AL
2433F - T	Dentado – AM/AL	Dentado - AM/AL	Dentado - CO	Dentado – AM/AL

^a IDV: Identificação da variedade como acesso do BAG Milho da UFSC; ^b Divisão em classes de acordo com Boyer (1984). ^c Cor: AM -Amarelo; AL – Amarelo laranja; AC – Amarelo Claro; T – Translúcido; CO – Colorido; ^d Tipo de grão.

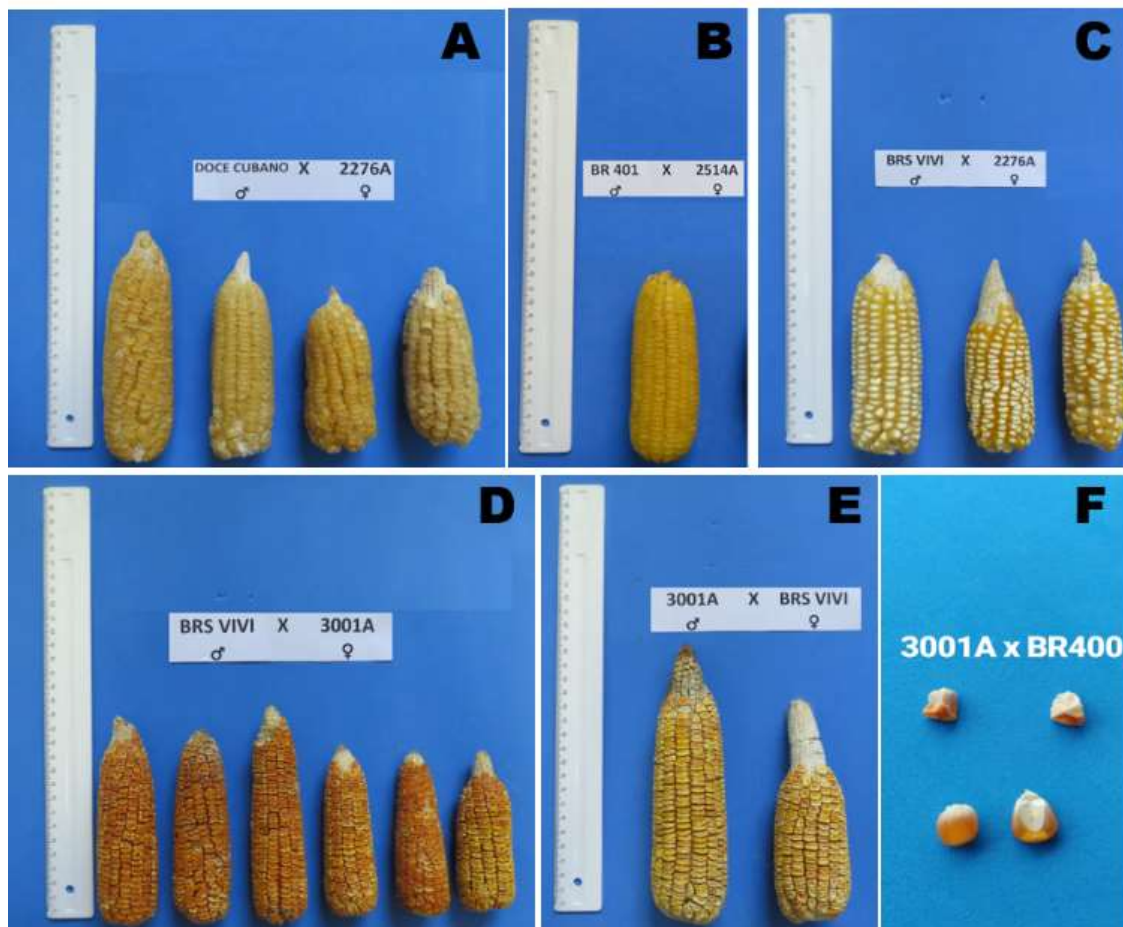


Figura 4: Resultado para tipo de grão dos cruzamentos alélicos. A e B - F1 com grãos do tipo doce. C - F1 com grãos do tipo semiduro e dentado. D - F1 com grãos do tipo doce. E – F1 com grãos do tipo doce resultante do cruzamento recíproco entre 3001A e BRS Vivi. F - Ilustração dos grãos da variedade 3001A e BR400 (ambas com grãos do tipo doce) e os grãos do tipo duro resultante do cruzamento entre as variedades.

5.0 DISCUSSÃO

As variedades de milho doce do EOSC, bem como os dois diferentes genes mutantes identificados, *sugary1* e *shrunken2*, representam uma diversidade importante a ser conservada e utilizada em programas de melhoramento genético participativo, considerando que o BAG Milho da Embrapa, que abriga a principal coleção de germoplasma de milho do país, possui apenas 20 acessos (TIRFAA, 2013).

A utilização das variedades locais depende inicialmente do acúmulo de informações genéticas, biológicas e agrônômicas disponíveis sobre as mesmas. No presente estudo, a identificação dos alelos recessivos responsáveis pelo fenótipo doce das variedades locais do EOSC correspondeu a uma etapa primordial da caracterização desses materiais para a definição de futuros trabalhos regionais de melhoramento genético participativo. As variedades de milho doce do EOSC diferem tanto quanto ao alelo mutante responsável pelo fenótipo doce como

quanto à classe de mutante definida por Boyer e Shannon (1984), uma vez que foram identificados alelos mutantes *sugary1* da classe II doce e *shrunken2* da classe I super doce.

A comprovação da presença dos mutantes para o fenótipo doce foi possível pela existência do efeito xênia, o qual pode alterar características como tamanho, formato, cor e tempo de desenvolvimento de sementes e frutos (Denney, 1992). Em milho doce, as modificações em decorrência deste efeito estão na magnitude da composição do endosperma, conforme descrito por Kiesselbach (1926). A composição é afetada a partir da alteração de um endosperma doce para um endosperma rico em amido, após a fecundação do óvulo por um grão de pólen de milho não doce ou doce, porém com genótipo distinto para o carácter doce.

A identificação dos alelos recessivos responsáveis pelo fenótipo doce nas variedades locais do EOSC corrobora, em parte, com os dados de caracterização e, conseqüentemente, com os agrupamentos formados (Figura 2). O grupo I (2514A, 741B, 319A e 2029A), o grupo IV (variedades 2276A e 2255A) e a variedade 3001A do grupo II, que apresentam grãos do tipo translúcido e enrugado quando secos, são portadores do gene *sugary1*.

Ambos os mutantes identificados como responsáveis pelo fenótipo doce nas variedades locais de milho do EOSC possuem importância, tanto no sentido da conservação como para o melhoramento genético.

No que diz respeito a importância para a conservação, além do baixo número de materiais de milho doce conservado no BAG Milho da Embrapa, estudos recentes demonstram que a maioria é portador do alelo mutante *sugary1*, e que nenhum dos acessos testados apresentou o mutante *shrunken2*, o que leva a crer que este mutante é raro ou inexistente na coleção da Embrapa (Teixeira e Evangelista, 2016). Além disso, as autoras concluem que a coleção do BAG da Embrapa apresenta base genética estreita e necessita de novas fontes de germoplasma. Vale ressaltar que o gene *shrunken2* foi identificado como responsável pelo fenótipo super doce na variedade 3001A do EOSC, evidenciando sua importância como fonte de genes para ampliar a base genética de milho doce no Brasil.

Tanto as variedades locais de grãos translúcidos e genótipo *su1su1*, quanto a variedade de grão amarelo laranja de genótipo *sh2sh2*, não se agruparam com os materiais de genótipos doces correspondentes a BR401 e Cubano (*su1su1*) e BRS Vivi (*sh2sh2*), com base nos caracteres de espiga e grão. A dissimilaridade encontrada entre as variedades locais e os materiais de genótipos conhecidos da Embrapa e a identificação dos genes mutantes para o fenótipo doce comprovam que a diversidade de milho doce presente no EOSC difere da diversidade existente no banco ativo de germoplasma brasileiro de milho, e que mesmo que as variedades do EOSC

sejam descendentes do material genético conservado *ex situ*, distinguem-se do mesmo em função dos anos de cultivo junto aos agricultores.

As variedades locais, nomeadas, selecionadas e manejadas pelos agricultores por um longo período de tempo, adquirem características próprias, tornando-se geneticamente diversificadas e localmente adaptadas aos agroecossistemas onde são conservadas (Zeven, 1998; Teshome et al., 1997). Como consequência dos processos adaptativos e evolutivos pelos quais estão dinamicamente expostas, as variedades conservadas *in situ-on farm* não apresentam as mesmas frequências alélicas das variedades coletadas e mantidas nos bancos de germoplasma. Neste cenário, as variedades locais de milho doce conservadas *in situ-on farm* no EOSC constituem um importante incremento ao germoplasma de milho doce do Brasil, servindo como fontes de genes e de combinações gênicas para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético de milho doce.

Entretanto, apesar da importância do germoplasma conservado no EOSC, tanto para a conservação da diversidade quanto para a soberania e segurança alimentar das famílias produtoras, as variedades locais de milho doce encontram-se em constante risco de erosão genética. As principais ameaças estão relacionadas à reduzida quantidade de sementes armazenadas de um ano para o outro, à idade avançada dos mantenedores, à falta de sucessão familiar, e ao risco de cruzamentos com milhos de fenótipos comum (Souza, 2015; Silva, 2015). No que diz respeito ao risco de cruzamentos indesejados, no caso especial do milho doce, a característica recessiva dos genes, somado ao efeito imediato do pólen no embrião e endosperma, faz com que as variedades percam seu fenótipo típico quando polinizadas por outro tipo de milho ou, até mesmo, por milho doce portador de um genótipo diferente. Uma das consequências desse efeito é a necessidade de isolamento durante o cultivo de milho doce, seja no tempo ou no espaço, demonstrando ainda mais a fragilidade da conservação de variedades de milho doce.

Nesse cenário, ações de coleta, conservação e caracterização da diversidade de milho doce da região do EOSC, em bancos de sementes, locais e institucionais, são ferramentas que podem contribuir para o fortalecimento tanto a conservação *in situ-on farm*, quanto à conservação *ex situ* desse recurso fitogenético local. Tais estratégias devem ser voltadas sobretudo aos germoplasmas mais raros, como é o caso da variedade local 3001A, única que mantém o mutante *shrunken2*, e da variedade 2433F com fenótipo doce, porém sem a confirmação dos alelos mutantes que conferem este fenótipo, podendo se tratar de um alelo raro ou de um novo alelo.

Com relação ao melhoramento genético, os genes *sugary1* e *shrunken2* identificados nas variedades locais de milho doce do EOSC, estão presentes na maioria dos cultivares comercializadas em países produtores de milho doce, apresentando particularidades com relação ao potencial de uso.

O gene *sugary1*, localizado no cromossomo 4 e identificado pelo símbolo *su1*, na condição homocigota recessiva *su1su1*, é responsável pelo aumento da concentração de sacarose, diminuição de amilopectina, e acumulação de fitoglicogênio (um polissacarídeo solúvel em água), em grãos na fase de milho verde (Coe et al., 1988; Black et al., 1966; Evensen e Boyer, 1986). Quando atingem a maturidade fisiológica, os grãos apresentam aparência aguda, translúcida e contraída, como verificada no presente trabalho. Embora tenha sido um dos primeiros genes caracterizados geneticamente no milho (Correns, 1901) apud Tracy et al., 2006) e de sua grande ocorrência nas Américas, o milho doce portador do alelo *su1* não foi usado inicialmente como milho verde, mas sim como ingrediente de comidas e bebidas típicas, tal como o Pinole (preparado com a farinha dos grãos), a Kancha (preparado com grãos secos tostado) e da Chicha (bebida alcoólica preparada com grãos secos fermentado) (Tracy, 2001).

O mutante *shrunken2* (*sh2*), identificado como responsável pelo fenótipo super doce na variedade local 3001A, está localizado no cromossomo 3 e é responsável pelo milho extremamente doce, com alta concentração de sacarose e baixo teor de amido em grãos maduros (Laughnan, 1953). Os grãos portadores desse gene em homocigose recessiva apresentam endosperma pouco desenvolvido, enrugado, angular e frágil quando seco (Mains, 1949). A mutação *sh2*, relatado inicialmente por Burnham (1974), afeta a enzima sintética do amido ADP-glicose pirofosforilase, reduzindo a quantidade de amido produzido no endosperma e aumentando consideravelmente o nível de sacarose (Tsai e Nelson 1966).

Até a década de 1980, quase 100% das áreas de milho doce nos EUA eram plantadas com genótipos *sugary1*. A introdução de novos híbridos, contendo mutações *shrunken2* e *enhancer1*, reduziu significativamente esta porcentagem, o que possibilitou a abertura de novos mercados e a expansão da produção de milho doce internacionalmente (Duan, 1997). Grande parte dessa mudança se deve ao fato do milho *sugary1* apresentar rápida perda de qualidade do grão após a colheita, devido à conversão de açúcares em amido e perda de umidade (Azanza et al., 1996). Enquanto que o mutante *shrunken2*, apresenta maior concentração de sacarose nos grãos, além de manter o teor de açúcar e a umidade por períodos mais longos após a colheita (Creech, 1965; Garwood et al., 1976), o que proporciona maior preferência dos consumidores (Evensen e Boyer, 1986; Malvar et al, 1997).

Entretanto, genótipos portadores do mutante *sugary1* apresentam maiores tamanho de espiga, peso e volume de grãos. Jr. et al. (2006) caracterizaram e avaliaram agronomicamente híbridos e linhagens de milho doce e identificaram que os materiais com a presença do alelo mutante *su1* apresentaram espigas e sabugos de maior diâmetro, sendo está uma característica própria do milho doce *sugary1*. Segundo Goldman & Tracy (1994), o milho doce contendo o mutante *shrunken2* apresenta um endosperma menor do que o *su1*, devido aos efeitos desse mutante na síntese de amido, resultando em grãos menores e mais leves. Tal fato pode ser comprovado no presente estudo, onde as variedades locais portadoras do mutante *sugary1* apresentaram maiores tamanho de espiga, peso e volume de grãos, quando comparada a variedade 3001A, portadora do alelo *shrunken2*.

Dentro desse contexto, a dissimilaridade fenotípica entre as variedades locais de milho doce do EOSC e a identificação de alelos mutantes para o fenótipo, doce e super doce, com diferentes potenciais para o melhoramento, justificam o desenvolvimento de estratégias de melhoramento voltadas para o uso desse germoplasma local, como por exemplo, o melhoramento genético participativo. Trata-se de um modelo de melhoramento voltado para comunidades locais, onde conhecimento, habilidades, experiências, práticas e preferências dos agricultores são combinados ao conhecimento dos pesquisadores, possibilitando o uso de base genética local, impulsionando sua conservação e uso (Machado, 2014; Almekinders e Elings, 2001; Boef, 2007).

Dentre as ações que fornecem suporte ao modelo de pesquisa participativa, podemos elencar: a identificação de variedades locais para uso como base genética; caracterização dessas variedades em ensaios de avaliação do potencial de campo, a serem realizados em unidade de produção familiar dos agricultores envolvidos; a condução dos ensaios em rádio, jornal e em encontros de organizações locais; a comercialização do excedente dos ensaios, neste caso milho verde, visando difundir e aumentar o consumo pela população local; e a discussão dos resultados dos ensaios junto as comunidades de agricultores. Os resultados dessas ações permitem comprovar o potencial das variedades e, assim, estruturar o programa de melhoramento em parceria com os agricultores, sejam eles mantenedores ou não do germoplasma local, e que estes sejam os atores ativos em todas as etapas de trabalho.

Neste cenário, as variedades conservadas *in situ-on farm* constituem o alicerce do melhoramento genético participativo, que depende da produção e da troca de sementes pelos produtores para manutenção e difusão de variedades (Machado e Machado, 2003; Almekinders e Elings, 2001). Dentre as variedades estudadas, destacam-se 3001A (genótipo super doce *shrunken2*) e 2433F (genótipo não identificado) como materiais de maior divergência genética,

com potencial para o melhoramento intrapopulacional, além de apresentar extrema importância para a conservação, visto a presença do mutante *shrunken2*. A variedade 3001A, por exemplo, de grão amarelo laranja, apresentou os menores tamanhos para caracteres de espiga e grão, como diâmetro e peso da espiga, volume e peso dos grãos, características que podem ser melhoradas a partir de seleção. Para a variedade 2433F, que não teve identificado o(s) alelo(s) para o fenótipo doce, outros genótipos testadores devem ser incluídos em cruzamento, com a finalidade de verificar se o seu alelo mutante já foi descrito na literatura ou se seria um novo mutante.

As variedades portadoras do mutante *sugary1* para o fenótipo doce apresentaram variabilidade, passível de seleção, para caracteres importantes no melhoramento de milho doce, como número de fileiras de grãos, comprimento de espigas e comprimento, largura e espessura de grão. Tais variedades podem ser combinadas entre si, visando à formação de compostos, o que pode contribuir para a conservação *in situ-on farm* à medida em que resgata a variabilidade perdida das populações que possam apresentar elevado grau de endogamia. Estudos realizados nos próximos capítulos, a respeito da caracterização agrônômica, especialmente na fase de milho verde, devem completar as informações de caracterização e comprovar o potencial de uso dessas variedades do EOSC.

6.0 CONCLUSÕES

O método de cruzamentos alélicos e a existência do efeito xênia foram eficazes na identificação dos alelos recessivos *sul* e *sh2* presentes nos acessos de milho doce coletados no EOSC.

Foram identificados dois genes mutantes, *sugary1* e *shrunken2*, como responsáveis pelo fenótipo doce e super doce das variedades locais de milho do EOSC.

O milho doce e super doce conservado *in situ-on farm* no microcentro de diversidade do gênero *Zea* no EOSC apresenta variabilidade entre e dentro, passível de seleção em programas de melhoramento genético com enfoque participativo.

A diversidade entre as variedades de mesmo genótipo mutante sugere potencial para uso em programas de melhoramento intrapopulacional e interpopulacional.

7.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALMEKINDERS, C.J.M.; ELINGS, A. **Collaboration of farmers and breeders: Participatory crop improvement in perspective.** *Euphytica*, 122(3), 425-438. 2001.
- AZANZA, F.; KLEIN, B.P.; JUVIK, J.A. **SENSORY characterization of sweet corn lines differing in physical and chemical composition.** *Journal of Food Science* 61, 253-257. 1996.
- BLACK, R.C., et al. **Genetic interactions affecting maize phytylglycogen and the phytylglycogen-forming branching enzyme.** *Genetics* 53, 661-668.1966.
- BOEF, W. S.; PINHEIRO, S. L. G. **Um novo profissional na pesquisa de desenvolvimento agrícola participativo.** 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, p. 68 – 77, 2007.
- BOYER, C.D.; SHANNON, J.C. **The use of endosperm genes for sweet corn improvement.** *Plant Breeding Review*, v.1, p.139, 1984.
- BURNHAM, C. R., et al. **Revised genetic nomenclature for maize.** *Maize Genet. Coop. News Lett.* 48:201-202. 1974.
- COE JR E. H. **Phenotypes in corn: control of pathways by alleles, time and place.** In *Plant genetics* (ed. M. Freeling), New Series, vol. 35, pp. 509–521. *UCLA Symposia on Molecular and Cellular Biology*, New York, USA.1985.
- COE, E. H., JR.; NEUFFER, M. G.; AND HOISINGTON, D. A.. **The genetics of corn, in Corn and Corn Improvement**, Sprague, G. F. and Dudley, J. W., Eds., Amer. Soc. Agron., Madison, WI, 1988.
- CORADIN, L. **Parentes silvestres das espécies de plantas cultivadas.** Brasília: Ministério do Meio Ambiente, Secretaria de Biodiversidade e Florestas.2006.
- CORRENS, C. **Bastarde Zwischen Maisrassen, mit besondere Berücksichtigung der Xenien.** apud TRACY WF, WHITT SR AND BUCKLER ES. **Recurrent mutation and genome evolution: example of Sugary1 and the origin of sweet maize.** *Crop Science* 46: 1-7. 2006.
- COSTA, F. M.; SILVA, N. C. A.; OGLIARI, J. B.; **Maize diversity in southern Brazil: indication of a microcenter of Zea mays L..** *Genetic Resources and Crop Evolution* (Print), v. 1, p. 1-20, 2016.
- COSTA, F.M. **Diversidade genética e distribuição geográfica: uma abordagem para a conservação in situ-on farm e ex situ e o uso sustentável dos recursos genéticos de milho do Oeste de Santa Catarina.** Universidade Federal de Santa Catarina. Dissertação (Mestrado), Florianópolis. p. 211, 2013.
- CREECH, R. G., **Genetic control of carbohydrate synthesis in maize,** *Genetics*, 52, 1175, 1965.
- DENNEY, J. O. **Xenia includes metaxenia.** *Hort Science, Alexandria*, v. 27, n. 7,p. 722-728, July 1992.
- DUAN, X. **Seed development of shrunken-2 sweet corn (Zea mays L.) and the use of film coating and field chemical applications to improve seed quality.** *Retrospective Theses and Dissertations.* 1997.
- EMBAPA. **Banco de Germoplasma de Milho.** TIRFAA. Disponível em: <<http://tirfaa.cenargen.embrapa.br/MCPDGenebank/MCPD?map=Teste.RESULT>>. Acesso em 30 de abril de 2016.

- EVENSEN, K.B., BOYER, C.D. **Carbohydrate composition and sensory quality of fresh and stored sweet corn.** J. Am. SOC. Hort. Sci. 111, 734-738. 1986.
- GARWOOD, D. L., et al. **Postharvest carbohydrate transformations and processed quality of high sugar maize genotypes,** J. Am. Soc. Hortic. Sci., 101, 400, 1976.
- GOLDMAN, I. L., & TRACY, W. F. **Kernel protein concentration in sugary-1 and shrunken-2 sweet corn.** HortScience, 29(3), 209-210, 1994.
- HAMMER Ø, HARPER D.A.T.; RYAN P.D. **PAST: paleontological Statistics Software Package for education and data analysis.** Palaeontol Electron, 4:1-9. 2001.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - Censo 2010. Disponível em: <http://www.censo2010.ibge.gov.br/>. Acesso em: jan. de 2015.
- IBPGR. **Descriptors for Maize.** International Maize and Wheat Improvement Center, Mexico City/International Board for Plant Genetic Resources, Rome, 1991.
- JHA, S.K.; SINGH1, N.K.; AGRAWAL, P.K. **Complementation of sweet corn mutants: a method for grouping sweet corn genotypes.** Journal of Genetics, v.95, 2016.
- JR, L.F.G.O.; PEREIRA, M.G.; BRESSAN-SMITH, R. **Caracterização e avaliação agrônômica de híbridos e linhagens de milho doce (su1).** Horticultura Brasileira, 24(3), 283-288, 2006.
- KIESSELBACH, T. A., "The Immediate Effect of Gametic Relationship and of Parental Type upon the Kernel Weight of Corn". Nebr. Agr. Exp. Sta., Res. Bul.33: 1-69. 1926.
- LAUGHNAN, J.R. **THE effect of the sh2 factor on carbohydrate reserves in the mamre endosperm of maize.** Genetics 38:485-499. 1953.
- MACHADO, A. T. **Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo.** Revista Brasileira de Agroecologia, v. 9, p. 35, 2014.
- MACHADO, A.T.; MACHADO, C. T. T. **Melhoramento vegetal participativo com ênfase na eficiência.** Planaltina, DF : Embrapa Cerrados, 39 p. 2003..
- MALVAR, R.A., et al. **A field corn inbreds to improve sweet corn hybrids for early vigor and adaptation to european conditions.** Maydica 42(3), 247-255. 1997.
- MAPA - Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento. **Descritores mínimos de milho (Zea mays L.). Sistema de proteção de cultivares.** Publicado no Diário Oficial da União em 05/11/1997.
- MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada.** Belo Horizonte: Editora UFMG, 2005.
- OGLIARI J.B; KIST V.; CANCI A. **The participatory genetic enhancement of a local maize variety in Brazil.** In: de Boef WS, Subedi A, Peroni N, Thijssen M, O’Keeffe E (ed) Community biodiversity management, promoting resilience and the conservation of plant genetic resources, 1rd edn. Abingdon, Oxon, pp 265-71.7. 2013
- OGLIARI, J.B.; ALVES, A.C. **Manejo e uso de variedades de milho como estratégia de conservação em Anchieta.** In: Boef, W. S.; Thijssen, M. H.; Ogliari, J. B.; Sthapit, B. (Eds.) Biodiversidade e Agricultores: Fortalecendo o manejo comunitário. Porto Alegre: L&PM. p.226-234, 2007.
- SELEDES, R. M., et al. **Caracterização fenotípica de milho pipoca conservado in situ on farm no Extremo Oeste de Santa Catarina.** Agropecuária Catarinense, v. 1, p. 1, 2019.

SILVA, N.C.A. et al. **Presence of *Zea luxurians* (Durieu and Ascherson) Bird in Southern Brazil: Implications for the conservation of Wild Relatives of Maize.** PLOS ONE. DOI:10.1371/journal.pone.0139034 October 21, 2015.

SILVA, N.C.; VIDAL, R.; OGLIARI, J.B. **New popcorn races in a diversity microcenter of *Zea mays* L. in the Far West of Santa Catarina, Southern Brazil.** Rev. Genetic Resources and Crop Evolution, 1-20, 2016.

SILVA, N.C.A. **Diversidade de variedades crioulas de milho e distribuição de parentes silvestres no oeste de Santa Catarina. Impactos potenciais do milho geneticamente modificado na conservação in situ-on.** Universidade Federal de SANTA CATARINA, Tese (Doutorado) 230p. Florianópolis. 2015.

SOUZA, R. de. **Diversidade de variedades crioulas de milho doce e adocicado conservadas por agricultores do oeste de Santa Catarina.** Universidade Federal de SANTA CATARINA, DISSERTAÇÃO (MESTRADO). 136P. Florianópolis. 2015.

STRICKBERGER M. W. **Genetics**, p. 868. Macmillan, New York, USA. 1968.

TEIXEIRA, F.F., EVANGELISTA, N. A. M. **Milhos com grãos do tipo doce no Banco Ativo de Germoplasma.** Anais IV Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, 2016.

TESHOME, A., et al. **Sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) landrace variation and classification in North Shewa and South Welo, Ethiopia.** Euphytica . 1997.

TRACY W.F. **Sweet corn.** In: Hallauer, A.R. **Specialty corn.** Boca Raton, p. 2001.

TSAI, C. Y. AND O.E. NELSON. 1966. **Starch deficient maize mutant lacking adenosine diphosphate glucose pyrophosphorylases activity.** Science 151:341-343.

ZEVEN, A. C. **Landraces: a review of definitions and classifications.** Euphytica. Holanda, 104, p. 127-139, 1998.

CAPÍTULO II

QUANTIFICAÇÃO DE AÇÚCARES SOLÚVEIS TOTAIS E AMIDO EM VARIEDADES DE MILHO DOCE CONSERVADAS *ON FARM*, NO SUL DO BRASIL

1.0 RESUMO

A doçura dos grãos em variedades de milho portadoras de mutações naturais que afetam a síntese de amido, alterando os teores de açúcares e amido no endosperma, é a característica que defini a qualidade do milho doce. Entretanto, estes teores podem variar de acordo com o mutante e a base genética da variedade. O objetivo do presente estudo foi quantificar os teores de açúcares solúveis totais e amido em nove variedades locais de milho conservadas *on farm* na região Extremo Oeste de Santa Catarina, sendo seis portadoras do mutante *sugary1*, uma variedade de fenótipo doce de gene mutante não identificado, e duas variedades de grão dentado. Duas cultivares desenvolvidas pela Embrapa (BR 402 e BRS Vivi) serviram como testemunhas. A produção de grãos para quantificação foi realizada na Fazenda Experimental da UFSC, em Florianópolis. Cinco espigas de cada tratamento foram polinizadas manualmente e colhidas no 18º e 22º dia após a polinização. Os teores de açúcares solúveis totais e amido foram quantificados a partir dessa biomassa, de acordo com a metodologia proposta por Shannon (1968). Os resultados indicam que as variedades locais de milho doce *sugary1* do EOSC apresentam elevados teores de açúcares solúveis totais e baixas porcentagens de amido aos 18 dias após a polinização. As variedades locais 2255A e 319A apresentam as maiores porcentagens de açúcares aos 18 dias após a polinização, e a variedade 2255A, os menores teores de amido, para esse mesmo período após a polinização. O aumento do número de dias após a polinização causou a diminuição na porcentagem de açúcares solúveis totais e acréscimo na porcentagem de amido, tanto das variedades locais de milho doce como de milho comum dentado. As variedades apresentam potencial para o cultivo e à venda na linha de milhos especiais, o que pode agregar valor e diversificar a produção agrícola nas pequenas propriedades da região EOSC, sendo uma interessante opção de renda para os agricultores, ao mesmo tempo em que incentiva a conservação pelo uso.

Palavras-chave: genes mutantes, *sugary1*; milho verde; milhos especiais.

2.0 INTRODUÇÃO

O milho doce, consumido *in natura* por apresentar elevados teores de açúcares, apresenta como principal fator para comercialização o sabor doce dos grãos na fase de milho verde, podendo ser utilizado ainda em conserva, congelado na forma de espigas ou grãos, desidratado, minimilho. Após a colheita das espigas o material vegetal (folhas e caule) pode ser utilizado para alimentação animal na forma de silagem (Pedrotti et al., 2003).

O grão de milho doce consumido é formado predominantemente por endosperma e parede do ovário (Tsai et al., 1970). Entretanto, a presença do gene mutante em homozigose recessiva altera a composição bioquímica dos grãos, quantidades de amido e açúcar, com consequentes modificações na textura, no sabor, no aroma e na maciez dos grãos, além de afetar processos metabólicos da semente (Tracy, 2001).

Diferentes mutantes, divididos em duas classes com base nos seus efeitos na composição do endosperma, foram descritos como responsáveis pela alteração na síntese de amido no endosperma (Boyer & Shannon, 1984; Tracy, 2001). Os mutantes da classe I - brittle1 (*bt1*), brittle2 (*bt2*), e shrunken (*sh2*) - acumulam açúcar à custa de amido, apresentando de quatro a oito vezes mais açúcar do que o milho normal não mutante, entre 18 e 21 dias após a polinização (Boyer e Shannon, 1984; Nelson, 1980, Creech, 1968, Tsai e Glover, 1974). Os mutantes da classe II - amylose extender1 (*ae1*), dull1 (*du1*), sugary1 (*su1*) e waxy1 (*wx1*) - alteram o tipo e a quantidade de amido produzidos (Boyer e Shannon, 1984). Dentre os mutantes da classe II, o alelo *su1* não possui níveis excepcionais de açúcares, comparado aos da classe I. Porém, resulta em níveis muito aumentados de polissacarídeos solúveis em água, um polissacarídeo altamente ramificado, que fornece ao endosperma *su1* a textura e cremosidade suaves, característica de variedades tradicionais de milho doce (Nelson, 1980, Marshall, 1987; Boyer & Shannon, 1984 e 1987).

Além da ação dos genes mutantes, a composição de amido, polissacarídeos solúveis em água, açúcares redutores e sacarose no milho doce está diretamente ligada com o estágio de maturação e a forma de resfriamento após a colheita (Tsai et al., 1970; Marcos et al., 1999). Em geral, os açúcares totais aumentam até o 15º dia após a polinização e diminuem durante o amadurecimento dos grãos. Os açúcares redutores estão presentes em maior quantidade nos primeiros estádios de maturação, diminuindo com o amadurecimento. Já a sacarose aumenta rapidamente até o 15º dia após a polinização, diminuindo lentamente a partir daí, enquanto os polissacarídeos totais aumentam durante todo o amadurecimento (Creech, 1968). Os maiores picos de açúcares e menores porcentagens de amido ocorrem entre o 18 e 20 dias após a polinização para mutantes da classe II (doce) e entre 18 e 24 dias após a polinização (DAP)

para mutantes da classe I (super doce), sendo estes períodos mais indicados para a colheita, onde ocorre níveis máximos de manutenção da qualidade do milho fresco (Creech 1968, Carey et al., 1984; Kaukis e Davis, 1986; Ferguson, 1979; Szymanek et al., 2015).

O estreito período de colheita, as dificuldades relacionadas ao armazenamento e transporte após a colheita, o baixo número de cultivares adaptadas a diferentes regiões do Brasil e o domínio das empresas internacionais sobre o mercado brasileiro de sementes de milho doce para a produção de conserva (Teixeira et al., 2013) são fatores que fazem com que a cultura do milho doce não tenha tanta importância econômica no país comparado à produção de milho comum para o consumo de grão. A produção do milho para grão tem elevada importância econômica, devido a seu uso na alimentação animal. Entretanto, a rentabilidade do milho doce pode superar a do milho comum, devido a suas diferentes formas de uso e valor agregado.

Em contrapartida, variedades de milho doce com grãos secos enrugados têm sido conservadas *on farm* por agricultores familiares no EOSC, principalmente para o autoconsumo das famílias mantenedoras, na forma de milho verde (Souza, 2015). Estudo de caracterização e identificação de alelos mutantes para estas variedades comprovou a presença dos genes *sugary1(su1)* e *shrunken2(sh2)* como responsáveis pelo fenótipo doce em sete variedades, além de uma variedade de fenótipo doce, cujo gene não foi identificado. Além das variedades de milho doce, variedades de milho comum foram citadas como mais doce e utilizadas pelos mantenedores para o consumo como milho verde, e reclassificadas como comum adocicadas por Souza (2015).

As variedades locais de milho doce e comum adocicadas, conservadas *on farm* no EOSC, apresentam potencial de mercado na linha dos milhos especiais, tendo em vista o crescimento do cultivo de milho verde no país, em função da lucratividade, da diversificação de seu uso, e da demanda pelo produto *in natura* e pela indústria de conservas alimentícias (Pereira Filho & Cruz, 2002).

Diante do exposto, o objetivo do presente trabalho foi quantificar os teores de açúcares solúveis totais e de amido nos grãos para variedades locais de milho doce procedentes do EOSC, sendo seis do tipo doce *sugary1*, duas variedades de milho comum de sabor adocicado e uma variedade de fenótipo doce de mutante não identificado, considerando as variações desses teores em função do número de dias decorrido da polinização até a colheita.

3.0 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL VEGETAL

Nove variedades locais de *Zea mays* L. procedentes do EOSC e duas cultivares desenvolvidas pela Embrapa (BR 402 e BRS Vivi) foram avaliadas para os teores de açúcares solúveis totais e amido. As variedades locais foram constituídas por seis variedades classificadas como doce pelo tipo de grão e presença do mutante *sugary1* para o fenótipo doce (2255A, 319A, 741B, 2276A, 2514A, 2029A), uma variedade classificada como doce pelo tipo grão (2433F), mas sem identificação do alelo mutante para o fenótipo doce, e duas variedades de grão dentado (558A e 2537C), identificadas como sendo mais adocicadas pelos seus mantenedores.

As variedades locais foram coletadas em unidades familiares de produção rural dos municípios de ANC e GBA, localizadas na região Sul do Brasil, mesorregião do oeste de Santa Catarina e microrregião do extremo oeste (IBGE, 2010). As cultivares desenvolvidas pela Embrapa BR 402 (portadora do mutante *sugary1* para fenótipo doce) e híbrido simples BR Vivi (portador do mutante *shruken2* para o fenótipo super doce) foram doadas pela Embrapa.

A produção dos grãos para a quantificação de açúcares solúveis e amido foi realizada na Fazenda Experimental da Ressacada – UFSC, no ano agrícola de 2014/2015. Para tanto, foi realizado um ensaio de campo contendo as nove variedades locais e os dois cultivares da Embrapa, totalizando os 11 tratamentos. Cada variedade foi cultivada em uma parcela de 4 fileiras de 5 metros lineares de comprimento, espaçadas 1,0 metros entre si e 0,25 metros entre plantas.

Na fase do florescimento feminino, antes da liberação dos estilos-estigmas, as espigas foram encapadas com saco plástico e os pendões protegidos com saco de papel kraft, para a coleta de pólen. As espigas foram polinizadas de forma manual por um bulk de pólen coletado de várias plantas da mesma variedade. A polinização manual foi realizada com objetivo de evitar a contaminação com pólen de outras variedades, visto que diferentes variedades foram cultivadas na mesma área. Cada espiga polinizada foi identificada com a data da polinização. Esse processo foi repetido vários dias na mesma espiga receptora de pólen, para garantir o cruzamento.

Para cada tratamento, foram coletadas de três a quatro espigas no 18º dia, após a polinização (DAP), quando os grãos se encontravam no estágio de grão leitoso, com uma umidade em torno de 70 a 80%.

Para os tratamentos 741B (fenótipo doce, genótipo *sulsul1*), BRS Vivi (tipo super doce, genótipo *sh2sh2*) e 2537C (fenótipo dentado), foram colhidas espigas no 18º e 22º DAP, para

estudo da variação das porcentagens de açúcares e amido nesse período. Os estágios de colheita das espigas foram escolhidos por se tratarem do período em que os grãos atingem níveis máximos de açúcar.

Amostras de 50 g de grãos frescos de cada tratamento, constituída pela mistura de grãos da fileira central de cada espiga e retirados com auxílio de uma faca inox, foram congelados em nitrogênio líquido e liofilizadas. As amostras liofilizadas foram maceradas em cadinho de porcelana e as farinhas armazenadas em freezer -80 C°.

3.2 QUANTIFICAÇÃO DE AÇÚCARES SOLÚVEIS TOTAIS E AMIDO

O processo de quantificação foi realizado no LAGROBio, localizado no Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias - UFSC. Para cada amostra, foram realizadas três extrações independentes, constituindo três repetições inteiramente ao acaso.

A extração de açúcares solúveis totais foi realizada de acordo com a metodologia proposta por Shannon (1968). Foram adicionadas 2 ml da solução MCW (metanol:clorofórmio:água) (12:5:3, v/v), em uma amostra de 50 mg de massa seca (liofilizadas). A solução foi centrifugada (4000 rpm) por 10 minutos, o sobrenadante foi coletado e o resíduo novamente extraído com 2 mL da solução de MCW (10 minutos, 4000 rpm). Os sobrenadantes foram reunidos, ajustados com solução MCW para 4ml e diluídos 50 x, também com solução de MCW. Após a diluição, foram adicionados 1 mL de clorofórmio e 1,5 mL de água e o extrato novamente centrifugado (4000 rpm por 5 minutos). Após centrifugação, o extrato formou duas fases, sendo a fase superior coletada e utilizada para a quantificação dos açúcares. A dosagem dos açúcares solúveis totais foi realizada de acordo com o método de Umbreit & Burris (1964). Alíquotas de 1 mL do extrato foram acrescidas de 2 mL de solução antrona 0,2% (200 mg de antrona em 100 mL de ácido sulfúrico concentrado), sendo agitadas em vórtex e aquecidas em banho-maria a 100° C por 3 minutos.

As leituras dos valores de absorbância (620 nm) das amostras foram realizadas em duplicatas, em leitor de microplacas, modelo Spectramax Paradigm. A quantificação dos açúcares solúveis totais foi realizada a partir da curva padrão de glucose. Os resultados foram expressos em mg de glucose por g de massa seca.

A quantificação de amido foi realizada utilizando o precipitado proveniente da extração de açúcares solúveis totais. Foram adicionados 2 ml de ácido perclórico 30% ao precipitado e centrifugado a 4000 rpm por 10 minutos. O sobrenadante foi coletado e o resíduo novamente extraído com 2 mL de ácido perclórico 30% (10 minutos, 4000 rpm). Os sobrenadantes foram reunidos e diluídos 50 x, com ácido perclórico 30%. Alíquotas de 1 mL do extrato diluído foram

acrescidas de 2 mL de solução antrona 0,2% (200 mg de antrona em 100 mL de ácido sulfúrico concentrado), sendo agitadas em vórtex e aquecidas em banho-maria a 100° C por 3 minutos.

As leituras dos valores de absorvância (620 nm) das amostras foram realizadas em duplicatas, em leitor de microplacas, modelo Spectramax Paradigm. A quantificação de amido foi realizada a partir da curva padrão de amido. Os resultados foram expressos em mg de amido por g de massa seca.

Os dados obtidos para açúcares solúveis totais e amido foram submetidos à análise de variância por meio do procedimento GLM (General Linear Models) do programa STATISTICA® 7.0. As variáveis que apresentaram diferenças significativas entre tratamentos ao nível de 5% de probabilidade ($\alpha = 0,05$) pelo teste F foram submetidas ao teste de Skott e Knott ao mesmo nível de significância. As análises foram realizadas no programa GENES (Cruz, 2001).

4.0 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 AÇÚCARES SOLÚVEIS TOTAIS E AMIDO

As variedades diferiram entre si ($p \leq 0,05$) tanto para açúcares solúveis totais, quanto para amido (Tabela 4). Os tratamentos apresentaram porcentagem de açúcares solúveis totais variando de 4,85 a 32,06% da matéria seca. As variedades locais 2255A, 319A, 741B e 2276A foram superiores em relação as demais para essa variável, com valores de 32,06, 31,75, 28,84 e 27,47% de açúcar, respectivamente. As variedades locais 558A e 2537C, ambas de grão dentado e sabor adocicado, foram aquelas que apresentaram os menores valores de porcentagem de açúcar, contendo 5,91 e 4,85%, nesta ordem. As cultivares BRS Vivi e BR 402 exibiram valores médios de 23,20 e 21,15%, nesta ordem.

Com relação a porcentagem de amido, as variedades 2537C, 2029A e 2514A destacaram-se significativamente ($p \leq 0,05$), em relação as demais pelos maiores valores estimados em 30,56, 30,20 e 27,98% da matéria seca, respectivamente. A variedade local 2255A, cuja porcentagem de açúcares foi maior (32,06%), apresentou o menor valor para amido (17,17%). As cultivares da Embrapa apresentaram valores médios de 20,77 e 20,19% de amido, para BR402 e BRS Vivi, nesta ordem.

Analisando concomitantemente as quantificações de açúcares e amido, é possível inferir que os tratamentos com maiores porcentagens de açúcar correspondem aqueles com os menores valores para amido, com exceção das variedades 2514A e 2029A, que apresentaram valores de amido superiores aos de açúcares aos 17 DAP. As variedades 2537C e 558A, apresentam valores elevados para porcentagem de amido.

Tabela 4: Porcentagens e miligramas de açúcares solúveis totais e amido em relação à matéria seca (% MS) para nove variedades locais de milho procedentes do EOSC e duas cultivares de milho doce da Embrapa, aos 18 dias após a polinização.

IDV ^a	Fenótipo	Genótipo ^b	Açúcares Solúveis Totais		Amido	
			% MS	mg g ⁻¹ MS	% MS	mg g ⁻¹ MS
2255A	Doce	<i>sulsul</i>	32,06 a	320,6	17,17 b	171,7
319A	Doce	<i>sulsul</i>	31,75 a	317,5	24,97 b	249,7
741B	Doce	<i>sulsul</i>	28,84 a	288,4	23,43 b	234,3
2276A	Doce	<i>sulsul</i>	27,47 a	274,7	22,38 b	223,8
2514A	Doce	<i>sulsul</i>	25,07 b	250,7	27,98 a	279,8
2433F	Doce	NI ^c	24,34 b	243,4	20,13 b	201,3
BRS Vivi	Super doce	<i>sh2sh2</i>	23,20 b	232,2	20,19 b	201,9
2029A	Doce	<i>sulsul</i>	21,70 b	217,0	30,20 a	302,0
BR 402	Doce	<i>sulsul</i>	21,15 b	211,5	20,77 b	207,7
558A	Dentado	Normal	5,91 c	59,1	23,29 b	232,9
2537C	Dentado	Normal	4,85 c	48,5	30,56 a	305,6
Média			22,40	224,0	23,73	237,3
Prob. F-Teste			0,0000		0,00012	
Coefficiente de variação (%)			17,64		12,33	

^a IDV Identificação da variedade como acesso do BAG Milho da UFSC; ^b Os genes mutantes responsáveis pelo fenótipo doce das variedades locais de milho foram identificados no capítulo I deste trabalho; ^c Gene responsável pelo fenótipo doce não identificado. Médias seguidas pela mesma letra nas colunas não diferem entre si pelo teste de Skott e Knott a 5% de probabilidade.

Diversos autores avaliaram teores de açúcares solúveis totais e amido em genótipos de milho portadores de genes mutantes para o fenótipo doce (Creech, 1965; Azanza et al., 1996; Wong et al., 1994). Creech (1965), avaliando os efeitos dos genes mutantes *ae*, *du*, *sh2*, *sul1*, *su2* e *wx*, isoladamente e em combinações sobre teores de carboidratos, encontrou valores de 3,0 a 44,7% de açúcar, em relação à matéria seca. Para os milhos de genótipos homocigóticos recessivos para os alelos *sul1*, *sh2* e normal, o autor identificou porcentagem de 25,7, 28,2 e 17,6% de açúcar total na matéria seca aos 16 DAP, nesta ordem. Para a porcentagem de amido, os valores foram de 23,3, 22,3 e 39,2%, para os genótipos *sul1*, *sh2* e normal, nesta ordem.

Wong et al. (1994) quantificaram teores de açúcares para 31 híbridos comerciais (24 *sh2*, cinco *sul1* e dois *sel1*) e encontraram valores médios de 280 e 124 mg g⁻¹ MS aos 20 DAP, para os híbridos *sh2* e *sul1*, nessa ordem.

Azanza *et al.* (1996) estudaram um conjunto de linhagens de milho doce com diferentes endospermas (*sul*, *sulsel* e *sh2*), para teores de açúcares aos 18 e 22 dias após polinização, e encontraram valores de 166,0 e 379,0 mg g⁻¹ MS, para os alelos *sul* e *sh2*, repetitivamente, aos 18 DAP.

No presente trabalho, as variedades locais de genótipo *sulsul*, conservadas *on farm* no EOSC, apresentaram teores de açúcares solúveis totais superiores aos encontrados por Creech (1965), Azanza *et al.* (1996) e Wong *et al.* (1994), bem como valores superiores às cultivares BRS Vivi e BR402 da Embrapa (Tabela 4). Vale ressaltar que o híbrido BRS Vivi possui o genótipo *shrunken2*, responsável pelo fenótipo super doce, cujo alelo mutante na condição recessiva codifica teores de açúcares superiores ao gene *sugary1* presente nas variedades locais de milho doce.

Os valores elevados de açúcares para as variedades locais *sugary1* pode ser consequência da base genética e da ação de genes modificadores envolvidos no controle deste caráter, tal como destacado por diversos autores (Soberalsk e Andrew, 1980; Tracy, 1990; Juvik *et al.*, 1993; Wong *et al.*, 1994; Revilla, *et al.*, 2006). Além disso, estudos mostram que as variações alélicas em outros locos diferentes de *sh2* ou *sul* podem provocar grande variação nos teores de sacarose e açúcares totais (Wong *et al.* (1994).

Com relação a variedade local 2433F, classificada como tipo de grão doce e sem gene(s) mutante(s) identificado(s), os valores de açúcares totais aos 18 DAP foram elevados, não se diferenciando das variedades locais de genótipo *sulsul*, bem como das cultivares da Embrapa. Essa variedade apresenta potencial para a comercialização na forma de milho verde, por apresentar, além de elevado teor de açúcar, tamanhos de espiga e grão elevados (vide Tabela 2, Capítulo I), ambos caracteres relevantes para a comercialização de milho, visando o consumo *in natura*.

As elevadas porcentagens de açúcares solúveis totais e baixas porcentagens para amido determinam o potencial das variedades locais de milho do EOSC para consumo na forma de milho verde, como indicado pelos mantenedores durante o Diagnóstico da Diversidade de milho doce, realizado em 2013, no EOSC (Souza, 2015).

No geral, as elevadas concentrações de carboidratos simples, como sacarose e frutose e o teor de amido, definem atributos de qualidade do milho doce consumido *in natura* ou enlatado (Caniato *et al.* 2004). Apesar de seu valor energético ser uma preocupação alimentar, tendo em vista os elevados índices de obesidade no Brasil, o milho doce apresenta inúmeras características que comprovam seu valor nutricional. Esse tipo de milho tem em sua composição vitaminas A e do complexo B, proteínas (Goldman e Tracy, 1994), carotenóides, como luteína

e zeaxantina (Lee et al., 1981) e minerais como magnésio, cálcio, ferro, manganês, cobre e zinco (Pereira et al., 2009). Além disso, o milho doce é rico em fibras, importante nutriente na prevenção de doenças cardiovasculares (Park e Araya, 2001). Quando consumido enlatado, o processamento térmico para o enlatamento aumenta a atividade antioxidante do milho doce e o conteúdo de ácido ferúlico livre e de fenólicos livres totais (Dewanto, et al., 2002).

A diferenças significativas entre as variedades locais para teores de açúcar indicam a existência de diversidade genética entre essas populações portadoras da mesma mutação para fenótipo doce e que é possível a sua discriminação com base nesta característica. Tais diferenças entre os genótipos ainda sugerem uma diversidade passível de ser melhor explorada em futuros programas locais de melhoramento de milho doce, com intuito de ampliar a base genética, sobretudo por meio da combinação destas populações mutantes para o fenótipo doce com as variedades comuns de sabor adocicado e grãos dentados.

É importante destacar que as variedades locais de milho doce do EOSC são cultivadas pelos mantenedores em diferentes altitudes dos municípios de Anchieta e Guaraciaba (Souza, 2015), fato de extrema importância na evolução das variedades ao longo dos anos de cultivo. Neste cenário, estudos visando determinar o desempenho, a amplitude de adaptação e a estabilidade dessas variedades em diferentes ambientes, sobretudo em diferentes altitudes, podem auxiliar tanto nos estudos de desempenho agrônomico das variedades, quanto no processo de Indicação Geográfica de Origem (IGO) para os milhos do microcentro de diversidade da região EOSC.

A IGO é um selo de reconhecimento das qualidades específicas de determinado produto, devido a sua origem (WIPO, 2004). As indicações geográficas são instrumentos coletivos que podem agregar valor aos produtos tradicionais, como o caso das variedades locais identificadas na região do EOSC. Dentre as categorias de IGO encontram-se a Denominação de Origem (DO) e Indicação de Procedência (IP). A IP refere-se ao nome do local que se tornou conhecido por produzir, extrair ou fabricar determinado produto ou prestar determinado serviço. A DO refere-se ao nome do local, que passou a designar produtos ou serviços, cujas qualidades ou características podem ser atribuídas a sua origem geográfica (INPI, 2018).

Nesse sentido, diversos trabalhos vem demonstrando que as variedades locais de milho comum conservadas *in situ-on farm* no EOSC apresentam elevado potencial produtivo (Ogliari & Alves 2007; Kist et al., 2010; Ogliari et al., 2013), adaptativo (Sasse, 2008) e nutricional (Kist et al., 2014; Kuhnen et al., 2009; Kuhnen et al., 2010; Kuhnen et al., 2011; Kuhnen et al., 2012; Uarrota et al., 2013; Kist et al., 2014), destacando-se como fontes de carotenóides, antocianinas e compostos fenólicos. A diversidade morfológica e o potencial para diferentes usos das variedades de milho (comum, pipoca e doce) do EOSC resultam dos efeitos da seleção

e manejo dos agricultores, associado a adaptação ao agroecossistema local ao qual vêm sendo cultivadas por muitos anos (Silva et al., 2016; Vidal, 2016). Os componentes geográficos associados aos fatores humanos e ambientais existentes no EOSC, combinados a diversidade existente nessa região, podem conferir atributos e propriedades particulares aos milhos desse microcentro de diversidade, que inexistem em outras variedades cultivadas pelo mundo. Tais particularidades são favoráveis também para a obtenção de Indicação Geográfica por Denominação de Origem.

Dentre os diferentes tipos de milho conservados na região do EOSC, o milho doce é o ocorre em menor quantidade (Souza, 2015), assim como são escassos os esforços de pesquisa dedicados a este tipo de milho especial. No entanto, as variedades de milho doce do EOSC apresentam um elevado potencial de uso pela destacada e comprovada doçura apresentada por algumas variedades. O potencial culinário e industrial, bem como as suas qualidades particulares decorrentes do local de cultivo dessas variedades, pode despertar o interesse das organizações locais e dos próprios agricultores para a produção comercial deste tipo de milho. A abertura do nicho de mercado que envolve o cultivo e a venda de milhos especiais pode agregar valor e diversificar a produção agrícola nas pequenas propriedades, sendo uma interessante opção de renda para os agricultores, ao mesmo tempo em que incentiva a conservação pelo uso.

A IG pela doçura foi concedida pelo INPI para as bananas da região de Corupá, consideradas mais doces em função da peculiaridade de clima de relevo da região e do saber fazer dos agricultores locais (INPI, 2018). Nesse sentido, futuros estudos das propriedades das variedades de milho doce do EOSC devem ser realizados, considerando os diferentes agroecossistemas da região, os sistemas de manejos locais e as altitudes em que as variedades são cultivadas.

4.2 AÇÚCARES SOLÚVEIS TOTAIS E AMIDO AOS 18 E 22 DAP

A análise dos dados para dois períodos de colheita demonstrou que os tratamentos se diferenciaram ($p \leq 0,05$) entre si aos 18 e 22 DAP. Os materiais apresentam uma diminuição na porcentagem de açúcares solúveis totais e um acréscimo na porcentagem de amido com o aumento do número de dias decorridos da polinização até a colheita (Tabela 5). A variedade local de milho dentado 2537C diferenciou-se das demais em todas as análises, apresentando menores valores de açúcares solúveis totais e maiores teores de amido, nas duas épocas de avaliação (Tabela 5).

Tabela 5: Porcentagens de açúcares solúveis totais (AST) e amido em matéria seca (% MS) de duas variedades locais de milho do EOSC e um acesso BAG Milho da Embrapa, aos 18 e 22 dias após a polinização (DAP).

IDV ^a	Fenótipo	Genótipo ^b	AST (% MS) ^c		Redução de AST %	Amido (% MS)	
			18 DAP	22 DAP		17 DAP	22 DAP
741B	Doce	<i>sul</i> <i>sul</i>	28,84 a	15,75 a	45,4	23,43 b	34,27 b
BRS Vivi	Doce	<i>sh2sh2</i>	23,20 a	19,33 a	16,7	20,19 b	19,40 c
2537C	Dentado	Normal	4,85 b	0,832 b	82,8	30,56 a	42,90 a
Média			18,96	11,97	48,3	24,87	32,19
Prob. F-Teste			0,00026	0,00339	-	0,01621	0,00044
Coefficiente de variação (%)			17,28	34,47	-	11,99	10,61

^a IDV Identificação da variedade como acesso do BAG Milho da UFSC; ^b Os genes mutantes responsáveis pelo fenótipo doce das variedades locais de milho foram identificados no capítulo I deste trabalho. Médias seguidas pela mesma letra nas colunas não diferem entre si pelo teste de Skott e Knott a 5% de probabilidade.

Os valores encontrados por Creech (1965), Azanza et al. (1996), Caniato et al. (2007) e Szymanek et al. (2015), com genótipos de milho comum, *sul* e *sh2*, corroboram com os dados da presente pesquisa. Creech (1965) avaliou a porcentagem de açúcar aos 16, 20, 24 e 28 dias após a polinização, para genótipos normal, *sul* e *sh2*. Para o milho comum, o teor de açúcares baixou de 17,3 para 3,0% dos 16 para os 28 DAP. Para o milho doce com genótipo *sul*, a porcentagem de açúcar na matéria seca reduziu de 25,7 para 8,3%, dos 16 para os 28 DAP e, para o genótipo *sh2*, a redução foi de 28,3% para 25,7%. Aos 16 e 28 DAP, as porcentagens de amido, no entanto, foram de 39,2 para 73,4% no milho comum, de 23,3 para 35,4% para um genótipo mutante *sul*, e de 22,3 para 21,9%, para o mutante *sh2*.

Azanza et al. (1996) encontraram valores de açúcares aos 18 e 22 DAP, de 166,0 e 132,0 mg g⁻¹ de MS, para endosperma *sul*, e de 379,0 e 348,0 mg g⁻¹ de MS, para *sh2*. Os autores observaram ainda uma diminuição significativa nas concentrações de sacarose entre 18 e 22 DAP, bem como mudanças rápidas nas propriedades químicas e fisiológicas dos grãos durante o período de pico de colheita.

Em estudo realizados com cultivares de milho comum, comercializadas na forma de milho verde *in natura*, Caniato et al. (2007) encontraram valores para açúcares solúveis totais variando de 7,63 a 10,26 mg g⁻¹ de MS e para amido de 16,9 a 23,13 mg g⁻¹ de MS, demonstrando grande variação genética para os diferentes cultivares avaliadas.

Szymanek et al. (2015), em estudo com genótipos de milho doce *su1* e *sh2*, em diferentes períodos de colheita, afirmaram que o aumento da concentração de amido dos 20 para os 32 DAP ocorre mais rapidamente entre os genótipos de milho doce *su1* do que *sh2*.

Genótipos portadores do alelo *sh2*, em geral, apresentam maiores teores de açúcares nos grãos, no estágio de grão leitoso (Creech, 1965; Garwood et al., 1976; Malvar et al, 1997). É importante destacar que a variedade local 741B, portadora do alelo *su1*, responsável pelo fenótipo doce, e o híbrido BRS Vivi, portador do alelo *sh2*, responsável pelo fenótipo super doce, não se diferenciaram estatisticamente para teores de açúcares aos 18 e 22 DAP e para teores de amido aos 18 DAP, o que demonstra a qualidade e o potencial dessa variedade local para teores de açúcares. Entretanto, foi menor a diminuição dos teores de açúcar entre essas duas épocas de colheita para o híbrido super doce (*sh2*), comparado a variedade local doce (*su1*). A porcentagem de açúcar diminuiu de 23,20 para 19,33%, no híbrido BRS Vivi, e de 28,84 para 15,75%, na variedade local 741B. Por outro lado, as variedades locais 741B e 2537C apresentam um aumento significativo da porcentagem de amido do 18º para o 22º DAP, comparado ao genótipo *sh2*, onde a média do percentual de amido se mantém. Tais resultados corroboram com o fato de que materiais portadores do alelo *sh2* acumulam açúcares à custa de amido e os mantêm por maior período de tempo (Creech, 1965; Garwood et al., 1976; Malvar et al., 1997, Szymanek et al., 2015).

Em ambos os genótipos, o avanço da maturação promove a conversão de maior parte dos açúcares livres em amido (Kays, 1991). No entanto, conforme observado por Szymanek et al. (2015), o milho doce mais maduro (32 DAP) apresenta grãos maiores e mais compactos, enquanto os menos maduros (20 DAP) são menores e podem apresentar alguns espaços entre as fileiras. Na pesquisa com as variedades locais de milho doce também foram observadas diferenças na aparência e formação das espigas colhidas aos 18 DAP e aos 22 DAP (Figura 5). As espigas colhidas aos 18 DAP não estavam com granação uniforme e possuíam alguns grãos em fase de enchimento.

É possível perceber que a data da colheita de milho doce é o fator de maior importância na manutenção da qualidade morfológica e de sabor dos grãos de milho doce fresco, sendo indicado o período entre o 20 e 24 DAP para a colheita, quando os açúcares atingem níveis máximos, visando a comercialização de produtos com altos teores açúcar, e com uma textura e maciez que satisfaçam as exigências dos consumidores. Futuros trabalhos com variedades locais de milho doce deveriam considerar tal informação, priorizando a colheita das espigas para avaliação agrônômica e bioquímica aos 20 ou 21 DAP, data em que estas se encontram bem formadas e com porcentagem de açúcares desejáveis para a comercialização.

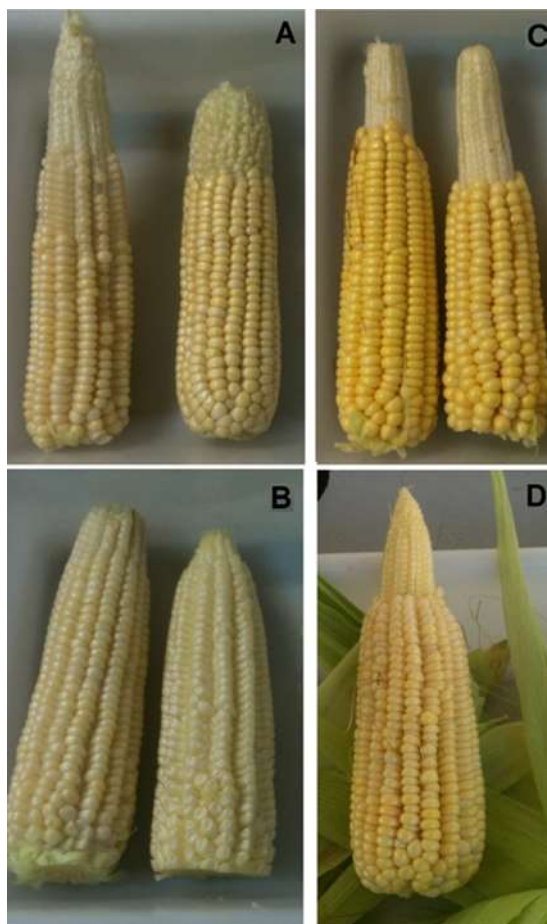


Figura 5: Amostras de espigas submetidas a polinização manual e colhidas no estágio de grãos leitoso. A – Espigas da variedade local 558A, colhidas aos 18 DAP; B – Espigas da variedade BR 402, colhidas aos 18 DAP; C – Espigas da variedade local 2537C, colhidas aos 22 DAP; D – Espigas da variedade local 741B, colhidas aos 22 DAP.

5.0 CONCLUSÕES

As variedades locais de milho doce sugary1 e shrunken2 do EOSC apresentam elevadas teores de açúcares solúveis totais e baixas porcentagens de amido aos 18 dias após a polinização, o que determina o potencial das variedades para consumo na forma de milho verde. As variedades locais 2255A e 319A apresentam as maiores porcentagens de açúcares aos 18 dias após a polinização, e a variedade 2255A, os menores teores e amido, para esse mesmo período após a polinização.

O aumento do número de dias após a polinização causa diminuição na porcentagem de açúcares solúveis totais e acréscimo na porcentagem de amido tanto das variedades locais de milho doce e como de milho comum dentado e adocicado.

6.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AZANZA, F.; KLEIN, B.P.; JUVIK, J.A., **Sensory characterization of sweet corn lines differing in physical and chemical composition.** Journal of Food Science 61, 253-257. 1996.
- BOYER, C. D; SHANNON, J. C. **The use of endosperm genes for sweet corn improvement,** Plant Breeding Rev., 1, 139, 1984.
- BOYER, C. D.; SHANNON, J. **Carbohydrates of the kernel,** in Corn-Chemistry and Technology, Watson, S. A., and Ramstad, P. E., Eds., Amer. Assoc. Cereal Chem., St. Paul, MN, 1987.
- CANIATO, F. F., et al. **Composição de açúcares solúveis totais, açúcares redutores e amido nos grãos verdes de cultivares de milho na colheita.** Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.3, n.1, p.38-44, 2004.
- CANIATO, F.F., et al. **Quantificação de açúcares solúveis totais, açúcares redutores e amido nos grãos verdes de cultivares de milho na colheita.** Ciênc. agrotec., Lavras, v. 31, n. 6, p. 1893-1896, nov./dez., 2007.
- CAREY, E.E.; DICKINSON, D.B.; RHODES, A.M. **Sugar characteristics of sweet corn populations from a sugary enhancer breeding program.** Euphytica 33: 1984.
- CREECH, R. G. **Carbohydrate synthesis in maize.** In: NORMAN, A. G. (Ed.). Advances in agronomy. new York: Academic, p. 275-289. 1968.
- CREECH, R. G., **Genetic control of carbohydrate synthesis in maize,** Genetics, 52, 1175, 1965.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 648 p. 2001.
- DEWANTO, V. WU, X.; LIU, R. H. **Processed Sweet Corn Has Higher Antioxidant Activity** J. Agric. Food Chem. 50, 4959–4964 4959. 2002.
- FERGUSON, J. E.; DICKINSON, D. B.; RHODES, A.W. **ANALYSIS of endosperm sugars in a sweet corn inbred (Illinois 677a) which contains the sugary enhancer gene and a comparison of se with other corn genotypes,** Plant Physiol., 63, 416, 1979.
- GARWOOD, D. L., et al. **Postharvest carbohydrate transformations and processed quality of high sugar maize genotypes,** J. Am. Soc. Hortic. Sci., 101, 400, 1976.
- GOLDMAN, I. L.; TRACY, W.F. **Kernel protein concentration in sugary-1 and shrunken-2 sweet corn.** HortScience, 29(3), 209-210, 1994.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - Censo 2010. Disponível em: <http://www.censo2010.ibge.gov.br/>. Acesso em: jan. de 2015.
- INSTITUTO NACIONAL DE PROPRIEDADE INDUSTRIAL (INPI). Indicações Geográficas (2018). Disponível em: < <http://www.inpi.gov.br/menu-servicos/indicacao-geografica>>. Acesso em 20 de março de 2019.
- JUVIK, J.A., et al. **Changes in characteristics of kernels in a population of shrunken2 maize selected for improved field emergence and increased kernel weight.** Journal of American Society of Horticulture Science, Stanford, v. 118, p. 135-140, 1993.
- KAUKIS, K.; DAVIS, D.W. **Sweet corn breeding, in Breeding Vegetable Crops.** Basset, M. J., Ed, AVI, Westport, CN, 1986.

- KAYS, E.J. **Postharvest physiology of perishable plant products**. New York: V. N. Reinhold, 532 p. 1991.
- KIST, V., et al. **Genetic potential analysis of a maize population from Southern Brazil by modified convergent-divergent selection scheme**. *Euphytica*, v.176, p.25-36, 2010.
- KIST, V., et al. **Genetic variability for carotenoid content of grains in a composite maize population**, *Sci. Agric.* v.71, n.6, p.480-487, November/December 2014.
- KUHNEN S., et al. **Brazilian Maize Landraces Silks as Source of Lutein: An Important Carotenoid in the Prevention of Age-Related Macular Degeneration**. *International Journal of Food Sciences and Nutrition* 3:1609-1614. 2012.
- KUHNEN, S., et al. **Antiangiogenic properties of carotenoids: a potential role of maize as functional food**. *Journal of Functional Foods*, v.1, p.284–290, 2009.
- KUHNEN, S., et al. **Carotenoid and anthocyanin contents of grains of Brazilian maize landraces**. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, v. 91, 2011.
- KUHNEN, S., et al. **Chemical Features and pharmacological properties of carotenoids from seeds of maize local varieties**. *Phytomedicine*, 2010.
- LEE, C.Y.; MCCOON, P.E.; LEBOWITZ, J.M. **Vitamin A Value of Sweet Corn**. *J. Agric. Food Chem.*, Vol. 29, No. 6, 1981.
- MALVAR, R.A., et al. **A Field corn inbreds to improve sweet corn hybrids for early vigor and adaptation to European conditions**. *Maydica* 42(3), 247-255, 1997.
- MARCOS, S. K., et al. **A. Influência do resfriamento do ambiente de armazenamento e da embalagem sobre o comportamento pós-colheita do milho verde**. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, Campina Grande, v. 3, n. 1, p. 41-44, jan./abr. 1999.
- MARSHALL, S.W. **Sweet corn**, in *Corn-Chemistry and Technology*, Watson, S. A. and Ramstad, P. E., Eds., Am. Assoc. Cereal Chem., St. Paul, MN, 1987.
- NELSON, O.E. **Genetic control of polysaccharide and storage protein synthesis in the endosperms of barley, maize, and sorghum**, in *Advances in Cereal Science and Technology*, vol. 3, Pomeranz, Y., Ed., Amer. Assoc. Cereal Chem. St. Paul, MN, 1980.
- OGLIARI, J.B.; KIST, V.; CANCI, A. **The participatory genetic enhancement of a local maize variety in Brazil**. In: de Boef WS, Subedi A, Peroni N, Thijssen M, O’Keeffe E (ed) *Community biodiversity management, promoting resilience and the conservation of plant genetic resources*, 1rd edn. Abingdon, Oxon, pp 265-71.7. 2013.
- OGLIARI, J.B.; ALVES, A.C. **Manejo e uso de variedades de milho como estratégia de conservação em Anchieta**. In: Boef, W. S.; Thijssen, M. H.; Ogliari, J. B.; Sthapit, B. (Eds.) *Biodiversidade e Agricultores: Fortalecendo o manejo comunitário*. Porto Alegre: L&PM. p.226-234, 2007.
- PARK, D.N.; ARAYA, L.H. **Fibra dietética Y obesidad**. In: LAJOLO, F.M.; SAURACALIXTO, F.; PENNA, E.W.; MENEZES, E.W. (Ed.). **Fibra dietética en iberoamérica: tecnología y salud**. São Paulo: Livraria Varela, cap.27. 2001.
- PEDROTTI, A., et al. **Parâmetros de produção do milho-doce em sistemas de cultivo e sucessão de culturas no Tabuleiro Costeiro Sergipano**. In: *Seminário de Pesquisa FAP-SE, Sergipe. Anais... Sergipe: FAP, 2003*.
- PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C. **Cultivares de milho para o consumo verde**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, Circular Técnica 15, 2002.

- PEREIRA, A.F., et al. **Caracteres agronômicos e nutricionais de genótipos de milho doce.** *Biosci. J.*, Uberlândia, v. 25, n. 1, p. 104-112, Jan./Feb. 2009.
- REVILLA, P., et al. **Variation of *surgary1* and *shrunken2* gene frequency in different maize genetic backgrounds.** *Plant Breeding*, Berlin, v. 125, p. 478-481, 2006.
- SASSE, S. **Caracterização de variedades locais de milho procedentes de Anchieta – SC quanto à resistência a *Exserohilum turcicum*.** 2008. 88 p. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis. 2008.
- SHANNON, J. C. **Carbon-14 distribution in carbohydrates of immature *Zea mays* kernels following $^{14}\text{CO}_2$ treatment of intact plants.** *Plant physiology*. 43(8). 1968.
- SILVA, N.C.; VIDAL, R.; OGLIARI, J.B. **New popcorn races in a diversity microcenter of *Zea mays* L. in the Far West of Santa Catarina, Southern Brazil.** *Rev. Genetic Resources and Crop Evolution*, 1-20, 2016.
- SOBERALSKE, R. M.; ANADREW, R. H. **Gene effects on water soluble polysaccharides and starch of near-isogenic lines of sweet corn.** *Crop Science*, Madison, v. 20, p. 201, 1980.
- SOUZA, R. de. **Diversidade de variedades crioulas de milho doce e adocicado conservadas por agricultores do oeste de Santa Catarina.** Universidade Federal de SANTA CATARINA, DISSERTAÇÃO (MESTRADO). 136P. Florianópolis. 2015.
- SZYMANEK, M.; TANÁS, W.; KASSAR, F.H.. **Kernel carbohydrates concentration in sugary-1, sugary enhanced and shrunken sweet corn kernels.** *Agriculture and Agricultural Science Procedia*, 260 – 264, 2015.
- TEIXEIRA, F.F., et al. **Melhoramento do Milho-Doce.** Documento 154, 32 p. Embrapa Milho e Sorgo Sete Lagoas, MG, 2013.
- TRACY, W.F. **Sweet corn.** In: Hallauer, A.R. **Specialty corn.** Boca Raton, 2001.
- TRACY, W.F. **Potential of field corn germplasm for the improvement of sweet corn.** *Crop Science*, Madison, v. 30, p. 1041-1045, 1990.
- TSAI, C. Y.; GLOVER, D. V. **Effect of brittle-1 sugary-1 double mutant combination on carbohydrate and postharvest quality of sweet corn,** *Crop Sci.* 14, 808, 1974.
- TSAI, C. Y.; SALAMINI, F.; NELSON, O.E. **Enzymes of carbohydrate metabolism in developing endosperm of maize.** *Plant Physiology*, Bethesda, v. 46, n. 2, p. 299-336, July/Sept. 1970.
- UARROTA, V.G., et al. **Physicochemical, thermal, and pasting properties of flours and starches of eight Brazilian maize landraces (*Zea mays* L.).** *Food Hydrocolloids*, v. 30, n. 2, p. 614-624, 2013.
- UMBREIT, W.W.; BURRIS, R.H. **Method for glucose determination and other sugars.** *Manometric techniques.* I^o Edition. Burgess Publishing Co. 1964.
- VIDAL, R. A. **Diversidade das populações locais de milho de Anchieta e Guaraciaba, Oeste de Santa Catarina: múltiplas abordagens para sua compreensão.** Universidade Federal de Santa Catarina. Tese (Doutorado), Florianópolis. p. 195, 2016.
- WONG, A.D., et al. **Shrunken2 Sweet Corn Yield and the Chemical Components of Quality.** *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 119(4):747–755. 1994.
- WORLD INTELLECTUAL PROPERTY ORGANIZATION. **WIPO Intellectual Property Handbook: Policy, Law and Use.** World Intellectual Property Organization, No 489. 2 ed. 2004.

CAPÍTULO III

POTENCIAL GENÉTICO DE VARIEDADES DE MILHO DOCE SUGARY1, CONSERVADAS *IN SITU-ON FARM* NO SUL DO BRASIL.

1.0 RESUMO

Variedades locais representam uma importante fonte de alelos para programas de melhoramento genético, em especial, dentro dos modelos participativos. Variedades de milho doce de genótipo *sulsul* são conservadas *in situ-on farm* no EOSC, tendo como principais finalidades o consumo familiar na forma de milho verde. O objetivo deste capítulo foi avaliar o potencial destas variedades, em diferentes ambientes de Santa Catarina. O desempenho fenológico, morfológico e agrônômico das variedades foi verificado a partir de um conjunto de características expressas durante o cultivo e a pós-colheita, em quatro experimentos conduzidos na safra agrícola 2017/2018, em agroecossistemas distintos, sendo dois em diferentes altitudes de Anchieta (L1 – 717 m, e L3 – 422 m), um em Guaraciaba (L2 – 624 m), e um quarto experimento em Florianópolis (L4 – 5 m). Nove tratamentos foram avaliados em parcelas de 2 m² de área útil, seguindo o delineamento de blocos completos casualizados com quatro repetições. Os tratamentos diferiram significativamente entre si ($p \leq 0,05$) para a maioria dos caracteres avaliados, bem como dentre os ambientes e para o efeito da interação genótipo-ambiente. Os ambientes em que as variedades foram cultivadas influenciaram na expressão da maioria dos caracteres estudados, tanto os fenológicos, quanto os morfológicos e agrônômicos, especialmente pelas diferenças de temperatura entre locais, apresentando os melhores resultados quando cultivadas nas maiores temperaturas do EOSC, altitudes de 422 e 624 m. Os resultados apontam que as variedades locais não apresentaram interações significativas nos ambientes do EOSC, especialmente para caracteres relacionados a produtividade, como CE, PE, CG, PCP e PSP. As variedades 2255A, 319A, 3000A, 2029A, 741B e Cubano mostraram-se estáveis nos diferentes ambientes para os caracteres fenológicos EM, FM e FF, morfológicos CE, DE, AE e AP, e agrônômicos PE, PCP e PSP. As variedades 3000A e 319A se destacaram com bom desempenho para caracteres agrônômicos relacionados a produtividade de espigas sem palha, no estágio de grão leitoso, cujas médias estimadas foram de 12,5 t ha⁻¹, em L2, e 12,6 t ha⁻¹, em L3. As variedades 2029A, 741B, 2514A, 2276A, e 2255A se destacam como promissoras em programas de melhoramento visando obter uma maior variabilidade potencial para a seleção, como a formação de populações compostas, a partir do estudo dos híbridos intervarietais, que consiga explorar a variabilidade genética entre e dentro das variedades, ao mesmo tempo que permita que as variedades mantenham sua ampla adaptação.

Palavras-chave: sugary, milho verde, potencial genético de milho.

2.0 INTRODUÇÃO

O milho doce é um tipo especial de milho utilizado para o consumo humano em muitos países, seja *in natura*, em conserva ou como alimento processado, por apresentar maiores teores de açúcar no endosperma. Este tipo de milho é muito popular, nos Estados Unidos e Canadá, países que apresentam as maiores produções (Tracy, 2001). A produção nos EUA, em 2014, foi de aproximadamente 2,3 milhões de toneladas (t) (USDA, 2015), com um valor de produção de 290 milhões de dólares.

No Brasil, segundo Censo Agropecuário 2016, cerca de 71 mil estabelecimentos agrícola produzem milho verde no país, com produção de quase 5,0 milhões de toneladas. Em Santa Catarina existem cerca de 1,5 mil estabelecimentos produtores, com produção de aproximadamente 8 mil toneladas (IBGE, 2018). O tipo de milho utilizado para produção de milho verde não é especificado, podendo de tratar de milho doce ou não.

O grande potencial anexado ao milho doce no país se refere justamente a sua diversificação de uso, podendo ser utilizado em conserva, congelado em espigas ou grãos, desidratado, como minimilho (quando colhido antes da polinização), além de sua palhada ter a opção de ser usada como silagem (Pedrotti et al., 2003). Entretanto, a produção brasileira de milho do tipo doce é destinada quase que em sua totalidade para o processamento industrial, com uma pequena parte para o consumo *in natura* (Barbieri et al., 2005; Teixeira et al., 2013). Segundo dados do IBGE, em 2016, a produção de milho doce para a indústria de conservas foi de 206 mil toneladas, movimentando cerca de 725,6 milhões de reais, o que representa 20 % da movimentação envolvendo a fabricação de conservas de legumes e outros vegetais (IBGE, 2016).

Apesar de ser um grande produtor de milho comum, e apresentar grande potencial para produção de milho doce, tanto para o consumo *in natura*, como para indústria de enlatados, o Brasil ainda apresenta o cultivo de milho doce restrito a algumas regiões.

Dentre os fatores que dificultam e impedem o aumento do cultivo de milho doce no Brasil é a falta de cultivares adaptadas às condições brasileiras (Teixeira et al., 2001), o pouco conhecimento por parte do consumidor, que muitas vezes desconhecem esse tipo de milho (Gama et al., 1992), bem como a baixa taxa da germinação e susceptibilidade às doenças e pragas associadas a presença do gene mutante que confere ao grão a condição de doçura (Tracy, 2001).

Entretanto, o mercado de milho verde vem aumentando no Brasil, juntamente com um novo padrão de consumidores, cada vez mais exigentes em qualidade (Kwiatkowski et al., 2011). As exigências do mercado consumidor de milho doce, tanto para o consumo *in natura*

como para a industrialização, estão relacionadas às características como teores de açúcares e amido, sendo que o desejado é a manutenção da maior quantidade de açúcar e menor de amido, o que confere sabor e aroma característicos.

No Brasil, as principais pesquisas voltadas para o cultivo de milho doce referem-se a programas para obtenção de híbridos e melhoramento de variedades de polinização aberta, com base na genética constituída basicamente por materiais introduzidos de outros países ou materiais oriundos de programas nacionais, que são cruzados com linhagens dentadas derivadas dos programas de melhoramento de milho comum (Teixeira et al., 2013). Com isso, poucas variedades nacionais estão disponíveis no mercado, sendo o comércio de sementes baseado, em sua maioria, em cultivares híbridas. Estão registradas no Serviço Nacional de Proteção de Cultivares 67 cultivares de milho doce (duas de fenótipo super doce e 65 cultivares de fenótipo doce), sendo quatro delas cultivares geneticamente modificadas resistentes a insetos da ordem Lepidóptera (cultivares SV9298SN, SVSN9125 e SVS39631) e uma, resistente ao herbicida glifosato e a insetos da ordem Lepidóptera (cultivar Thunder) (Brasil, 2018). Das cultivares lançadas pela Embrapa-Hortaliças, adaptadas às condições climáticas brasileiras (Milho-doce Cristal, Milho-doce de Ouro, Milho Doce Mel, Milho-doce Lili e Milho Super-doce), nenhuma está sendo comercializada atualmente no país.

Dentre os objetivos dos programas de melhoramento de milho doce, está a obtenção de tipos desejáveis para consumo *in natura* e para a industrialização, com espigas de tamanho médio a grande, formato cilíndrico, uniformes, grãos longos, com boa textura, consistência e teor de açúcar pouco variáveis entre si, resistência às pragas de espiga e elevada produtividade (Gama et al., 1992). Diferentemente do milho comum, que o produto principal são os grãos, no milho doce, o produto comercial é a espiga como um todo, devendo, portanto, merecer atenção especial durante a condução de um programa de melhoramento.

Diante deste cenário, as variedades locais conservadas *in situ-on farm* são consideradas populações de elevado potencial adaptativo, apresentando uma importante fonte de variabilidade genética para os programas de melhoramento, sobretudo de milhos doces, cujo número de acessos conservados em bancos de germoplasma é baixo no país.

É frequente o interesse dos programas de melhoramento por tais recursos fitogenéticos, pelo fato de possuírem características de valor destacado, especialmente aquelas que possibilitam a produção de alimentos em condições adversas de clima e solo. As variedades locais, quando manejadas e selecionadas pelos agricultores por um longo período de tempo, adquirem características próprias, tornando-se geneticamente diversificadas, localmente

adaptadas e associadas aos agroecossistemas onde são conservadas (Zeven, 1998; Teshome et al., 1997).

No Extremo Oeste de Santa Catarina, variedades locais de milho doce estão sendo conservadas *in situ-on farm* pelos agricultores. Estudos de caracterização e identificação dos alelos mutantes comprovaram a presença do gene *sugary1 (su1)* como responsáveis pelo fenótipo doce em sete variedades (vide capítulo 1).

Diante do exposto, o objetivo do presente capítulo foi avaliar o potencial genético, através do desempenho fenológico, morfológico e agrônômico, de sete variedades locais de milho doce em diferentes ambientes do Estado de Santa Catarina.

3.0 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL VEGETAL

O desempenho fenológico, morfológico e agrônômico das variedades locais de milho doce *sugary1*, coletadas nos municípios de ANC e GBA, no EOSC, foram verificados a partir de um conjunto de características expressas durante o desenvolvimento do cultivo e pós-colheita, em quatro experimentos conduzidos na safra agrícola 2017/2018.

Os experimentos foram constituídos por nove tratamentos, a saber: cinco variedades locais de milho doce coletas em ANC (2255A, 2029A, 2276A, 2514A e 3000A); duas variedades locais de milho doce coletas em GBA (741B e 319A); e duas testemunhas de genótipo *su1su1*, representadas pela variedade de polinização aberta BR401, desenvolvida pela Embrapa, e o acesso Cubano do BAG Milho da Embrapa.

3.2 LOCALIDADES

Os experimentos foram conduzidos em duas regiões do Estado de Santa Catarina, sendo três no EOSC, municípios de ANC e GBA, local de origem das variedades, e um na região do Litoral Catarinense, município de Florianópolis (FLP).

Os municípios de ANC e GBA, localizados na mesorregião do Oeste de Santa Catarina, microrregião do Extremo Oeste (IBGE, 2010), possuem clima mesotérmico úmido (Cfa de Köppen), temperatura média anual de 17,8 °C, precipitação pluviométrica anual em torno de 1.700 a 2.000 mm e a vegetação pertence ao Bioma Mata Atlântica (IBGE, 2010). A região do Oeste catarinense é caracterizada por minifúndios, sendo constituído por cerca de 75 mil estabelecimentos, dos quais 70 % possuem menos de 20 ha e 95 % menos de 50 ha (Canci & Canci, 2007).

O município de Florianópolis está situado no Litoral catarinense, em uma região de 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.

Os experimentos implantados em ANC e GBA foram conduzidos em unidades de produção familiar, em parceria com as famílias dos agricultores e organizações locais parceiras do Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade (NEABio) da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). Em uma ordem decrescente de altitude, o primeiro experimento foram conduzidos na propriedade da família de Deogênio e Mônica Alberton, na Linha São José, ANC, a uma altitude de 717 metros acima do nível do mar (**L1**); o segundo ensaio foi conduzido na propriedade da família de Ricardo e Letícia Scalco, na Linha Indiozinho, GBA, a uma altitude de 624 metros acima do nível do mar (**L2**). O terceiro ensaio na propriedade da família de Larinei e Roselei Wille, na Linha Aparecida, ANC, a uma altitude de 422 metros acima do nível do mar (**L3**). O quarto ensaio foi conduzido na Fazenda Experimental da UFSC, no Bairro Tapera, FLP, a uma altitude de 1 metro acima do nível do mar (**L4**).

3.3 DESENHO EXPERIMENTAL, TRATOS CULTURAIS E CARACTERES AVALIADOS

Os experimentos foram conduzidos em delineamento experimental de blocos completos casualizados com quatro repetições. A unidade experimental foi constituída por duas fileiras de 4,0 metros lineares de comprimento, espaçadas 1,0 m entre si e 0,20 m entre plantas, definindo assim uma densidade de 50.000 plantas ha⁻¹. A área útil da parcela foi constituída pelas cinco plantas centrais de cada fileira, totalizando 10 plantas e uma área de 2,0 m².

Os experimentos conduzidos no EOSC, L1, L2 e L3, foram implantados entre os dias 23 e 25 de outubro de 2017, respectivamente (Apêndice N). Em Florianópolis (L4), o ensaio foi implantado no dia 23 de novembro de 2017. O preparo do solo foi realizado com auxílio de tração animal nos ambientes L1 e L3, e com tração mecânica nos ambientes L2 e L4.

O manejo dos experimentos foi efetuado de acordo com sistema orgânico. A adubação foi através da incorporação de esterco orgânico granulado de peru, segundo as necessidades indicadas pela análise de solo de cada área. O esterco de peru foi aplicado e incorporado ao solo anteriormente à semeadura. A adubação de cobertura foi realizada com composto orgânico líquido desenvolvido na propriedade da família do Sr. Larinei e Roselei Wille. A abertura das linhas, semeadura e controle de plantas espontâneas foram realizados de forma manual em todos os experimentos.

A avaliação das variedades foi realizada com base nos descritores mínimos do MAPA (1997), IBPGR (1991) e no trabalho desenvolvido por Teixeira & Costa (2010), além de caracteres específicos do milho doce (Apêndice O e P), conforme descritos na Tabela 6.

3.4 DADOS CLIMÁTICOS

Os dados de precipitação e temperatura média do ar para o período de condução dos ensaios instalados na região do EOSC foram obtidos junto ao Centro de Informações de Recursos Ambientais e de Hidrometeorologia de Santa Catarina (Ciram), da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri). Entretanto, para melhor precisão dos dados agrometeorológicos dos ensaios conduzidos no EOSC, foi instalado uma estação agrometeorológica automática telemétrica no município de Anchieta. A instalação foi realizada pela Epagri/Ciram, em parceria com a UFSC e o município de Anchieta.

Os dados diários de temperatura média do ar foram estimados através da metodologia de equações em função da altitude no Estado de Santa Catarina (Massignam e Pandolfo 2006), utilizando dados de 24 estações meteorológicas da Epagri/Ciram, localizadas no Oeste do Estado de Santa Catarina.

Para o experimento conduzido em Florianópolis, os dados de precipitação e temperatura média foram obtidos junto a Estação Meteorológica de Superfície de Florianópolis (SBLF) do Instituto de Controle do Espaço Aéreo (ICEA).

Os dados de precipitação e temperatura média do ar, obtidos para o ano de condução dos ensaios, foram comparados as médias históricas para cada região, utilizando informações das estações meteorológica da Epagri/Ciram, sendo utilizado os dados da estação de São Miguel do Oeste, para os locais do EOSC, e da estação meteorológica de São José, para o ensaio conduzido em Florianópolis, obtidos com a Epagri/Ciram.

O ciclo fenológico foi determinado com base na soma de graus dia da emergência a floração, utilizando a fórmula $GD = \frac{T_{m\acute{a}x} + T_{m\acute{i}n}}{2} - T_b$, onde $T_{m\acute{a}x}$ correspondeu à temperatura máxima do dia, $T_{m\acute{i}n}$ corresponde a temperatura mínima do dia e T_b corresponde à temperatura basal mínima para o milho, no caso 10 (Arnold, 1959).

Tabela 6. Relação das abreviaturas, denominações e etapa de avaliação de cada variável.

Abreviaturas	Variáveis	Etapa de Avaliação
Caracteres Fenológicos		
EM	Nº de dias da semeadura a emergência	Quando 50% ou mais da fileira central da encontravam-se nas etapas correspondentes.
FM	Nº de dias da emergência ao florescimento masculino	
FF	Nº de dias da emergência ao florescimento feminino	
Caracteres Morfológicos		
AE	Altura da inserção da espiga principal (m)	Foram avaliados em uma amostra aleatória de 10 plantas da parcela útil, quando as plantas se encontravam no estágio fenológico de grão leitoso
AP	Altura da planta (solo até a folha bandeira) (m)	
PRE	Posição relativa da espiga (AE/AP)	
DC	Diâmetro do colmo (mm)	
CP	Comprimento do pendão principal (cm)	
NRP	Número de ramificações do pendão	
NF	Número de folhas acima da espiga principal	
PL	Prolificidade (nº médio de espigas por planta)	
Caracteres Agronômicos		
CECP	Comprimento da espiga com palha (cm)	Foram avaliados em uma amostra de 10 espigas das plantas avaliadas para os caracteres morfológicos, colhidas no estágio de grão leitoso.
CESP	Comprimento da espiga sem palha (cm)	
DECP	Diâmetro da espiga com palha (cm)	
DESP	Diâmetro da espiga sem palha (cm)	
NFE	Número de fileiras de grãos por espiga	
NGF	Número de grãos por fileira	
CG	Comprimento do grão (DESP-DS) (cm)	
DS	Diâmetro do sabugo (cm)	
TP	Tamanho da palha (CECP - CESP) (cm)	
DP	Diâmetro da camada de palha (DECP - DESP) (cm)	
PECP	Peso de espigas com palha (g)	
PESP	Peso de espigas sem palha (g)	
PP	Peso das palhas por espiga (PECP - PESP) (g)	
PCP	Produtividade de espigas com palha (t ha ⁻¹)	
PSP	Produtividade de espigas sem palha (t ha ⁻¹)	
SAN	Sanidade da espiga (notas de 1 a 5 - 1 ruim e 5 bom)	

3.5 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Os dados foram submetidos a verificação dos pressupostos da análise de variância, sendo aplicado o teste de Lilliefors para testar a homogeneidade de variâncias, pelo programa GENES (Cruz, 2001).

Posteriormente, foram submetidos às análises de variância individuais para cada ambiente, considerando o modelo estatístico-matemático: $Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij}$, onde: Y_{ij} é a observação do i -ésimo tratamento ($i = 1, 2, \dots, 9$) do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, 3, 4$), suposto fixo, onde μ é igual a média geral; t_i é o efeito do i -ésimo tratamento, cujo efeito é fixo, com $E(t_i) = t_i$, $E(t_i^2) = t_i^2$; b_j é o efeito do j -ésimo blocos, suposto aleatório, com distribuição normal e independentemente distribuído com média zero e variância σ^2b , ou seja, $b_j \cap NID(0, \sigma^2b)$; $E(b_j) = 0$, $E(b_j^2) = \sigma^2b$; e_{ij} é efeito do erro experimental suposto aleatório, com distribuição normal e independentemente distribuído com média constante e variância σ^2 , com $E(t_i) = t_i$, $E(l_k) = l_k$, $E(t_i^2) = t_i^2$, e $\sum t_i = 0$; ou seja, $e_{ij} \cap NID(0, \sigma^2)$; $E(e_{ij}) = 0$, $E(e_{ij}^2) = \sigma^2$.

Para realização da análise de grupo de experimentos conduzidos em diferentes ambientes, foi considerado o modelo estatístico-matemático misto dado por: $Y_{ijk} = \mu + t_i + l_k + t_{ij} + b_{j(k)} + e_{ijk}$, onde Y_{ijk} é a observação do i -ésimo do tratamento ($i = 1, 2, \dots, 9$) do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, 3, 4$) e do k -ésimo local ($k = 1, 2, 3$), onde μ é igual a média geral; t_i é o efeito fixo de tratamento, com distribuição normal e independentemente distribuído com média zero e variância σ^2t , ou seja, $t_i \cap NID(0, \sigma^2t)$; l_k efeito de ambientes, aleatório, com $E(t_i) = t_i$, $E(t_i^2) = t_i^2$, $\sum t_i = 0$; t_{ij} é o efeito da interação entre tratamento e ambiente, suposto aleatório, com distribuição normal e independentemente distribuído com média zero e variância σ^2t_{ik} , ou seja, $t_{ik} \cap NID(0, \sigma^2t)$; $E(t_{ik}) = 0$, $E(t_{ik}^2) = \sigma^2t_{ik}$; $b_{j(k)}$ é o efeito de blocos dentro de ambientes, suposto aleatório, com distribuição normal e independentemente distribuído com média zero e variância σ^2b , ou seja, $b_{j(k)} \cap NID(0, \sigma^2b)$; $E(b_{j(k)}) = 0$, $E(b_{j(k)}^2) = \sigma^2b$; e_{ijk} é efeito do erro experimental, suposto aleatório, com distribuição normal e independentemente distribuído com média zero e variância σ^2 , ou seja, $e_{ijk} \cap NID(0, \sigma^2)$; $E(e_{ijk}) = 0$, $E(e_{ijk}^2) = \sigma^2$.

As análises estatísticas individuais foram realizadas no programa GENES (Cruz, 2001). As variáveis que apresentaram diferenças significativas entre tratamentos, ao nível de significância de 5% de probabilidade ($p \leq 0,05$) pelo teste F, foram submetidas ao teste de Skott Knott ao mesmo nível de significância. A análise conjunta dos ensaios foi realizada no programa STATISTICA® 7.0.

4.0 RESULTADOS

4.1 DADOS DE PRECIPITAÇÃO E TEMPERATURA

A análise dos dados climáticos demonstrou uma variação de precipitação e temperatura média do ar, durante a condução dos ensaios, em função dos diferentes ambientes (Tabela 7).

A precipitação total para o período de condução dos ensaios foi acima da média histórica, em todos os ambientes, ocorrendo de forma distribuída no decorrer dos estádios de desenvolvimento da cultura (Tabela 7). Nos experimentos conduzidos no EOSC, ocorreu um maior acúmulo de chuva no primeiro e segundo decêndios após a semeadura, período de emergências das plântulas e no nono e décimo decêndio após a semeadura, período de floração e enchimento dos grãos dos genótipos mais precoces. Nas últimas semanas do mês de fevereiro, ocorreu um menor acúmulo de chuva.

No L4, as chuvas ocorreram de forma equilibrada no início de desenvolvimento das plantas até o final da fase vegetativa, quando houve maior acúmulo. No entanto, a precipitação foi abaixo da média histórica durante o período de floração e enchimento de grãos.

A temperatura média do ar variou de acordo com a localização e altitude dos ambientes. Em L4 (5 metros de altitude), a temperatura média para o período de condução do ensaio foi de 23,9 °C, ficando 2,6°C acima de L1 (717 m de altitude), onde a média foi de 21,3°C (Tabela 7). Entre os ambientes localizados no EOSC, no L3 (422 m de altitude), a média de temperatura foi de 23,2 °C, 1,9 °C maior que L1 (717 m de altitude) e 1,2 °C maior que L2 (624 m de altitude). Essas diferenças de temperatura entre ambientes de cultivo refletiram em variações de comportamento das variedades quanto às variáveis fenológicas, melhor discutidas no item 4.3 deste capítulo.

Tabela 7. Dados de precipitação e temperatura média do ar para os períodos de condução dos ensaios de variedades locais de milho doce no EOSC e Florianópolis, safra 2017/2018.

Ano	Mês	Decêndio	Precipitação (mm)					Temperatura média do ar (°C)			
			Anchieta ¹	Guaraciaba ²	Média Histórica ³	Florianópolis ⁴	Média Histórica ⁵	L1	L2	L3	L4
2017	Outubro	3	242.6	250.2	94.1	-	-	17,9	18,6	19,8	-
		1	158.2	165.6	61.3	-	-	19,3	19,8	21,1	-
		2	38.0	57.6	60.5	-	-	20,0	20,4	21,4	-
	Novembro	3	55.2	68.4	54.0	45.7	47.4	19,9	20,4	21,4	22,2
		1	29.6	42.0	65.8	44.4	41.5	22,8	23,4	24,8	23,2
		2	18.0	11.6	71.5	53.5	56.6	23,5	24,1	25,3	23,8
	Dezembro	3	54.8	63.4	80.6	69.7	73.5	22,2	22,8	24,1	23,6
		1	68.6	71.6	65.6	188.7	75.2	22,0	22,6	23,9	24,2
		2	126.6	92.6	56.6	100.2	65,3	21,9	22,5	23,7	25,1
2018	Janeiro	3	182.6	108.8	62.4	200.3	78,7	22,4	23,0	24,4	24,2
		1	10.4	16.4	62.5	11.9	71,3	22,6	23,3	24,8	24,3
		2	44.8	29.4	60.2	47.6	75,2	20,9	21,6	23,2	23,5
	Fevereiro	3	-	-	-	9.1	64,7	-	-	-	24,1
		1	-	-	-	53.0	65,1	-	-	-	24,3
		2	-	-	-	16,4	60,0	-	-	-	24,6
	Março	1	-	-	-	16,4	60,0	-	-	-	24,6
		2	-	-	-	16,4	60,0	-	-	-	24,6
				1029,4 ⁵	977,6	795,1	840,50	774,5	21,3 ⁶	22,0	23,2

¹ Dados da Estação agrometeorológica de Anchieta, L1 e L3; ² Dados da Estação hidrológica de Guatapar de Baixo, municpio de Guaraciaba, L2; ³ Mdias dos dados histricos da Estcao meteorolgica de So Miguel do Oeste; ⁴ Dados da Estcao Meteorolgica de Superfcie de Florianpolis (SBLF) do Instituto de Controle do Espcio Areo (ICEA), L4. ⁵Mdias dos dados histricos da Estcao meteorolgica de So Jos.

4.2 ANÁLISES INICIAIS

As variáveis atenderam aos pressupostos da análise de variância (normalidade, independência dos resíduos e homogeneidade de variâncias), em todos os ambientes.

As análises individuais dos dados identificaram diferenças significativas ($p \leq 0,05$) entre os tratamentos para os caracteres fenológicos EM, FM, FF (Tabela 8), morfológicos de planta AE, AP, PRE, DC, NF e CPP (Tabela 10) e agronômicos CE, DE, PE, DS, TP, PCP e PSP (Tabela 11), em todos os ambientes. As variáveis que não apresentaram diferenças estatísticas foram: NF, CG e SAN no L4; NRP em L1 e L2; PL em L1, L3 e L2; DP no L2 e L4; e NGF em L1.

As análises conjuntas detectaram diferenças significativas entre genótipos, ambientes e interação G x A para todas as variáveis, exceto diferenças entre ambientes para TP e interação G x A para EM, PRE e SAN. Para NRP, DP e PL, não foi realizada análise conjunta por não haver diferença estatística entre genótipos em mais de um ambiente (Tabela 10, Tabela 11). Os coeficientes de variação (CV%) das análises individuais e conjuntas foram abaixo de 15,0% para a maioria dos caracteres, sendo superior a 23,0% apenas para FM-FF, que apresentou coeficiente de variação 38,0%, considerados muito elevados (Scapim et al., 1995) (Tabela 8, Tabela 10, Tabela 11).

4.3 FENOLOGIA

Os genótipos se diferenciaram estatisticamente para número de dias transcorridos da semente à emergência (EM), e da emergência à floração masculina (FM) e feminina (FF), em todos os locais (Tabela 8) (Apêndices A, B e C). A EM ocorreu após 8,1 dias, na média geral. Dentre as variedades locais, o genótipo 2276 A foi aquele que apresentou o maior número de dias para emergir, em média 9,3 dias, e o genótipo 2029 A aquele que apresentou o menor número, uma média de 7,6 dias. Os ambientes L3 e L4 foram os que apresentaram menor média de dias para EM, 7,8 e 7,3 dias, respectivamente. Apesar da diferença entre os ambientes e entre os genótipos, não houve interação genótipo x ambiente significativa para EM. Com relação a temperatura do ar no período entre semente e emergência das plântulas, esta foi de 22,5 °C em L4, enquanto que em L1, L2 e L3 foi de 18,3, 19,2 e 19,7° C, nesta ordem (Tabela 9). Mesmo os ensaios conduzidos no mesmo município e semeados na mesma época, a diferença de altitude, de 717 m em L1 para 422 m no L3, resultou em uma diferença de 1,4°C na temperatura média, fazendo com que os dias transcorridos da semente a emergência fossem menores no L3.

Os genótipos apresentaram diferença estatística entre si para número de dias entre semeadura e emergência nos diferentes ambientes, não apresentando interação G x A, o que comprova a diferença genética entre os genótipos, com maior ou menor capacidade de germinação. Importante ressaltar que o milho doce se diferencia dos demais tipos de milho por apresentar uma média inferior de germinação das sementes. Tal fato é decorrente do baixo teor de amido nos grãos e da formação de espaços vazios entre a camada de aleurona e o pericarpo durante a desidratação dos mesmos, tornando o pericarpo mais frágil e mais suscetível a danos físicos (Douglas et al., 1993; Lizaso et al., 2007; Tracy, 2001). Dessa forma, o crescimento e o desenvolvimento nos estágios iniciais de crescimento podem se tornar de importância crítica para a produção final de milho doce (Dwyer et al., 2000), visando o estabelecimento inicial dos estandes e garantindo a produção de grãos.

O excesso de umidade do solo durante os estágios iniciais também pode afetar severamente o crescimento do milho, o que pode resultar em pobre desenvolvimento e produção de grãos (Zaidi et al., 2004; Zhang et al., 2014). No presente estudo, os ensaios conduzidos no EOSC tiveram um maior acúmulo de água na primeira semana, após a emergência, mas que logo foi estabilizada, não causando danos ao desenvolvimento das plantas. No L4, o regime hídrico no momento de estabelecimento do estande foi de acordo com a média histórica, possibilitando o bom desenvolvimento das plântulas.

Para FM, o genótipo BR401 da Embrapa, foi o mais precoce em todos os ambientes, com uma média de 55,8 dias (Tabela 8). Dentre as variedades locais, a variedade 741 B apresentou a menor média em L1, L3 e L4, 74,0, 80,8 e 79,8 dias, nesta ordem; e a variedade 2276 A apresentou a menor média em L2, 69,0 dias. A variedade 2255 A foi a mais tardia para florescer em todos os ambientes, com uma média de 82,9 dias, seguida pela variedade 2514 A, com média de 76,9 dias.

Para florescimento feminino (FF), os resultados foram semelhantes aos do FM (Tabela 8). O genótipo BR401 foi o mais precoce, com uma média de 60,4 dias, diferenciando-se estatisticamente das demais em todos os ambientes. Dentre as variedades locais, as variedades 741 B, 3000 A e 2276 A foram as mais precoces, com médias de 76,1, 76,9 e 76,9 dias para o FF, respectivamente. As variedades locais 2255 A foi a mais tardia, com uma média de 89,9 dias para o FF, diferenciando-se estatisticamente das demais em todos os ambientes.

Em média, a cultivar BR401 levou 60,4 dias para o FF, que somados os 21 dias necessários para a colheita na fase milho verde dá um total de 81,4 dias. Estas estimativas estão dentro dos valores descritos para a cultivar BR401, que é de 80 dias para colheita, na fase de milho verde, variando de 75 a 85 dias (Reifschneider, 1984). A variedade Cubano apresentou

uma média de 99,3 dias para a colheita, sendo 78,3 dias para floração, somados aos 21 dias para chegar à fase de milho verde. Estes valores também estão, próximos aos descritos na literatura, que variou de 87 a 94 dias (Fornasiere et al., 1988).

As variedades locais são consideradas tardias, considerando o número de dias para a floração ou número de GD. Butrón et al. (2008) encontraram valores de 69,1 dias para liberação do pólen e 72,0 dias para o florescimento feminino a partir de genótipos de milho doce sugary1 avaliados na Espanha. Klan et al. (2009) encontraram valores de 62 dias para o pendoamento, em variedades de milho doce semeadas na época de menor temperatura, e concluíram que o aumento da temperatura diminui o número de dias para o pendoamento. O milho Doce 13, gene mutante sugary1, alcançou o FM aos 59 dias e o FF aos 61 dias (Bordallo et al., 2005). Segundo Pereira Filho & Teixeira (2016), para que possam atender tanto as necessidades da indústria de envasamento quanto à produção para uso *in natura*, e ao próprio produtor, o milho doce deve possibilitar o plantio o ano todo, com ciclo variando de 90 a 110 dias.

O tempo das fases fenológicas foi diferente entre os genótipos e ambientes. Ela está diretamente associada à soma de graus dias (GD), que corresponde ao acúmulo de temperatura diária acima de 10 °C necessária para o crescimento e desenvolvimento das plantas de milho. De acordo com a soma de GD, as variedades de milho doce do presente estudo foram classificadas em Hiperprecoce (< 790 GD), Precoces (> 790 e < 830 GD), Intermediárias (> 830 e < 889 GD) e Tardias (> 890 GD) (Ritchie et al., 2003). No presente trabalho, o genótipo BR401 da Embrapa foi classificado em hiperprecoce, com média de 698,4 GD para floração. Segundo dados da Embrapa, a BR401 necessita em média de 827 GD para a floração (Reifschneider, 1984). As variedades locais e o genótipo Cubano foram classificadas como fenótipos tardios (Tabela 9). Houve interação G x A significativa para GD, no entanto, causada pela variedade 2276A, a que apresentou médias de GD diferentes nos ambientes, especialmente em L2, com uma menor média para GD.

Variedades locais tendem a apresentar ciclo mais longos, em comparação com cultivares híbridas e variedades melhoradas de polinização aberta, característica comum nas populações autóctones existentes no Brasil (Araújo & Nass, 2002). Isso ocorre em virtude das práticas de manejo e seleção do agricultor. Em geral a seleção das sementes é realizada a partir das melhores espigas no paiol, após a colheita. Em geral, espigas de maiores tamanhos, são provenientes de plantas maiores e mais tardias. Além disso, as espigas mais precoces são colhidas para vender ou comer, ficando as espigas mais tardias para a produção de semente, aumentando gradativamente o ciclo das variedades (Almekinders & Louwaars, 1999).

O mesmo está ocorrendo com as variedades de milho doce do EOSC. A medida que as espigas entram no estágio de grão leitoso é realizada a colheita para o consumo da família, ficando a campo as espigas mais tardias para produção de sementes do próximo ciclo. Este procedimento inconscientemente seleciona plantas tardias e ocasiona aumento gradual do ciclo das variedades.

O número de dias transcorridos entre o FM e FF (FM-FF), denominado protandria, apresentou um CV% alto em todos os ambientes. Em média, a variedade 2255A foi a que apresentou o maior intervalo de dias entre o FM e FF, 7,1 dias, seguida pela variedade 2276A, que em L1 levou 7,8 dias, e o genótipo do BAG Milho da Embrapa, o Cubano, que levou 9,5 dias no L4. A variedade 3000 A apresentou, em média, um intervalo de 3,8 dias entre FM e FF. No L4, os genótipos apresentaram as maiores médias de dias entre FM e FF. O ambiente L2 e L3 foram os ambientes em que as variedades apresentaram os menores valores de protandria, com uma média de 4,1 dias.

A temperatura do ar e do solo e a precipitação estão entre os elementos climáticos mais relevantes para o desenvolvimento das plantas, influenciando no desenvolvimento da cultura do milho, especialmente no número de dias transcorridos entre cada etapa fenológica (Barbano et al., 2001). Temperaturas de solo e ar baixas após a semeadura retarda a emergência (Schneider e Gupta, 1985; Garcia et al. 2009, Zaidi et al., 2004). Com relação a floração, segundo Stone et al. (1999), para cada 1°C de elevação na temperatura do ar, há redução de cinco a seis dias na duração do período entre emergência e espigamento. Os ensaios conduzidos no EOSC foram implantados em outubro, dentro das melhores datas recomendadas para esse cultivo na região. Para a região do EOSC, o cenário atual indica que as melhores datas de plantio do milho, com temperaturas médias favoráveis e menor riscos de ocorrência de estresse hídrico, estão nos meses de setembro e outubro (Lana et al., 2017). quando as temperaturas não são tão altas e a precipitação atinge níveis adequados para o estabelecimento da cultura e o desenvolvimento e enchimento de grãos. Por outro lado, as culturas plantadas em novembro podem ter rendimentos mais altos, mas novamente com maior risco de quebra de safra por problemas com estresse hídrico.

A diferença do número de dias para EM e FM, identificado nos ambientes L3 e L4 em comparação os ambientes L1 e L2, está diretamente relacionada a maior temperatura média do ar nesses locais, o que ocasionou um menor número de dias para a emergência e floração das plantas, o que foi consistente para todas as variedades. Estudos comprovam que as taxas de crescimento de milho (Benoit et al. 1990; Cirilo & Andrade, 1994; Lana et al., 2017) e milho doce (Williams & Lindquist, 2007) são influenciadas pelas temperaturas do ar, existindo uma

relação funcional entre o número de dias até a emergência e a temperatura média do ar da emergência ao início do pendoamento (Garcia et al., 2009). Klan et al. (2009) estudaram o efeito das diferentes épocas de semeadura no rendimento de variedades crioulas de milho doce e concluíram que à medida que aumenta a temperatura e umidade do ar acelera o crescimento e desenvolvimento das plantas. As variedades semeadas no período de menores temperaturas apresentaram em média 62 dias para o pendoamento, e à medida que a temperatura aumentou, diminui o número de dias para o pendoamento (Klan et al. 2009).

Dessa forma, as maiores temperaturas do ar nos locais de menores altitudes ocasionaram acúmulo de graus dias necessários em menor tempo e um adiantamento do ciclo das variedades.

Por outro lado, a interação G x A foi estatisticamente significativa para FM e FF, demonstrando que os genótipos não apresentam o mesmo comportamento nos diferentes locais. No entanto, essa interação foi causada pelo genótipo 2276 A, que apresentou um comportamento diferenciado em L2, uma menor média para FM e FF. Esta variedade apresentou ainda um maior número de dias para emergir, porém um menor número de dias para FM e FF, o que pode ser resultado das temperaturas médias elevadas após emergência que aceleram o desenvolvimento das plantas.

O conhecimento da fenologia possibilita o escalonamento da produção de milho doce, possibilitando o cultivo durante todo o ano e uma maior constância do produto no mercado, em algumas regiões do país (Teixeira et al., 2001). Para que este mercado seja explorado, é necessário conhecimento do seu ciclo fenológico, especialmente o número de graus dias para cada variedade atingir o estágio fenológico de grão leitoso, o que possibilita o escalonamento proposto pelos autores.

Os municípios de origem das variedades, ANC e GBA, apresentam uma diferença de mais de 300 m de altitude entre os locais mais baixos e mais altos dos municípios. Dessa maneira, faz-se necessário o conhecimento do desempenho das diferentes variedades de acordo com o local e altitude de plantio, e a época de semeadura, visto que as diferenças de altitude influenciam na temperatura média do ar e conseqüentemente no número de dias para EM e FM.

Tabela 8. Médias¹ de dias para emergência (EM), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF), e protandria FM-FF), das variedades locais de milho doce sugary1, cultivadas em quatro ambientes em Santa Catarina – Sul do Brasil, na safra 2017/2018.

Genótipo	L1	L2	L3	L4	Média³
EM²					
Cubano	8,0 b	8,0 b	7,2 a	7,0 b	7,6
2255A	8,5 b	8,2 b	7,5 a	6,8 b	7,8
741B	8,8 b	9,0 a	7,5 a	7,0 b	8,1
2029A	8,8 b	7,8 b	7,5 a	6,5 b	7,6
319A	8,5 b	8,2 b	7,8 a	7,0 b	7,9
2276A	9,8 a	10,0 a	8,5 a	9,0 a	9,3
2514A	9,2 a	9,5 a	8,0 a	7,8 b	8,6
3000A	9,0 a	8,5 b	8,0 a	7,2 b	8,2
BR401	9,2 a	8,8 b	8,0 a	7,2 b	8,3
Média⁴	8,9	8,7	7,8	7,3	8,1
CV%	5,48	4,37	5,64	10,86	
Prob. F-teste	0,0019	0,0000	0,0157	0,0088	
Prob. F-teste - Genótipo			0,0000		
Prob. F-teste – Ambiente			0,0000		
Prob. F-teste - Interação G x A			0,3440 ^{ns}		
CV% - Análise conjunta			6,72		
FM⁵					
Cubano	76,2 c	72,5 c	69,8 c	69,2 b	71,9
2255A	87,2 a	83,8 a	80,8 a	79,8 a	82,9
741B	74,0 c	71,5 d	69,8 c	70,5 b	71,4
2029A	80,5 b	77,0 b	74,0 c	72,5 b	76,0
319A	76,5 c	74,8 c	72,2 c	72,5 b	74,0
2276A	74,8 c	69,0 d	72,0 c	72,8 b	72,1
2514A	81,8 b	77,2 b	76,2 b	72,2 b	76,9
3000A	75,5 c	73,8 c	71,2 c	71,8 b	73,1
BR401	57,8 d	59,5 e	53,0 d	52,8 c	55,8
Média⁴	76,03	73,22	71,0	70,44	72,7
CV%	2,66	2,36	1,46	4,22	
Prob. F-teste	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	
Prob. F-teste – Genótipo			0,0000		
Prob. F-teste – Ambiente			0,0010		
Prob. F-teste - Interação G x A			0,0018		
CV% - Análise conjunta			2,84		

FF⁶					
Cubano	82,2 b	77,5 c	74,8 c	78,8 b	78,3
2255A	98,2 a	89,0 a	87,0 a	88,5 a	89,9
741B	79,8 c	75,5 c	73,5 c	75,8 b	76,1
2029A	84,5 b	81,2 b	79,2 b	79,5 b	81,1
319A	82,8 b	78,2 c	77,5 b	80,8 b	79,8
2276A	79,5 c	73,0 d	76,8 b	78,5 b	76,9
2514A	84,5 b	81,2 b	80,0 b	78,5 b	81,1
3000A	80,2 c	76,5 c	73,5 c	77,2 b	76,9
BR401	61,8 d	63,5 e	57,0 d	59,5 c	60,4
Média Geral	81,17	77,30	75,47	77,44	77,84
CV%	2,63	2,36	1,98	3,80	
Prob. F-teste	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	
Prob. F-teste - Genótipo			0,0000		
Prob. F-teste - Ambiente			0,0084		
Prob. F-teste - Interação G x A			0,0043		
CV% - Análise conjunta			2,78		
FM-FF⁷					
Cubano	6,0 a	5,0	5,0 a	9,5 a	6,4
2255A	8,0 a	5,2	6,2 a	8,8 a	7,1
741B	5,8 a	4,0	3,8 a	5,2 b	4,7
2029A	4,0 b	4,2	5,2 a	7,0 b	5,1
319A	6,2 a	3,5	5,2 a	8,2 a	5,8
2276A	7,8 b	4,0	4,8 a	5,8 b	4,8
2514A	2,8 b	4,0	3,8 a	6,2 b	4,2
3000A	4,8 b	2,8	2,2 a	5,5 b	3,8
BR401	4,0 b	4,0	4,0 a	6,8 b	4,7
Média Geral	5,14	4,08	4,47	7,0	5,17
CV%	37,98	33,51	27,99	25,87	
Prob. F-teste	0,0386	0,3576^{ns}	0,0083	0,0242	
Prob. F-teste - Genótipo			0,0000		
Prob. F-teste - Ambiente			0,0005		
Prob. F-teste - Interação G x A			0,3558 ^{ns}		
CV% - Análise conjunta			31,36		

¹ Média de quatro repetições; ² Contabilizado em dias da sementeira à emergência; ³ Média geral do genótipo para os quatro locais; ⁴ Média geral por local; ⁵ Contabilizado em da emergência ao florescimento masculino; ⁶ Contabilizado em dias da emergência ao florescimento feminino; ⁷ Contabilizado em dias do FM ao FF; ^{ns} Não Significativo à 5% de probabilidade; L1- Experimento conduzido em Anchieta a 717 metros de altitude; L2 – Experimento conduzido em Guaraciaba a 624 metros de altitude; L3 – Experimento conduzido em Anchieta a 422 metros de altitude; L4 - Experimento conduzido na Fazenda Experimental da UFSC-Florianópolis – a 5 metros de altitude; Médias seguidas pela mesma letra em minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Skott Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 9. Temperatura média¹ do ar no período da semeadura à emergência (S-E) e emergência à floração (E-F), e soma de graus dia (GD) para as variedades locais de milho doce sugary1, avaliadas em quatro ambientes em Santa Catarina – Sul do Brasil, na safra 2017/2018.

Genótipo	L1	L2	L3	L4	L1	L2	L3	L4	L1	L2	L3	L4	Média	Classificação ²
	S - E				E - F				GD					
Cubano	18,2	19,2	19,7	22,5	21,4	22,1	23,2	24,0	870,4 c	879,3 d	917,6 e	969,3 b	909,1	Interm./Tardia
2255A	18,3	19,1	19,7	22,5	21,6	22,3	23,2	24,0	1007,8 a	1026,1 a	1067,6 a	1113,7 a	1053,8	Tardia
741B	18,3	19,3	19,7	22,5	21,4	22,2	23,2	24,0	845,7 c	870,0 d	918,1 e	988,2 b	905,5	Interm./Tardia
2029A	18,3	19,2	19,7	22,6	21,5	22,2	23,2	24,0	925,2 b	936,9 b	973,3 c	1015,8 b	962,8	Tardia
319A	18,3	19,1	19,7	22,5	21,4	22,2	23,2	24,0	874,9 c	910,2 c	951,1 d	1013,0 b	937,3	Interm./Tardia
2276A	18,4	19,3	19,9	22,4	21,5	22,2	23,2	24,0	857,7 c	840,4 e	948,6 d	1021,6 b	917,1	Interm./Tardia
2514A	18,4	19,4	19,7	22,4	21,5	22,2	23,2	24,0	941,9 b	944,9 b	1006,1 b	1014,7 b	976,9	Tardia
3000A	18,3	19,1	19,7	22,5	21,5	22,2	23,2	24,0	864,8 c	897,3 c	939,0 d	1005,5 b	926,7	Interm./Tardia
BR401	18,4	19,2	19,8	22,4	21,3	22,1	22,9	24,0	653,0 d	718,1 f	683,9 f	738,6 c	698,4	Hiperprecoce
Média⁷	18.3	19.2	19.7	22.5	21.5	22.2	23.1	24.0	871,28	891,47	933,92	986,72		
CV%									2,81	2,44	1,46	4,12		
Prob. F-									0,000	0,000	0,000	0,000		
Prob. F-teste - Genótipo														
Prob. F-teste - Ambiente														
Prob. F-teste - Interação G x														

¹ Média de quatro repetições; L1- Experimento conduzido em Anchieta a 717 metros de altitude; L2 – Experimento conduzido em Guaraciaba a 624 metros de altitude; L3 – Experimento conduzido em Anchieta a 422 metros de altitude; L4 -Experimento conduzido na Fazenda Experimental da UFSC-Florianópolis – a 5 metros de altitude;

²Classificação segundo Ritchie et al. (2003).

4.4 MORFOLOGIA

Para altura de espiga (AE), a variedade Cubano, apresentou as maiores médias no ambiente L1 (1,36 m) e L2 (1,44 m), sem diferenciar-se estatisticamente das variedades locais 2255A, 2029A, 319A, 2276A, que apresentaram maiores AE em L1, e das variedades 2255A e 2276A, que apresentaram maiores AE em L2 (Tabela 10). No L3, A variedade 2255A teve maior AE (1,70 m). No L4, as variedades 2255A (1,10 m), 2029A (1,17 m), 319A (1,08 m) e 3000A (0,97 m) apresentaram maiores AE. A variedade 741B é aquela de menor AE dentre as variedades locais, em todos os ambientes (Tabela 10).

Para altura de planta (AP), a variedade Cubano apresentou as maiores médias em todos os ambientes, com uma média de 2,34 m. Dentre as variedades locais de maiores AP, estão a 2029A (2,15 m) e 319A (2,21 m) em L1, as variedades 2255A (2,23 m), 319A (2,18 m) e 2276A (2,28 m), em L2; as variedades 2255A (2,59 m) e 319A (2,66 m), no L3 e; as variedades 2255A (1,85 m), 2029A (1,97 m) e 319A (1,93 m), no L4. A variedade 741B apresenta as menores médias em todos os ambientes (Apêndice D). Segundo a literatura, a variedade Cubano tem em média 2,27 m de AP e 1,64 m de AE, enquanto a BR401 apresenta em média 1,8 m de AP e 1,14 m de AE (Fornasiere Filho et al., 1988), valores muito próximos aos encontrados no presente estudo.

Com relação as variedades locais de milho doce, estas apresentam ampla variação de altura, algumas com alturas superiores a 2,1 m de AP. Variedades locais de polinização aberta, no geral, apresentam maiores alturas de plantas quando comparadas às variedades melhoradas ou aos híbridos (Silveira et al., 2015; Araújo et al., 2013; Kist et al., 2010; Alves et al., 2004; Kamara et al., 2004; Balbinot et al., 2003). Butrón et al. (2008) encontraram valores de 0,66 e 1,70 m de altura de planta e espiga para genótipos de milho doce sugary1. A variedade Doce 13, gene mutante sugary1, apresenta porte médio, altura da planta de 1,50 m e altura de espigas de 0,84 m (Bordallo et al., 2005). Segundo Alves et al. (2004), a altura de inserção da espiga pode variar entre 1,2 e 2,0 m para variedades de polinização aberta e entre 0,92 e 1,41 m para híbridos. Pereira et al. (2009) encontraram valores médios de 1,68 m para AP e 0,79 para AE, em híbridos F2 de milho super doce.

As variedades locais de menores AE e AP apresentaram as menores médias de dias decorridos entre a emergência e a floração, como por exemplo, as variedades 741B e 3000A. A altura das plantas também apresenta forte relação com a floração, sendo que plantas que florescem mais cedo, geralmente, apresentam menores alturas (Troyer & Larkins, 1985).

A altura da espiga é um caráter importante, relacionado positivamente com a produção de espigas. Quanto mais alta a posição da espiga na planta, maior a probabilidade de

desenvolver novas espigas nos nós inferiores, no entanto, com maior chance de tombamento da planta ou quebra do colmo. Tal fato irá depender do índice de PRE, ou seja, qual a posição da espiga, em relação à altura total da planta. Índices de PRE próximos a 0,50 estabelecem a melhor relação entre a altura de espiga e a altura de planta, e permitem as plantas manterem-se mais eretas, contribuindo para o melhor equilíbrio da planta, minimizando quebra do colmo (Sangoi et al., 2002). À medida que este índice se afasta de 0,50, menor é a resistência da planta ao tombamento ou quebra de colmo, principalmente quando o caule apresenta diâmetro reduzido (Szoke et al., 2002). No presente estudo, para posição relativa da espiga (PRE), a variedade local 2255A apresentou os maiores índices de PRE, em todos os ambientes, com valores médios acima de 0,6. No ambiente L2, a variedade 741B diferenciou-se das demais variedades locais, com menor valor de PRE, 0,54, além de apresentar os valores mais próximos a 0,50, em todos os ambientes.

Com relação ao diâmetro de colmo (DC), os valores foram muito semelhantes entre os genótipos. Em L1, os genótipos não se diferenciaram estatisticamente pelo teste de separação de médias a 5% de probabilidade, e no L3, apenas a BR401 se diferenciou das demais, com menor diâmetro de colmo (13,3 mm). Em L2, as variedades 2276A, 741B e 3000A apresentam os maiores valores de DC, com 18,0, 17,6 e 17,2, nesta ordem. No L4, as variedades 741B e 319A e 3000A apresentam os maiores DC, com 15,5, 15,2 e 15,3 mm, nessa ordem (Tabela 10) (Apêndice E).

As variedades locais de milho doce do presente estudo apresentaram diâmetros de colmo superiores ao cultivar BR401 da Embrapa, em três dos quatro locais avaliados. O colmo, além de suporte às folhas e flores, é um órgão de reserva de fotoassimilados. É considerada uma estrutura equilibradora da limitação da fonte, por promover a remobilização dos carboidratos de reserva armazenados, translocados para os grãos na fase de enchimento e direcionados para a formação de folhas, nos estádios anteriores (Magalhães et al., 1995; Weismann, 2008; Uhart & Andrade, 1995). Os colmos são considerados estruturas moduladoras de grande importância para o rendimento de grãos, principalmente quando as folhas sofrem algum tipo de dano na fase reprodutiva da cultura (Sangoi et al., 2001).

Os caracteres AE, AP, PRE e DC apresentam juntos significativa importância agrônômica em milho, por estarem diretamente relacionados a capacidade da planta em resistir ao acamamento e quebramento do colmo em milho, fatores que afetam a produtividade da cultura (Szoke et al., 2002; Demétrio et al., 2008; Vilela, et al., 2008). O número de folhas por espiga acima da espiga (NF) apresentou diferença significativa entre as variedades, em todos os ambientes. As variedades 2276A, Cubano, 319A e 2514A são as que apresentaram maiores

médias. A BR401 apresenta as menores médias em todos os ambientes, seguida pela variedade L2255 A, que apresenta menores médias em L1, L2 e L4 (Tabela 10).

O número total de folhas em milho pode variar de acordo com a variedade, época de plantio, local de cultivo ou estações do ano (Ritchie et al., 2003). No entanto, a área foliar acima da espiga, apesar de representar 40% da extensão foliar total, é aquela que permanece fisiologicamente ativa acima da espiga e, por isso, é essencial para proporcionar bom rendimento da cultura por ser mais eficiente na produção de fotoassimilados, que são convertidos em produção de grãos (Alvim et al., 2010, Camacho et al., 1995; Ritchie et al., 2003). Dentre as variedades que apresentaram, em média, maior NF, estão a 2276A com 6,1 folhas e a Cubano, 319A e 2514A, com média de 5,9 folhas acima da espiga. Importante destacar que, com exceção da 2514A, as demais estão entre as variedades mais produtivas. Entretanto, no presente estudo, as variedades locais apresentaram maiores números de folhas acima da espiga, quando cultivadas em L4, não sendo o ambiente onde os genótipos apresentaram melhor rendimento de espigas. De fato, um maior número de folhas está relacionado com o potencial produtivo, no entanto, fatores ambientais como a umidade relativa do ar e a precipitação, principalmente no estágio de enchimento dos grãos, apresentam maior relevância na produtividade final.

Para o comprimento do pendão principal (CPP), os genótipos BR401, 2276 A, 2514 A e Cubano apresentaram menores médias em L1, com 18,1, 20,0, 21,4 e 22,6 cm, nesta ordem. A variedade 2276 A teve menor média de CPP em L2 (20,5), L3 (18,8 cm) e L4 (15,1 cm). A variável número de ramificações do pendão (NRP) apresentou diferença significativa entre os genótipos apenas em L2 e L3, onde as variedades locais 2255A, 2514A e 3000A são aquelas que apresentam maiores médias, com valores acima de 23 ramificações nos dois ambientes (Tabela 10).

Existe uma correlação negativa entre caracteres relacionados ao pendão, como comprimento e número de ramificações com produtividade, visto que o pendão é uma fonte de dreno de recursos metabólicos para a planta (Lambert & Johnson, 1977; Geraldi et al., 1985; Fischer et al., 1987). No entanto, o CPP e NRP também estão diretamente relacionados a uma maior liberação de pólen e garantia de polinização, uma vez que maiores intervalos de liberação de pólen são vantajosos em situações de estresse hídrico. Déficit hídrico pode causar atraso na emergência da inflorescência feminina, havendo redução do número de grãos fertilizados e, conseqüentemente, da produtividade (Bolaños & Edmeades, 1996). Nessas situações, as variedades 2255A e 2514A saíram melhor, visto que apresentaram maiores médias para NRP, possibilitando uma maior janela de polinização e fecundação.

A análise conjunta para os dados morfológicos demonstrou diferenças significativas entre os ambientes e entre os genótipos, para todas as variáveis morfológicas avaliadas. Com relação a interação G x A, apenas para PRE não foi detectada efeito significativo (Tabela 10). Por serem caracteres controlados por muitos genes, os caracteres morfológicos - especialmente AE, AP e DC, que sofrem grande influência de fatores ambientais - e os agrônômicos - como densidade de plantas, fertilidade do solo, temperatura média, entre outros - (Sheridan, 1988; Beavis et al., 1991), podem manifestar efeito das interações entre genótipos e ambientes. No presente trabalho, tais caracteres apresentaram grande variação, especialmente entre as variedades locais, em decorrência dos diferentes ambientes. As variedades apresentaram maiores alturas de planta e espiga no ambiente L3, onde todos os genótipos avaliados alcançaram suas maiores alturas. Dentre os locais de ensaio no EOOSC, L3 apresenta menor altitude (422 m) e, com isso, as maiores médias de temperaturas.

O ambiente L4 se diferenciou dos demais com menores médias para todas as variáveis, com exceção de NF, com maior média entre os ambientes (Tabela 10). Como as magnitudes de interações G x A foram significativas para todas as variáveis, não é possível comparar os genótipos com base em suas médias gerais dos quatro ambientes, porque podem ser perdidas informações dos genótipos.

Entre os ambientes do EOOSC, L3 se diferenciou dos demais para AE e AP, com as maiores médias, 1,43 e 2,44 m, respectivamente, seguidos pelos ambientes L1 e L2, com médias muito semelhantes. No L4, a 5 metros do nível do mar, as variedades apresentaram as menores alturas. Para NRP, L3 apresentou a menor média, 17,7. Para as demais características os ambientes do EOOSC foram semelhantes, não se diferenciando estatisticamente.

A interação G x A significativa para AE e AP demonstra que alguns genótipos apresentaram comportamento diferenciado para estas variáveis, em decorrência do ambiente. Os genótipos 2255 A apresentou menor altura em L1, enquanto que nos demais ambientes foi um dos genótipos mais altos. O genótipo 2276 A, apresentou menores alturas em L4, e um dos mais altos nos demais locais. A análise conjunta dos experimentos demonstrou que as variedades locais, 741 B, 3000 A são as que apresentam melhores relações AE, AP e PRE.

Para DC, o genótipo 2276 A se diferenciou dos demais em L2. Os demais genótipos foram mais estáveis nos diferentes ambientes. O NRP, o acesso Cubano e a variedade 2514A tiveram seus maiores valores em L1, e diminuiram nos demais. As variedades 2255A e 2029A, em L3 foram muito superiores aos demais, enquanto o BR401 diminuiu sua média. O NF acima da espiga apresentou grande variação entre os ambientes e genótipos, com uma interação significativa para interação G x A.

As variedades locais de milho doce apresentaram variabilidade genética para todos os caracteres relacionados à morfologia de planta. Vidal (2016) avaliou 20 variedades locais de milho comum coletados na região do EOSC, em experimentos conduzidos em quatro locais, e detectou diferenças significativas entre os genótipos comprovando a existência de diversidade genética entre as variedades locais. Ogliari et al. (2007), avaliaram 23 variedades locais de milho coletadas na região do EOSC, e verificaram diferenças significativas para 19 características. Gonçalves (2016) estudou 10 variedades de milho pipoca do EOSC e encontrou divergência genética entre os materiais, além de apresentarem potencial fenotípico complementar para serem utilizados em programas de melhoramento genético intervarietais. Seledes et al. (2019) também estudaram variedades de milho pipoca do EOSC e identificaram fontes genéticas promissoras para o desenvolvimento de programas de melhoramento de milho pipoca.

Tabela 10. Caracteres morfológicos¹ de planta das variedades locais de milho doce sugary1, em quatro locais na safra 2017/2018.

Genótipo	L1 ²	L2 ³	L3 ⁴	L4 ⁵	Média ⁶	L1 ²	L2 ³	L3 ⁴	L4 ⁵	Média ⁶
	Altura de Espiga (m)					Altura de planta (m)				
Cubano	1,36 a	1,44 a	1,54 b	1,08 a	1,35	2,35 a	2,41 a	2,70 a	1,94 a	2,34
2255A	1,23 a	1,44 a	1,70 a	1,10 a	1,38	1,94 b	2,23 a	2,59 a	1,85 a	2,16
741B	1,05 b	1,04 c	1,31 d	0,82 b	1,06	1,93 b	1,94 b	2,37 b	1,60 b	1,96
2029A	1,35 a	1,30 b	1,57 b	1,17 a	1,35	2,15 a	2,13 b	2,51 b	1,97 a	2,19
319 A	1,28 a	1,28 b	1,53 b	1,08 a	1,29	2,21 a	2,18 a	2,66 a	1,93 a	2,24
2276A	1,28 a	1,40 a	1,50 b	0,83 b	1,25	2,10 b	2,28 a	2,49 b	1,60 b	2,12
2514A	1,13 b	1,19 b	1,44 c	0,86 b	1,16	2,02 b	1,98 b	2,46 b	1,64 b	2,03
3000A	1,11 b	1,22 b	1,46 c	0,97 a	1,20	1,99 b	2,08 b	2,48 b	1,70 b	2,07
BR401	0,67 c	0,70 d	0,82 e	0,70 b	0,73	1,50 c	1,52 c	1,68 c	1,45 b	1,53
Média⁷	1,16 B	1,22 B	1,43 A	0,96 C	1,19	2,02 B	2,08 B	2,44 A	1,74 C	2,07
CV%	8,58	11,26	6,32	12,02	9,51⁸	5,55	7,80	4,68	7,29	6,37
Prob. F-teste	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	
Prob. F-teste - Genótipo					0,0000					0,0000
Prob. F-teste - Ambiente					0,0000					0,0000
Prob. F-teste - Interação G x A					0,0029					0,0013
	Posição relativa da espiga					Diâmetro do colmo (mm)				
Cubano	0,58 b	0,60 a	0,57 b	0,55 a	0,57	15,9 a	16,2 b	15,9 a	14,3 b	15,6
2255A	0,63 a	0,64 a	0,66 a	0,59 a	0,63	15,4 a	16,2 b	17,1 a	13,3 b	15,5
741B	0,54 b	0,54 b	0,56 b	0,51 b	0,53	17,2 a	17,6 a	17,1 a	15,5 a	16,8
2029A	0,63 a	0,61 a	0,63 a	0,59 a	0,61	14,6 a	16,0 b	15,8 a	13,8 b	15,1
319A	0,58 b	0,59 a	0,57 b	0,56 a	0,57	15,5 a	15,4 c	16,3 a	15,2 a	15,6
2276A	0,62 a	0,62 a	0,61 b	0,52 b	0,59	16,0 a	18,0 a	16,4 a	14,1 b	16,1
2514A	0,56 b	0,60 a	0,58 b	0,53 b	0,57	15,6 a	15,0 c	15,9 a	13,6 b	15,0
3000A	0,56 b	0,59 a	0,59 b	0,58 a	0,57	16,6 a	17,2 a	17,5 a	15,3 a	16,7
BR401	0,45 c	0,46 c	0,48 c	0,48 b	0,47	13,7 a	13,1 d	13,3 b	14,0 b	13,5
Média	0,57 A	0,58 A	0,58 A	0,54 B	0,54	15,61 A	16,1 A	16,14 A	14,35 B	15,5
CV%	5,41	4,50	4,10	6,60	5,46	6,48	6,75	7,78	4,68	6,64
Prob. F-teste	0,0000	0,0000	0,0000	0,0013		0,0251	0,0000	0,0059	0,0003	
Prob. F-teste - Genótipo					0,0000					0,0000
Prob. F-teste - Ambiente					0,0000					0,0000
Prob. F-teste - Interação G x A					0,0603 ^{ns}					0,0191

	Comprimento do pendão principal (cm)					Número de ramificações do Pendão				
	Cubano	22,6 ¹ b	23,7 a	22,4 b	21,2 a	22,5	27,1	25,4 a	25,5 a	17,5
2255A	25,5 a	25,5 a	24,1 a	19,2 b	23,5	21,4	24,5 a	27,8 a	20,2	23,6
741B	27,4 a	23,9 a	21,9 b	20,2 a	23,1	20,7	20,5 b	19,2 b	17,8	19,5
2029A	23,9 a	24,6 a	24,3 a	20,5 a	23,3	18,4	18,1 b	21,0 b	16,9	18,6
319A	26,7 a	24,4 a	24,8 a	22,2 a	24,4	19,2	21,2 b	24,4 a	19,2	21,1
2276A	20,0 b	20,5 b	18,8 b	15,1 c	18,5	21,0	23,7 a	21,4 b	16,2	20,6
2514A	21,4 b	22,9 a	20,8 b	18,4 b	20,8	26,9	23,2 a	25,1 a	18,3	23,1
3000A	25,1 a	24,8 a	23,3 a	22,6 a	23,9	20,5	24,8 a	24,5 a	17,3	21,9
BR401	18,1 b	15,5 c	22,1 b	19,1 b	18,7	20,0	19,2 b	15,4 c	15,9	17,4
Média	21,41 A	22,9 A	22,5 A	19,8 B	22,1	21,68 A	22,3 A	22,7 A	17,7 B	21,0
CV%	11,15	10,39	9,44	9,40	10,08	17,55	12,10	9,31	12,77	12,80
Prob. F-teste	0,0058	0,0000	0,0128	0,0004		ns	0,0046	0,0000	ns	
Prob. F-teste - Genótipo					0,0000					
Prob. F-teste - Ambiente					0,0000					
Prob. F-teste - Interação G x A					0,0066					
	Número de folhas acima da espiga					Prolificidade				
	Cubano	5,9 a	5,8 a	6,0 a	5,9 a	5,9	1,1	1,2 c	1,6	1,2 b
2255A	5,3 b	5,1 b	5,6 b	5,4 c	5,3	1,0	1,1 c	1,7	1,4 a	1,3
741B	5,5 a	5,6 a	5,4 c	5,7 b	5,6	1,0	1,2 c	1,7	1,1 b	1,2
2029A	5,4 b	5,2 b	5,3 c	6,2 a	5,5	1,1	1,3 b	1,6	1,4 a	1,4
319A	5,7 a	5,7 a	5,9 a	6,2 a	5,9	1,1	1,3 b	1,6	1,4 a	1,4
2276A	6,0 a	6,1 a	6,1 a	6,4 a	6,1	1,0	1,1 c	1,6	1,1 b	1,2
2514A	5,8 a	5,6 a	6,1 a	6,1 a	5,9	1,0	1,1 c	1,6	1,3 a	1,3
3000A	5,6 a	5,8 a	5,7 b	5,8 b	5,7	1,1	1,6 a	1,6	1,5 a	1,4
BR401	4,8 c	4,9 b	4,7 d	5,3 c	4,9	1,2	1,4 b	1,4	1,0 b	1,2
Média	5,6 B	5,5 B	5,6 B	5,9 A	5,7	1,08 C	1,25 B	1,6 A	1,23 B	1,3
CV%	4,37	4,72	4,52	4,53	4,51	10,99	8,93	10,54	9,95	10,63
Prob. F-teste	0,0005	0,0000	0,0000	0,0000		ns	ns	ns	0,0000	
Prob. F-teste - Genótipo					0,0000					-
Prob. F-teste - Ambiente					0,0000					-
Prob. F-teste - Interação G x A					0,0111					-

¹Média de quatro repetições; ²L1- Anchieta a 717 metros de altitude; ³L2 – Guaraciaba a 624 metros de altitude; ⁴L3 –Anchieta a 422 metros de altitude; ⁵L4 - Florianópolis – a 5 metros de altitude; ⁶ Média geral do genótipo para os quatro locais; ⁷Média geral dos genótipos por local; ⁸Coefficiente de variação para análise conjunta; ^{ns} Não Significativo à 5% de probabilidade; Médias seguidas pela mesma letra em minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Skott Knott a 5% de probabilidade. Médias seguidas pelas mesmas letras em maiúsculas, nas linhas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

4.5 AGRONÔMICOS

Para CE sem palha, dentre as variedades locais, 3000A, 319A, 2029A e 2255A se sobressaíram com as maiores médias nos quatro ambientes, com 17,0, 16,6, 16,2 e 16,1cm, nesta ordem. A variedade 2276 A apresentou a menor média de CE (10,7cm) no L4, e a variedade BR401 a menor média em L2 (12,8 cm). A variedade Cubano se mostrou mais estável, enquanto as variedades locais apresentaram comportamentos diferenciados, de acordo com o ambiente avaliado (Tabela 11). Em L1 e L4, as variedades apresentaram, em média, menores valores para CE, não havendo diferença significativa entre as médias dos genótipos em L1. Em L2e L3, com exceção das variedades 2514A, 2276A e BR401, as demais mantiveram seus valores nos dois ambientes. A análise conjunta dos experimentos detectou uma interação G x A significativa para CE, com alteração do ranking das variedades locais nos diferentes ambientes (Apêndice F).

Para DE, as variedades 2276A e 319A foram as de maiores médias nos quatro ambientes, com 4,58 e 4,6 cm, respectivamente (Tabela 11). L4 foi o ambiente onde os genótipos apresentaram as menores médias para DE (3,96 cm). As variedades locais apresentaram valores próximos ou superiores aos da variedade Cubano. A BR401 obteve as menores médias em todos os locais, diferenciando-se estatisticamente das demais. As variedades tenderam a não se diferenciar entre os ambientes para DE, com exceção dos genótipos 2514A e 2255A, que elevaram consideravelmente suas médias no L3, e dos genótipos 2029A e BR401, que diminuíram, demonstrando uma interação significativa entre esses genótipos e o ambiente L3 (Apêndice G).

Para NFG, as variedades apresentaram diferenças significativas, mas mantiveram o ranking de acordo com o ambiente, com exceção da variedade BR401, que baixou a média em L3, onde as demais aumentaram a média de NFG (Tabela 11). Os genótipos 319A e 3000A se destacaram com maiores médias de NGF nos quatro ambientes, com 15,0 e 14,5, seguidos pelo genótipo 2514A, com 14,3 fileiras. Ambos não se diferenciaram estatisticamente da variedade Cubano. Entre os ambientes L1 e L3 foram os que apresentaram as melhores médias gerais, com 14,2 e 14,4 fileiras, nesta ordem. Em L4, não foi detectada diferença significativa entre os genótipos para NFG.

Em L2, os genótipos apresentaram um menor NFG, podendo ser consequência da ocorrência de um déficit hídrico no período de diferenciação dos componentes de rendimento, como número de fileiras da espiga, que ocorre nos estádios V8 a V12 das plantas. Este déficit não afetou outros componentes de rendimento, porque o número de óvulos a serem fecundados

e o enchimento de grãos ocorrem somente na fase reprodutiva, a partir de R1 e R2, nesta ordem (Magalhães et al., 2002).

Para NGF, os locais L2 e L3 foram os que apresentaram maiores médias, com 32,1 e 31,7, nesta ordem (Tabela 11). Em L2, a variedade Cubano, 3000 A e 319 A se diferenciaram das demais com médias de 42,2, 38,0 e 35,3 grãos por fileira, nesta ordem. No L3 e L4, as variedades 3000A, 319A, Cubano e 2029A apresentaram melhores médias, com 38,3, 35,1, 34,4 e 34,1, nesta ordem, no L3 e 30,2, 30,8, 27,7 e 30,2, nesta ordem, no L4. Em L1, não foi detectada diferença significativa entre os genótipos para NGF. A análise conjunta detectou interação G x A significativa para NGF. Em L2, o genótipo Cubano apresentou uma média de 42,2 grãos por fileira, enquanto que a média geral nesse ambiente foi de 32,1 grãos. O genótipo 2276A apresentou um menor NGF no L4, 20,1 grãos, enquanto nos demais lugares ficou acima de 27,0.

Os valores descritos na literatura para a cultivar BR401 são de 19 cm para CE (variando de 14 a 23), 4,2 cm para DE (variando de 4,0 a 4,5) e 12 a 16 para NFG (Reifschneider, 1984). Os valores de CE e DE encontrados no presente estudo para a BR401 foram inferiores aos descritos na literatura. Vale ressaltar que a cultivar BR401 não foi desenvolvida para cultivo na região, não sendo adaptada às condições locais. Para a variedade Cubano, os valores descritos são de 21,75 cm para CE, e 15 para NFG (Fornasiere Filho et al., 1988), onde CE é superior ao encontrado nos ensaios do presente estudo (16,8 cm), e NFG fica próximo à média encontrada nos quatro ensaios (14,2 fileiras). Segundo Pereira Filho & Teixeira (2016), para que possam atender tanto as exigências para a indústria, quanto para o consumo *in natura*, o milho doce deve apresentar espigas com comprimento médio de 20 cm e 14 ou mais fileiras. Pereira Filho & Cruz (2002) afirma que cultivares de milho doce devem apresentar espigas de peso igual ou superior a 200g, comprimento de espigas de 20cm, diâmetro maior ou igual a 30mm, número de fileiras de grãos igual a 14 e rendimento maior ou igual a 12 t ha⁻¹. Neste contexto, as variedades locais de milho doce do EOSC encontram-se dentro do exigido no mercado brasileiro.

As variedades locais 2255A, 2029A, 319A e 3000A do presente estudo apresentam valores de CE superiores aos encontrados por Butrón et al. (2008), para genótipos de milho doce sugary1 avaliados na Espanha, onde a média foi de 15,3 cm. Para NFG, estes mesmos autores encontraram valores de 12,4 fileiras, inferiores aos valores das variedades locais do EOSC.

O peso médio das espigas (PE) é a variável mais relacionada a produtividade. Os genótipos avaliados apresentaram diferença estatística para esta característica em todos os

ambientes avaliados, além de uma interação G x A significativa. A variedade 319A e 3000A ficaram entre as melhores, em todos os ambientes, com 173,4 e 171,6 g na média geral. Em L1 e L2, as variedades locais com melhores médias foram a 3000A, 2276A, 319A, 741B e 2029A. As variedades 2255A, 2514A e a cultivar BR401 foram as que apresentaram menores médias em todos os locais. Os genótipos obtiveram melhores resultados em L2 e L3, com exceção da cultivar BR401, em que sua pior performance foi em L3. A variedade 2514A apresentou interação G x A significativa e positiva com o ambiente L3, onde não se diferenciou das melhores médias, enquanto que nos demais ambientes obteve as menores médias (Apêndice H).

Os valores médios para peso de espiga encontrados nos ensaios do EOSC são inferiores aos citados em trabalhos com genótipos de milho doce. Para a variedade Cubano, Fornasiere Filho et al. (1988) citam valores de 380,0 g para PE, e Tanaka *et al.* (1970) estimaram valores médios de 333 g, em experimentos no Cerrado Brasileiro. Entretanto, Pereira Filho & Cruz (2002) afirma que cultivares de milho doce devem apresentar espigas de peso igual ou superior a 200g, o que faz com que as variedades locais de milho doce do EOSC encontrem-se dentro do exigido no mercado brasileiro.

Para a característica DS, os genótipos se diferenciaram em todos os ambientes, com o material da Embrapa (BR401), apresentando os menores diâmetros. Dentre as variedades locais, a variedade 319A apresenta os maiores valores de DS, em todos os locais, seguida pela variedade 2276A. A análise conjunta detectou diferença significativa entre os genótipos, ambientes e interação G x A. A cultivar BR401 apresentou uma diminuição significativa de DS no L4, e as variedades 2514A e 2029A uma diminuição significativa em L2.

A diferença entre o DE e o DS corresponde ao comprimento médio dos grãos (CG). Dentre as variedades locais, a variedade 2276A apresentou as maiores médias, com 2,17 e 2,14 cm, em L1 e L2, nesta ordem. A variedade 2255A, em média, apresentou os menores valores em L2, L3 e L4, ficando com uma média geral de 1,53 cm, nos quatro ambientes. O ambiente L3 foi o local de maior interação dos genótipos com o ambiente, tendo a variedade 2514A se sobressaído neste ambiente, com uma média de 2,18cm, e a variedade 2276A baixando a média para 1,89cm. Em L4, não houve diferença estatística entre os genótipos para CG.

O TP foi calculado pela diferença entre o comprimento da espiga com palha e o comprimento da espiga sem palha, para ter a informação de quando de palha tem acima da espiga e que cobre a espiga, protegendo-a de pragas e doenças. A variedade 2255 A apresentou as maiores médias de TP, em todos os ambientes, com médias acima de 10,0 cm, seguida pela variedade 2514A, com média geral de 9,12 cm (Tabela 11). A variedade 3000A é que apresenta as menores médias, variando de 5,9, no L4, a 7,6 cm, em L1. A interação G x A foi significativa,

com mudança no comportamento dos genótipos. As variedades 2255A e 2514A apresentaram comportamento mais consistente em L1, L2 e L3, enquanto que, em L4, a 2255A aumentou a média de TP e a 2514A diminuiu.

Para DP, estimado através da diferença entre o DE com palha e o DE sem palha, houve diferença significativa entre os genótipos, para o teste de separação de médias, apenas no L3, onde a variedade 2029A, 2276A e 2255A apresentaram maiores médias, com 1,35, 1,3 e 1,18, nesta ordem. A variedade 741B apresentou a menor média, 0,80 cm (Tabela 11).

A sanidade das espigas (SAN) foi avaliada em nota de 1 a 5. L4 foi o ambiente em que os genótipos apresentaram as menores notas, com exceção da cultivar BR401, que apresentou os piores resultados em L1 (Tabela 11). Em média, as variedades 2255A e 2029A foram as que obtiveram melhores notas para sanidade (4,8). Para essa característica, não houve interação G x A significativa, demonstrando que são as condições locais que interferem nas condições de sanidade das espigas. L4 apresentou maior média de temperatura e, possivelmente, maior umidade relativa do ar, fatores ambientais que favorecem as principais doenças que acomete a cultura do milho, ocasionando menor sanidade das espigas.

Para produtividade de espigas com palha (PCP), as variedades 3000A, 319A e 2029A apresentaram os melhores desempenhos, em todos os ambientes, com 15,4, 13,6 e 13,1 t ha⁻¹, em média, nesta ordem. Nos ambientes L2 e L3, as variedades apresentaram as melhores médias, com 13,4 e 13,9 t ha⁻¹, respectivamente (Tabela 11). Luz et al. (2014) encontraram valores variando de 17,12 a 23,96 t ha⁻¹ de espigas com palha para híbridos de milho doce colhidos aos 28 dias após o florescimento feminino. Oliveira Junior et al. (2007) encontraram valores de produtividade de 14,4 t ha⁻¹, de espigas com palha para a variedade H43IN sugary1, colhidas 22 dias após a polinização.

Para produtividade de espigas sem palha (PSP), a variedades 3000 A obteve o melhor desempenho médio, em todos os locais, com uma média para os quatro ambientes de 15,4 t ha⁻¹, ficando com uma média menor que a Cubano apenas em L1 (Tabela 11).

As variedades 741B, 2029A, 319A, 2276A e Cubano não se diferenciaram estatisticamente da 3000A, em L1 e L2, para PSP. No L3, a variedade 3000A se diferenciou estatisticamente das demais, com melhor produtividade de espigas (12,6 t ha⁻¹), enquanto BR401 se diferenciou com a menor média (3,2 t ha⁻¹). Em L4, houve maior variação de desempenho das variedades, onde as 3000A, 319A, 2029A e Cubano se destacaram com médias de 7,6, 7,6, 6,5 e 5,8 t ha⁻¹, de espigas, respectivamente. A variedades locais 2255A e 2276A apresentaram médias de 3,4 e 2,8 t ha⁻¹, diferenciando-se das demais com as menores médias (Apêndice I).

A produtividade média descrita para a cultivar BR401 e Cubano são de 10,0 e 18,75 t ha⁻¹ de espigas (Reifschneider, 1984; Fornasiere Filho et al., 1988), valores superiores aos encontrados no presente estudo. Para a variedade Cubano, Tanaka et al. (1970) encontraram valores médios de 10,5 t ha⁻¹, em experimentos no Cerrado Brasileiro. Oliveira Junior et al. (2007) encontraram valores de produtividade de 14,4 e 7,8 t ha⁻¹ de espigas com palha e sem palha, nesta ordem, para a variedade H43IN sugary1, colhidas 22 dias após a polinização. Pereira et al. (2009) encontraram valores de médias de 11,11 t ha⁻¹, variando de 6,6 a 15,6 t ha⁻¹ de espigas com palha, em híbridos F2 de milho super doce, com rendimento industrial (relação do peso de grãos das espigas padrão) de 31,03%.

Segundo Pereira Filho & Teixeira (2016), para que possam atender tanto as necessidades da indústria de envasamento quanto à produção para uso *in natura*, e ao próprio produtor, o milho doce deve possibilitar o plantio ano todo, com uma produtividade em campo acima de 12 t ha⁻¹.

No presente estudo, a variedade 3000A foi a que apresentou os melhores valores de produção, de 12,5 t ha⁻¹ em L2 e 12,6 t ha⁻¹, no L3. As variedades 319A e 2279A apresentam valores de 10,1 t ha⁻¹ em L2.

Vale ressaltar que, na média geral dos ambientes, os genótipos apresentam as maiores produtividades em L2 (624 m de altitude) e L3 (624 m de altitude), com médias de 8,85 e 8,6 t ha⁻¹, nesta ordem. Nesses locais, cinco das sete variedades locais de milho doce do EOSC apresentaram produtividades médias superiores a 8,0 t ha⁻¹ de espigas. Em geral, o milho cultivado em maiores altitudes tende a um maior número de dias para atingir o pendoamento, aumentando o ciclo e tendo um maior período para o enchimento de grãos, o que proporciona maior produtividade. Entretanto, quando submetido a condições adequadas de manejo, com temperaturas dentro do exigido para a cultura, o milho cultivado em baixas altitudes pode apresentar elevado rendimento de grãos (Argenta et al., 2003).

Os experimentos conduzidos no EOSC, onde no mesmo município (Anchieta) as variedades locais de milho doce foram submetidas a diferentes altitudes de cultivo (422 e 717 m de altitude), demonstraram que as variedades podem apresentar bom desempenho em menores altitudes, desde que as condições de temperatura do ar e precipitação ocorram dentro das exigências da cultura. Assim também ocorreu em L2, a uma altitude de 624 m, onde a temperatura média do ar e a precipitação no período do desenvolvimento das plantas proporcionaram bom desempenho das variedades. Apesar do local L3 ser em menor altitude e apresentar maior temperatura média, esta foi dentro da faixa ótima para o desenvolvimento do milho. Durante o pendoamento, estresse hídrico e temperaturas elevadas acima de 35 °C podem

reduzir drasticamente a produção, o que não ocorreu nos ensaios do EOSC e L4, onde a temperatura média do ar foi abaixo de 25,0 °C.

Foi possível observar que as variedades 2255A, a mais tardia dentre as variedades locais, foi a que apresentou as menores médias de produtividade nos ensaios conduzidos no EOSC. É comum relacionar variedades mais tardias com maiores rendimentos, visto que período vegetativo mais longo, com maior área foliar, permite maior fixação de matéria seca durante o estágio de enchimento de grãos (Lana et al., 2017). No entanto, as plantas ficam mais tempo a campo e com maior probabilidade da ocorrência de um estresse hídrico, o que ocorreu com as variedades tardias de milho doce (2255A e 2514A) no presente estudo. Na fase de enchimento de grãos dessas variedades houve um menor acúmulo de chuva, inferior à média histórica para o local, o que pode ter ocasionado um desempenho inferior das variedades. A indisponibilidade de água no ambiente, especialmente no solo, reduz a fotossíntese, inicialmente, pelo fechamento estomático, seguido da redução de fotoassimilados e menor translocação de fotoassimilados até os grãos (Magalhães et al., 2002).

Klan et al. (2009) estudaram o efeito das diferentes épocas de semeadura no rendimento de variedades crioulas de milho doce e concluíram que a medida que aumenta a temperatura e umidade do ar, acelera o crescimento e desenvolvimento das plantas. Assim, quando semeadas no período de maior temperatura, as variedades apresentaram melhores resultados. Ainda, o rendimento de grãos é resultado dos efeitos da época de semeadura, somado a genética das variedades e sua interação com o ambiente. O mesmo foi observado entre as variedades locais de milho doce do EOSC, a variação na temperatura e as diferenças genéticas entre as variedades ocasionaram diferenças de produtividade e uma interação positiva entre os genótipos e os ambientes.

Tabela 11. Caracteres agrônômicos de espiga¹ das variedades locais de milho doce sugary1, em quatro locais na safra 2017/2018.

Genótipo	L1²	L2³	L3⁴	L4⁵	Média⁶	L1²	L2³	L3⁴	L4⁵	Média⁶
Comprimento de espiga (cm)					Diâmetro de espiga (cm)					
Cubano	16,9 a	17,1 a	17,3 a	15,9 a	16,8	4,44 b	4,60 a	4,53 a	4,07 b	4,41
2255A	15,0 a	16,5 a	17,0 a	15,5 a	16,1	3,49 c	3,94 c	4,10 b	3,57 c	3,79
741B	14,0 a	15,5 b	15,6 b	13,8 b	14,8	4,26 b	4,39 b	4,47 a	3,99 b	4,28
2029A	14,3 a	16,6 a	17,0 a	16,6 a	16,2	4,16 b	4,30 b	4,11 b	4,00 b	4,14
319A	14,6 a	17,7 a	17,0 a	16,6 a	16,6	4,65 a	4,71 a	4,61 a	4,46 a	4,60
2276A	12,2 a	15,3 b	14,3 b	10,7 c	13,2	4,72 a	4,88 a	4,65 a	4,12 b	4,58
2514A	13,3 a	14,5 b	15,7 b	13,6 b	14,4	4,21 b	4,30 b	4,84 a	3,98 b	4,34
3000A	15,1 a	17,1 a	17,6 a	17,7 a	17,0	4,32 b	4,51 b	4,62 a	4,10 b	4,39
BR401	13,9 a	12,8 c	15,2 b	13,5 b	13,9	3,38 c	3,47 d	3,30 c	3,33 c	3,36
Média⁷	14,4 B	15,9 A	16,3 A	14,9 B	15,1	4,18 B	4,34 A	4,36 A	3,96 C	4,21
CV%	7,71	7,00	5,52	8,57	7,34	4,11	5,43	3,81	5,15	4,69
Prob. F-teste	0,0068	0,0000	0,0002	0,0000		0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	
Prob. F-teste - Genótipo					0,000					0,000
Prob. F-teste - Ambiente					0,000					0,000
Prob. F-teste - Interação G x A					0,0024					0,0016
Número de fileiras de grãos					Número de grãos por fileira					
Cubano	14,3 a	14,0 a	15,2 a	13,3	14,2	30,3	42,2 a	34,4 a	27,7 a	33,9
2255A	14,3 a	13,7 a	14,4 a	13,1	13,8	26,5	31,6 b	30,4 b	24,4 b	28,3
741B	14,6 a	13,4 a	14,7 a	13,9	14,1	28,2	31,3 b	30,7 b	25,1 b	28,9
2029A	13,5 b	12,9 b	13,4 b	13,2	13,2	28,0	30,9 b	34,1 a	30,2 a	31,0
319A	14,8 a	14,5 a	16,1 a	14,5	15,0	28,6	35,3 a	35,1 a	30,8 a	32,7
2276A	14,2 a	13,6 a	13,7 b	13,2	13,6	27,0	31,4 b	31,1 b	20,1 b	27,4
2514A	15,1 a	14,0 a	15,2 a	13,2	14,3	26,6	24,5 b	28,2 b	22,7 b	25,4
3000A	14,6 a	14,0 a	15,3 a	14,2	14,5	35,0	38,0 a	38,3 a	30,2 a	35,4
BR401	12,2 c	12,4 b	11,9 c	13,0	12,4	25,2	24,1 b	23,4 c	25,6 b	24,5
Média	14,2 A	13,6 B	14,4 A	13,5 B	13,9	28,38 B	32,1 A	31,7 A	26,3 B	29,7
CV%	4,41	4,14	4,55	5,32	4,66	12,00	19,04	8,70	11,66	13,88
Prob. F-teste	0,0018	0,0006	0,0000	ns		0,093^{ns}	0,0067	0,0000	0,0003	
Prob. F-teste - Genótipo					0,000					0,000
Prob. F-teste - Ambiente					0,000					0,000
Prob. F-teste - Interação G x A					0,0073					0,073

	Diâmetro de sabugo (cm)					Comprimento de grão (cm)				
	Cubano	2,36 b	2,53 a	2,57 a	2,46 a	2,49	2,09 a	2,17 a	1,96 a	1,64
2255A	2,20 c	2,42 b	2,53 a	2,19 a	2,35	1,69 b	1,51 b	1,57 b	1,39	1,53
741B	2,33 b	2,36 b	2,45 a	2,34 a	2,37	1,92 a	2,03 a	2,03 a	1,65	1,91
2029A	2,57 a	2,42 b	2,55 a	2,43 a	2,48	1,59 b	1,88 a	1,56 b	1,58	1,66
319A	2,64 a	2,68 a	2,57 a	2,56 a	2,61	2,01 a	2,03 a	2,04 a	1,90	1,99
2276A	2,56 a	2,73 a	2,75 a	2,40 a	2,61	2,17 a	2,14 a	1,89 a	1,73	1,97
2514A	2,53 a	2,40 b	2,66 a	2,40 a	2,49	1,68 b	1,90 a	2,18 a	1,58	1,84
3000A	2,38 b	2,61 a	2,58 a	2,43 a	2,51	1,95 a	1,90 a	2,05 a	1,68	1,89
BR401	2,09 c	2,10 c	2,02 b	1,66 b	1,96	1,30 c	1,37 b	1,28 c	1,67	1,41
Média	2,41 BC	2,47 AB	2,52 A	2,32 C	2,43	1,82 A	1,88 A	1,84 A	1,64 B	1,79
CV%	4,82	5,13	5,80	5,87	5,86	9,79	10,65	8,78	12,88	10,97
Prob. F-teste	0,0003	0,0000	0,0000	0,0000		0,0004	0,0001	0,0000	ns	
Prob. F-teste - Genótipo					0,000					0,000
Prob. F-teste - Ambiente					0,000					0,000
Prob. F-teste - Interação G x A					0,022					0,000
	Tamanho da palha (cm)					Diâmetro de palha (cm)				
	Cubano	5,9 b	6,5 b	7,5 a	7,2 c	6,84	0,88 a	0,85	1,15 a	0,74
2255A	10,7 a	10,6 a	10,5 a	11,6 a	10,85	1,10 a	1,13	1,18 a	0,64	1,02
741B	6,4 b	7,2 b	8,2 a	9,0 b	7,79	0,77 b	0,68	0,80 c	0,64	0,71
2029A	6,9 b	8,2 b	8,7 a	8,9 b	8,24	1,21 a	0,95	1,35 a	0,88	1,10
319A	9,2 a	7,5 b	8,6 a	8,5 b	8,42	0,97 a	0,93	0,95 b	0,80	0,91
2276A	6,9 b	5,8 b	8,0 a	9,8 b	7,64	1,12 a	1,00	1,30 a	0,67	1,02
2514A	10,0 a	9,7 a	9,5 a	7,6 c	9,12	0,99 a	0,93	0,93 b	0,84	0,92
3000A	7,6 b	6,8 b	6,9 a	5,9 c	6,73	0,92 a	0,88	1,08 b	0,73	0,90
BR401	7,4 b	9,1 a	8,1 a	7,8 c	8,16	0,52 b	0,80	0,39 d	0,52	0,56
Média	7,9	7,9	8,4	8,5	8,20	0,94 AB	0,91 B	1,01 A	0,72 C	0,89
CV%	14,97	14,88	15,29	16,27	15,44	18,32	22,63	13,28	21,24	18,94
Prob. F-teste	0,0011	0,0000	0,0024	0,0004		0,0066	ns	0,0000	0,0644^{ns}	
Prob. F-teste - Genótipo					0,000					0,000
Prob. F-teste - Ambiente					0,060					0,000
Prob. F-teste - Interação G x A					0,0041					0,0035

	Peso de espiga (g)					Sanidade de espiga				
	Cubano	173,4 a	193,6 a	186,6 a	124,4 a	169,2	4,7 a	4,7 a	4,9 a	4,6
2255A	95,5 c	127,6 b	150,3 b	98,3 b	119,4	4,9 a	4,9 a	4,9 a	4,5	4,8
741B	143,0 a	163,9 a	164,0 b	117,0 a	147,3	4,7 a	4,7 a	4,8 a	4,5	4,7
2029A	136,3 a	148,3 b	150,9 b	133,3 a	142,6	4,8 a	4,9 a	4,9 a	4,7	4,8
319A	152,1 a	197,9 a	187,1 a	151,1 a	173,4	4,6 a	4,8 a	4,8 a	4,5	4,6
2276A	147,8 a	186,6 a	166,0 b	83,2 b	145,8	4,7 a	4,7 a	4,8 a	4,6	4,7
2514A	119,9 b	130,4 b	188,5 a	109,4 b	138,2	4,7 a	4,8 a	4,7 a	4,4	4,6
3000A	158,7 a	179,5 a	202,5 a	142,6 a	171,6	4,8 a	4,9 a	4,9 a	4,5	4,7
BR401	76,2 c	86,1 c	70,9 c	90,8 b	81,3	4,1 b	4,3 b	4,4 b	4,2	4,3
Média	133,7 A	157,1 A	163,0 A	116,7 C	143,2	4,7 B	4,7 AB	4,8 A	4,5 B	4,7
CV%	12,75	13,17	14,84	15,89	14,36	3,14	4,43	1,76	5,37	3,75
Prob. F-teste	0,0000	0,0000	0,0000	0,0002		0,0004	0,0106	0,0000	ns	
Prob. F-teste - Genótipo					0,000					0,000
Prob. F-teste - Ambiente					0,000					0,000
Prob. F-teste - Interação G x A					0,000					0,590
	Produtividade com palha (t ha ⁻¹)					Produtividade sem palha (t ha ⁻¹)				
	Cubano	11,9 a	15,0 a	14,1 a	9,6 a	12,7	8,9 a	10,8 a	9,3 b	5,8 a
2255A	8,4 b	13,0 a	14,3 a	8,5 b	11,2	4,6 b	6,7 b	7,7 b	3,4 c	5,7
741B	8,5 b	11,9 b	12,3 a	7,5 b	10,2	7,2 a	8,9 a	8,6 b	5,1 b	7,4
2029A	11,8 a	14,6 a	14,7 a	10,9 a	13,1	7,2 a	9,0 a	8,1 b	6,5 a	7,7
319A	10,4 a	14,9 a	16,2 a	12,1 a	13,6	7,4 a	10,1 a	9,6 b	7,6 a	8,8
2276A	10,5 a	14,9 a	14,3 a	5,0 b	11,2	7,2 a	10,1 a	8,3 b	2,8 c	7,1
2514A	8,9 b	11,2 b	14,7 a	8,0 b	10,8	5,3 b	6,9 b	10,0 b	5,0 b	6,9
3000A	11,7 a	17,9 a	18,9 a	12,3 a	15,4	8,4 a	12,5 a	12,6 a	7,6 a	10,3
BR401	5,4 b	7,4 c	5,31 b	6,6 b	6,2	3,9 b	4,7 b	3,2 c	4,5 b	4,1
Média	9,72 B	13,4 A	13,9 A	8,9 B	11,6	6,67 B	8,85 A	8,60 A	5,38 C	7,4
CV%	19,19	19,25	19,04	18,65	19,51	17,73	17,72	18,41	22,77	19,17
Prob. F-teste	0,0093	0,0006	0,0000	0,0000		0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	
Prob. F-teste - Genótipo					0,000					0,000
Prob. F-teste - Ambiente					0,000					0,000
Prob. F-teste - Interação G x A					0,021					0,0037

¹Média de quatro repetições; ²L1- Anchieta a 717 metros de altitude; ³L2 – Guaraciaba a 624 metros de altitude; ⁴L3 –Anchieta a 422 metros de altitude; ⁵L4 - Florianópolis – a 5 metros de altitude; ⁶ Média geral do genótipo para os quatro locais; ⁷Média geral dos genótipos por local; ⁸Coefficiente de variação para análise conjunta; ^{ns} Não Significativo à 5% de probabilidade; Médias seguidas pela mesma letra em minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Skott Knott a 5% de probabilidade. Médias seguidas pelas mesmas letras em maiúsculas, nas linhas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

4.6 INTERAÇÃO G X A: ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DAS VARIEDADES

As variedades de milho doce do EOSC são conservadas *in situ-on farm* nos municípios de Anchieta e Guaraciaba há uma média de 11 anos (variando de 1 a 50 anos) (Souza, 2015), cultivadas pelas famílias em diferentes altitudes, sob sistemas tradicionais de cultivo, com reduzida utilização de equipamentos agrícolas e limitado consumo de insumos externos, e submetidas à seleção com base na avaliação visual de espigas e grãos (Souza, 2015; Burg et al., 2016). Os municípios de Anchieta e Guaraciaba, detentores de elevada diversidade de cultivos distribuídos por todo o território dos municípios, apresentam grande variação de altitude. Em Anchieta, a altitude varia de 350 a 833 m, e em Guaraciaba, varia de 500 a 750 m.

As variedades locais de milho doce do EOSC são conservadas pelos mantenedores em altitudes que variam de 515 a 833 m. Dentre as variedades de milho doce do EOSC, as variedades 2255A e 2514A são aquelas cultivadas nas maiores altitudes, 833 e 800 m, nesta ordem, e foram identificadas no presente estudo como as mais tardias. Em geral, o milho cultivado em maiores altitudes tende a um maior número de dias para atingir o pendoamento, aumentando o ciclo e tendo um maior período para o enchimento de grãos, o que proporciona uma maior produtividade. No presente trabalho, as variedades tardias (2255A e 2514A), procedentes de altas altitudes, responderam bem as mudanças de ciclo em função da altitude e temperatura, apresentaram suas melhores performances quando cultivadas em L3, local de menor altitude dentre os locais do EOSC.

As variedades mais produtivas, 3000A, 319A, 2029A e 741B são oriundas de altitudes médias, variando de 515 a 693 m. A variedade 3000 A, cultivada pelo mantenedor a uma altitude de 693 m, foi altamente produtiva em L2 (624 m), e L3 (422 m). A variedade 319A e 2029A, cultivada a 648 e 568 m, foram mais produtivas em L2 (624 m).

É possível perceber que os ambientes em que as variedades locais de milho doce foram cultivadas, Extremo Oeste e Litoral de Santa Catarina, influenciaram a expressão da maioria dos caracteres estudados, tanto os fenológicos, quanto os morfológicos e agrônômicos. Ambientes são todos os fatores que afetam o desenvolvimento das plantas, que não sejam de origem genética (Borém & Miranda, 2013). No presente estudo, as diferenças de temperatura do ar, em função da variação de altitudes dos locais, ocasionaram um melhor desempenho das variedades em determinadas altitudes. Entretanto, houve um comportamento diferencial entre as variedades, como por exemplo, alteração no ranking dos genótipos, denominado interação do genótipo x ambiente (G x A). As interações G x A significativas detectadas foram causadas, principalmente, pelo comportamento diferencial das variedades quando submetidas as diferenças de temperatura do ar. Em detectando interações significativas, é possível avaliar

quais genótipos responderem vantajosamente às mudanças do ambiente, e quais mostraram maior estabilidade frente as oscilações ambientais.

Neste contexto, a cultivar BR401 e as variedades 2514A e 2276A apresentaram grande variação da performance, em decorrência dos diferentes ambientes. A variedade 2514A demonstrou comportamento diferencial para CG, DE, NGF, PE e PSP. A variedade 2276A para os caracteres AE, DC, CE, NGF, PCP e PSP. A cultivar BR401 foi a menos estável, não seguindo um padrão de performance para a maioria dos caracteres avaliados. Com relação a PSP, de relevante importância agrônômica, a interação G x A significativa foi causada especificamente pelas variedades 2514A, 2276A e BR401. A variedade 2514A se destacou no L3, com uma média de 10,0 t ha⁻¹, enquanto nos demais ambientes não passou de 6,9 t ha⁻¹. A variedade 2276A obteve o pior resultado no L4, com uma média de 2,8 t ha⁻¹, enquanto que, nos demais ambientes, produziu acima de 7 t ha⁻¹. A cultivar BR401 variou entre os ambientes, com média de 4,5 e 4,7 t ha⁻¹, no L4 e L2, e de 3,2 e 3,9 t ha⁻¹, no L3 e L1.

Por outro lado, as variedades locais 2255A, 319A, 3000A, 2029A, 741B e a variedade Cubano mostraram-se estáveis nos diferentes ambientes para os caracteres fenológicos EM, FM e FF, morfológicos CE, DE, AE e AP, e agrônômicos PE, PCP e PSP, não alterando o significativamente o ranking nos diferentes ambientes.

Importante salientar que a estabilidade só é interessante quando vem associada a uma boa produtividade. A variedade 2029A e 3000A são aquelas que se apresentam mais estáveis nos diferentes ambientes, no quesito relacionado a produtividade de espigas, enquanto a variedade 2514A se mostrou adaptada ao local L3, de menor altitude. Dentre as variedades locais, o genótipo 3000A e 319A apresentaram melhores médias no L4, com potencial para cultivo no litoral, na linha de milhos especiais na forma de milho verde.

A estabilidade de comportamento de uma variedade refere-se a sua capacidade de apresentar-se altamente previsível mesmo com as variações ambientais (Borém & Miranda, 2013). Por outro lado, adaptabilidade refere-se a sua capacidade de aproveitar vantajosamente as variações do ambiente. Considerando que tanto a estabilidade quanto a adaptabilidade dependem da constituição genética dos genótipos, variedades locais, consideradas populações heterogêneas, com grande variabilidade genética, são menos sujeitos a alterações do ambiente, em comparação com populações homogêneas, conferindo as variedades locais maior adaptação e estabilidade frente as mudanças nos diferentes ambientes (Borém & Miranda, 2013; Machado et al., 2008b). Ainda, Allard e Bradshaw (1964) afirmam que populações heterozigóticas e heterogêneas parecem oferecer maior oportunidade para a produção de cultivares que mostram

pequena interação G x A. Características agronômicas podem contribuir para maior ou menor estabilidade das populações, como por exemplo a prolificidade em milho (Prior & Russel 1975).

Aas análises conjuntas, para caracteres morfológicos e agronômicos, considerando os três ambientes do EOSC detectaram interações significativas apenas para CPP, NRP, PL, CE, DE, DP, CG e PE (Apêndice J), e quando a cultivar BR401 é retirada da análise, a interação G x A é significativa apenas para PL e DE (Apêndice K).

A análise conjunta dos três ensaios conduzidos no EOSC, contento todos os nove tratamentos, demonstrou que não houve diferença entre os ambientes para os caracteres: PRE, DC, CPP, NPP, NRP, NF, CG e TP. Interessante ressaltar ainda que a análise apenas dos três ambientes do EOSC, à medida que a altitude diminui, aumenta a média de alguns caracteres, como AP (Figura 6) e PE (Figura 7).

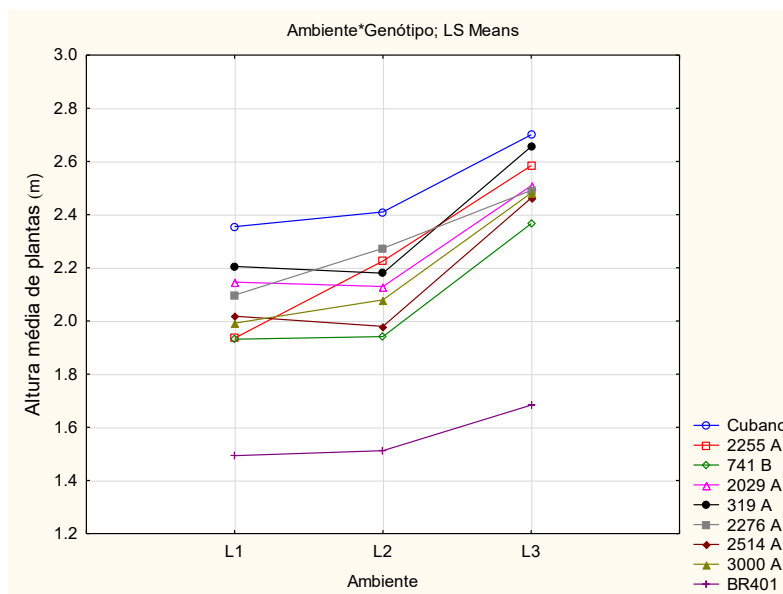
Os resultados da análise conjunta dos três ensaios conduzidos no EOSC apontam que as variedades locais não apresentaram interações significativas nos ambientes do EOSC, especialmente para caracteres relacionados a produtividade, como CE, PE, CG, PCP e PSP. Para produtividade de espigas sem palha, as variedades Cubano, 2276 A, 2029 A, 741 B e 319 A se apresentam como mais estáveis nos três locais (Figura 8). A variedade 3000 A apresentou uma performance de produção elevada em L2 e L3, superior às demais, se mostrando muito adaptada a estes ambientes de menores altitudes dentre os locais do EOSC (Figura 8). Para DE, as variedades 2276A, 319A, Cubano A, 3000A, 741B foram estáveis nos três ambientes, enquanto as variedades 2514A, 2029A, 2255A e BR401, oscilaram seus resultados em cada ambiente (Figura 9).

Os dados indicam que as variedades locais de milho doce se diferenciam como sendo variedades mais estáveis e algumas mais adaptadas ao EOSC. Em um cenário de mudanças climáticas, com redução da precipitação e aumento das temperaturas em algumas regiões, o aumento da frequência, intensidade e duração das ondas de calor pode acarretar em modificações no rendimento do milho e colocar em risco os sistemas agrícolas (Battisti et al., 2009; Gornall et al., 2010; Hall & Richards, 2013). Diante disso, variedades locais apresentam uma maior estabilidade de produção.

Estudos recentes comprovam tal afirmação. Lana et al. (2017) utilizaram cenários sintéticos de mudanças climáticas e concluíram que a população local MPA01, derivada de um programa participativo de melhoramento genético e projetada para o cultivo em sistemas agroecológicos, apresentou a maior estabilidade de produção e menor probabilidade de redução de rendimento sob diferentes cenários de temperatura e precipitação, quando comparada ao híbrido AS1548 e à variedade de polinização aberta Fortuna da Epagri. Segundo Lana et al.

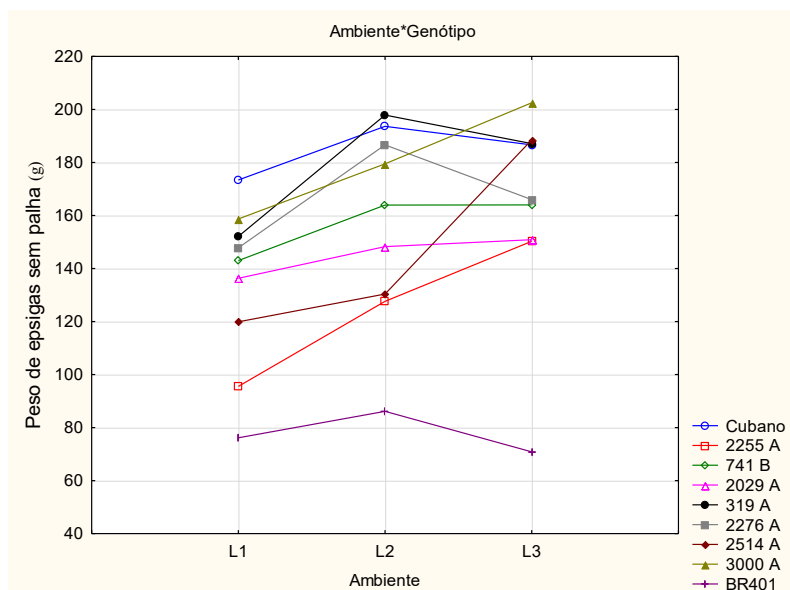
(2017), a resposta da variedade MPA1, em partes, é devido ao período vegetativo mais longo, com maior área foliar, o que, por sua vez, permite não apenas maior fixação de matéria seca durante o estágio de enchimento de grãos, mas também aumenta a evapotranspiração e o risco de estresse hídrico, caso ocorra falta alguma estiagem ao final do ciclo. No entanto, mesmo com ocorrência de estresse hídrico durante o período vegetativo, a planta ainda tem a possibilidade de recuperar-se. Como a população local MPA01 é uma variedade de polinização aberta desenvolvida localmente, pode-se supor que o conjunto de características que se adapta bem à região estudada foi, indiretamente e eventualmente, inconscientemente selecionado pelos agricultores durante o processo de melhoramento participativo. O mesmo pode estar ocorrendo com as variedades de milho doce conservadas *in situ-on farm* no EOSC, que se apresentam com elevado potencial produtivo e estabilidade e adaptação aos agroecossistemas locais.

Figura 6: Gráfico da análise conjunta para altura média de plantas para três ensaios de variedades de milho doce no Extremo Oeste de SC, Safra 2017/2018.



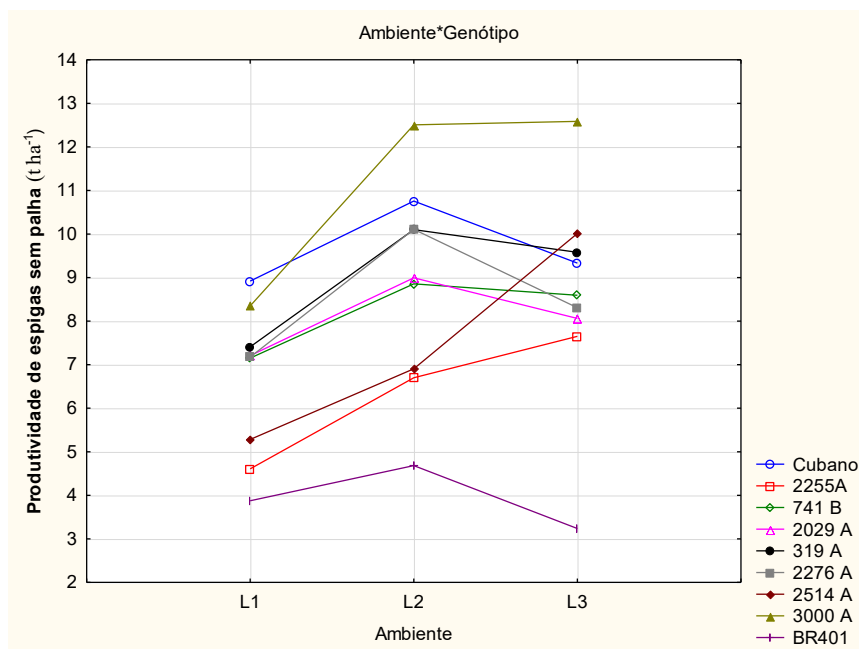
Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,000; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,225; Média Geral: 2,2 m; CV%: 6,1%;

Figura 7: Gráfico da análise conjunta para peso de espigas sem palha para três ensaios de variedades de milho doce no Extremo Oeste de SC, Safra 2017/2018.



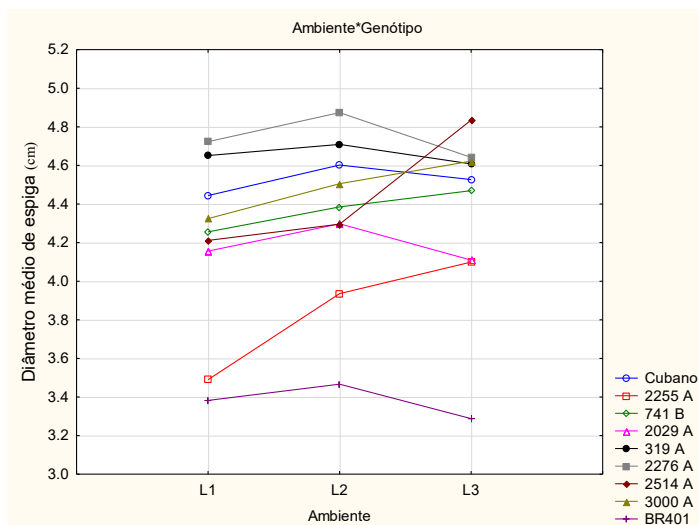
Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,000; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,045; Média Geral: 152,8 g; CV%: 13,9%.

Figura 8: Gráfico da análise conjunta para produtividade de espigas sem palha para três ensaios de variedades de milho doce no Extremo Oeste de SC, Safra 2017/2018.



Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,000; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,159; Média Geral: 8,2 t ha⁻¹; CV%: 18,2%;

Figura 9: Gráfico da análise conjunta para diâmetro de espigas sem palha para três ensaios de variedades de milho doce no Extremo Oeste de SC, Safra 2017/2018.



Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,002; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,006; Média Geral: 4,3 cm; CV%: 4,2%;

4.7 INDICAÇÕES DE MELHORAMENTO

Os genótipos de milho doce estudados são denominados variedades locais, nunca submetidas a um processo de melhoramento formal, apenas ao manejo de seleção do agricultor mantenedor. Os materiais locais, manejados e selecionados pelos agricultores por um longo período de tempo, adquirem características próprias, tornando-se geneticamente diversificadas, localmente adaptadas e associadas aos agroecossistemas onde são conservadas (Zeven, 1998; Teshome et al., 1997). Tais características tornam esse germoplasma local uma importante fonte de variabilidade genética para os programas de melhoramento, sobretudo de milhos doces, cujo número de acessos conservados em bancos de germoplasma é baixo no país.

As variedades locais de milho doce, conservadas a uma média de 11 anos no microcentro de diversidade de *Zea mays* L. do EOSC são conservação *in situ-on farm*, e apresentam com potencial agrônômico, adaptativo e de mercado para o consumo *in natura* ou em conserva. Todavia, tal diversidade encontra-se sob fortes riscos de erosão genética (Souza, 2015) e apresentam variabilidade entre e dentro, passíveis de seleção em programas de melhoramento genético com enfoque participativo.

Diante dos resultados encontrados, faz-se necessário desenhar um modelo de seleção diferenciada, que atenda às demandas dos agricultores do EOSC, e que consiga explorar a variabilidade genética entre e dentro das variedades, ao mesmo tempo em que permita que as variedades mantenham sua ampla adaptação.

Duas estratégias de melhoramento podem ser sugeridas, considerando a realidade encontrada para as variedades locais de milho doce do EOSC. A primeira linha de trabalho seria focar na seleção recorrente a partir de variedades individuais, por meio de um processo cíclico de seleção recorrente intrapopulacional. Para tanto, deveriam ser priorizadas variedades portadoras de potencial agrônômico, fenológico, bioquímico e adaptativo, para verificar a variabilidade genética disponível para a seleção. Para essa finalidade, as variedades 3000A e 319A se destacam como promissoras, podendo servir de base dentro deste contexto de melhoramento, por apresentarem bom desempenho agrônômico, nos diferentes ambientes do EOSC, além de outras características, como altura de planta, diâmetro de colmo, diâmetro e comprimento de espiga, número de fileiras e número de grãos por fileira, e se mostrando mais estáveis e adaptadas ao EOSC que as demais variedades.

Uma segunda linha de melhoramento, visando fornecer ao programa maior variabilidade potencial para a seleção, é a formação de populações compostas, a partir do estudo dos híbridos intervarietais, bem como o potencial desses híbridos como produto final. Populações compostas são definidas aquelas obtidas por intercruzamento e recombinação de duas ou mais variedades de polinização aberta (Lonnquist, 1961). Os compostos têm sido amplamente utilizados como populações reprodutoras, pois espera-se uma maior variabilidade genética disponível se as populações de diferentes origens são combinadas. Neste cenário, recomenda-se para combinação entre si em esquema dialélico as variedades 319A, 2029A, 741B, 2514A, 2276A e 2255A. O cruzamento intervarietal possibilita a análise da capacidade de combinação entre as variedades de elevado desempenho agrônômico e adaptativo, frente aos estresses bióticos e abióticos (Hallauer et al., 2010; Cruz e Regazzi, 2001). Além dos híbridos intervarietais apresentarem adaptação diferenciada a distintos ambientes, o que mantém a diversidade genética em cultivo e assegura a conservação *in situ-on farm* de valiosas combinações alélicas (Munarini, 2013).

Vale ressaltar que o desenvolvimento de um programa de melhoramento participativo deve visar não apenas o desenvolvimento de variedades melhoradas ou a formação de novos compostos, mas principalmente ações de difusão desses materiais junto aos agricultores, com intuito de fortalecer a conservação *in situ-on farm* e diminuir os processos de erosão genética. O cruzamento entre variedades locais é uma estratégia que permite o melhoramento de caracteres importantes em variedades de milho doce, ao passo que garante conservar a variabilidade, formando novos compostos e não afunilando ainda mais a base genética de milho doce no país.

5.0 CONCLUSÕES

As variedades locais de milho doce sugary1 procedentes do EOSC apresentam potencial genético para o melhoramento participativo voltado para os agricultores desta região.

Os ambientes em que as variedades foram cultivadas, Extremo Oeste e Litoral de Santa Catarina, influenciaram na expressão da maioria dos caracteres estudados, tanto os fenológicos, quanto os morfológicos e agronômicos, especialmente pelas diferenças de temperatura entre locais, apresentando os melhores resultados quando cultivadas nas maiores temperaturas do EOSC, altitudes de 422 e 624 m.

Os resultados da análise conjunta dos três ensaios conduzidos no EOSC apontam que as variedades locais não apresentaram interações significativas nos ambientes do EOSC, especialmente para caracteres relacionados a produtividade, como CE, PE, CG, PCP e PSP. As variedades locais 2255A, 319A, 3000A, 2029A, 741B e a variedade Cubano mostraram-se estáveis nos diferentes ambientes para os caracteres fenológicos EM, FM e FF, morfológicos CE, DE, AE e AP, e agronômicos PE, PCP e PSP, não alterando o ranking nos diferentes ambientes.

Todas as variedades estudadas apresentaram potencial para o melhoramento. As variedades 3000A e 319A se destacaram para um programa de melhoramento intrapopulacional, por apresentarem bom desempenho agronômico, nos diferentes ambientes do EOSC, além de outras características, como altura de planta, diâmetro de colmo, diâmetro e comprimento de espiga, número de fileiras e número de grãos por fileira, e se mostrando mais estáveis e adaptadas ao EOSC que as demais variedades. Enquanto as variedades 2029A, 741B, 2514A, 2276A, e 2255A se destacam como promissoras em programas de melhoramento visando obter uma maior variabilidade potencial para a seleção, como a formação de populações compostas, a partir do estudo dos híbridos intervarietais, a partir de ensaios dialélicos.

6.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. **Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding.** *Crop science*, 4(5), 503-508, 1964.
- ALMEKINDERS, C. J. M.; LOUWAARS N. P. **Farmers' seed production: new approaches and practices.** Intermediate Technology Publications, London, 1999.
- ALVES, A.C., et al. **Milho crioulo: rendimento de grãos e características agronômicas.** IN: CANCI, A.; VOGT, G.A.; CANCI, I.J. A diversidade das espécies crioulas em Anchieta-SC. Editora Gráfica McLee Ltda., São Miguel do Oeste-SC, 2004, p.87-94.
- ALVIM, K. R.T., et al. **Quantificação da área foliar e efeito da desfolha em componentes de produção de milho.** *Ciência Rural*, v. 40, n. 5, 2010.
- ARAÚJO, A.V., et al. **Desempenho agrônomo de variedades crioulas e híbridos de milhocultivados em diferentes sistemas de manejo.** *Revista Ciência Agronômica*, v. 44, n. 4, p. 885 –892, 2013.
- ARAÚJO, P.M.; NASS, L.L. **Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo.** *Scientia Agrícola*, v.59, p.589-593, 2002.
- ARGENTA, G., et al., **Potencial de rendimento de grãos de milho em dois ambientes e cinco sistemas de produção.** *Scientia Agraria*, Curitiba, v. 4, n. 1-2, p.27-34, 2003.
- ARNOLD, C. Y. **The determination and significance of the base temperature in a linear heat unit system.** *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Geneva, v. 74, n. 1, p. 430-445, 1959.
- BALBINOT, A. A. Jr., et al. **Características de plantas, acamamento e quebra do colmo em variedades de polinização aberta de milho.** Reunião técnica catarinense de milho e feijão. Resumo expandido. Lages, CAV UDESC, p.160-164, 2003.
- BARBANO, M. T., et al. **Temperatura-base e acúmulo térmico no subperíodo semeadura-florescimento masculino em cultivares de milho no Estado de São Paulo.** *Revista Brasileira de Agrometeorologia*, Santa Maria, v. 9, n. 2, p. 261-268, 2001.
- BARBIERI, V.H., et al. **Produtividade e rendimento industrial de híbridos de milho doce em função de espaçamento e populações de plantas.** *Hortic. Bras.*, Brasília, v.23, n.3, 2005.
- BATTISTI, D. S.; NAYLOR, R. L. **Historical Warnings of Future Food Insecurity with Unprecedented Seasonal Heat.** *Science*, 323(5911), 240–244. doi:10.1126/science.1164363, 2009.
- BEAVIS, W. D., et al. **Quantitative trait loci for plant height in four maize populations and their associations with qualitative genetic loci.** *Theor. Appl. Genet.* 83. 141-145, 1991.
- BENOIT, G.R.; OLNES, A.; VAN SICKLE, K.A. **Day-night temperature effects on leaf expansion and height of field-grown corn.** *Agron. J.* 82:690–695, 1990.
- BOEF, W. S.; PINHEIRO, S. L. G. **Um novo profissional na pesquisa de desenvolvimento agrícola participativo.** 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, p. 68 – 77, 2007.
- BOLANOS, J.; EDMEADES, G. O. **The importance of the anthesis-silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize.** *Field Crops Research*, v. 48, n. 1, p. 65-80, 1996.

- BORDALLO, P. D. N., et al. **Análise dialéctica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agrônômicos e proteína total.** Horticultura Brasileira, 23(1), 123-127. 2005.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Melhoramento de plantas. 6ª edição. Viçosa: Editora UFV, 523p. 2013.
- BRASIL (2018). Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Registro Nacional de Cultivares - RNC/** Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. – Brasília. Disponível em: http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php. Acesso em: Maio de 2018.
- BURG, I. C., et al. **Saberes tradicionais sobre as formas de armazenamento de sementes crioulas conservadas on farm na região oeste de Santa Catarina.** Cadernos Agroecológicos, v. 10, p. 1, 2016.
- BUTRÓN A., et al. **Agronomic performance of sweetcorn populations derived from crosses between sweetcorn and field corn.** Journal of Agricultural Research 6: 378: 384. Doi: 10.5424/sjar/2008063-330, 2008.
- CAMACHO, R. G.; GARRIDO, O.; LIMA, M. G. **Caracterización de nueve genótipos de maíz (Zea mays L.) en relación a área foliar y coeficiente de extinción de luz.** Scientia Agricola, v. 52, n. 2, p. 294-298, 1995.
- CANCI, A.; CANCI, I. J. **Resgate, Uso e Produção de Sementes Crioulas de milho em Anchieta.** In: Boef, W. S., Thijssen M. H., Ogliari J. B., Stapit B.R. (ed). Biodiversidade e agricultores: fortalecendo o manejo comunitário. Porto Alegre. RS: L&PM, p.219-226, 2007.
- CIRILO, A.G.; F.H. ANDRADE. **Sowing date and maize productivity: I. Crop growth and dry matter partitioning.** Crop Sci. 34:1039–1043, 1994.
- CRUZ C.D.; REGAZZI AJ. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed. rev. Viçosa: UFV. 390p, 2001.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 648 p. 2001.
- DEMÉTRIO, C. S., et al. **Performance of maize hybrids submitted to different row spacing and population densities.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 43, n. 12, p. 1691-1697, 2008.
- DOUGLAS, S.K.; JUVIK, J.A.; SPLITTSTOESSER, W.E. **Sweet corn seedling emergence and variation in kernel carbohydrate reserves.** Seed Science and Technology, Zürich, v.21, n.3, p.433- 445, 1993.
- DWYER, L.M., et al. Assessing corn seedbed condition for emergence. Can. J. Soil Sci. 80:53–61, 2000.
- FISCHER, K. S.; EDMEADES, G. O.; JOHNSON, E. C. **Recurrent Selection for Reduced Tassel Branch Number and Reduced Leaf Area Density above the Ear in Tropical Maize Populations 1.** Crop science, v. 27, n. 6, p. 1150-1156, 1987.
- FONSECA, D. J.; PARIZOTTO, C.; MERGENER, R. A. **Cultivo agroecológico de cinco variedades de polinização aberta de milho no município de Campos Novos, SC.** Unoesc & Ciência, Joaçaba, v. 6, n. 1, p.19-24, 2015.
- FORNASIERE FILHO, D.F.; CASTELLANE, P.D.; DECARO, S. **Competição de cultivares de milho doce na região de Jaboticabal.** Rev. Horticultura Brasileira. v.6, NR 1. p. 20-22, 1988.

GAMA, E.E.G.; PARENTONI, S.N.; REIFSCHNEIDER, F.J.B. **Origem e importância do milho doce**. In: Empresa Agropecuária Brasileira. A cultura do milho doce. Sete Lagoas. (Circular Técnica, 18). p.5- 34, 1992.

GARCIA, A. G., et al. **Impact of planting date and hybrid on early growth of sweet corn**. Agronomy journal, v. 101, n. 1, p. 193-200, 2009.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B.; VENCOSKY, R. **Estimation of genetic parameters of tassel characters in maize (*Zea mays* L.) and breeding perspectives**. Relatório Científico-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Inst. de Genética (Brazil). no. 11., 1978.

GONÇALVES, G. M. B. **Caracterização e divergência genética de variedades crioulas de milho pipoca conservadas por agricultores do Oeste de Santa Catarina**. Universidade Federal de Santa Catarina. Dissertação (Mestrado), Florianópolis. p. 141, 2016.

GORNALL, J., et al. **Implications of climate change for agricultural productivity in the early twenty-first century**. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences. doi:10.1098/rstb.2010.0158, 2010.

HALL A. J.; RICHARDS R. A. **Prognosis for genetic improvement of yield potential and water-limited yield of major grain crops**. Field Crops Research. 143:18–33. doi:10.1016/j.fcr.2012.05.014, 2013.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**, New York, p. 531, 2010.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - **Censo 2010**. Disponível em: <http://www.censo2010.ibge.gov.br/>. Acesso em: jan. de 2015.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Censo agropecuário 2017: Número de estabelecimentos agropecuários e quantidade produzida, por produtos da horticultura**. Disponível em < <https://www.ibge.gov.br/estatisticas-novoportal/economicas/agricultura-e-pecuaria/21814-2017-censo-agropecuaria.html?=&t=resultados>> Acesso em: Março de 2019.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Pesquisa Industrial Anual**. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/estatisticas-novoportal/economicas/industria/9044-pesquisa-industrial-anual-produto.html?=&t=resultados>>. Acesso em: Março de 2019.

IBPGR. **Descriptors for Maize**. International Maize and Wheat Improvement Center, Mexico City/International Board for Plant Genetic Resources, Rome, 1991.

KAMARA, A. Y., et al. **Agronomic performance of maize cultivars representing three decades of breeding in the Guinea Savanas of West and Central Africa**. Journal of Agricultural Science. v.142, p.567-575, 2004.

KHAN, Z. H., et al. **Phenology and yield of sweet corn landraces influenced by planting dates**. Sarhad J. Agric, 25(2), 153-157.2009.

KIST, V., et al. **Genetic potential analysis of a maize population from Southern Brazil by modified convergent-divergent selection scheme**. Euphytica, v.176, p.25-36, 2010.

KIST, V., et al. **Genetic variability for carotenoid content of grains in a composite maize population**, Sci. Agric. v.71, n.6, p.480-487, November/December 2014.

KWIATKOWSKI, A.; CLEMENTE, E.; SCAPIM, C. A. **Agronomic traits and chemical composition of single hybrids of sweet corn**. Horticultura Brasileira, 29(4), 531-536, 2011.

LAMBERT, R. J.; JOHNSON, R. R. **Leaf Angle, Tassel Morphology, and the Performance of Maize Hybrids 1**. Crop Science, v. 18, n. 3, p. 499-502, 1978.

LANA, M. A., et al. **Yield stability and lower susceptibility to abiotic stresses of improved open-pollinated and hybrid maize cultivars**. Agronomy for Sustainable Development, 37(4), 30, 2017.

LIZASO, J. I., et al. **Developing a sweet corn simulation model to predict fresh market yield and quality of ears**. Journal of the American Society for Horticultural Science, v. 132, n. 3, p. 415-422, 2007.

LONNQUIST, J.H., et al. **Convergent- Divergent Selection for Area Improvement in Mize**. Crop Science, v.19, n.5, p. 602-604, 1979.

LUZ, J. M. Q., et al. **Produtividade de genótipos de milho doce e milho verde em função de intervalos de colheita**. Horticultura Brasileira, 32(2), 2014.

MACHADO, A. T.. **Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo**. Revista Brasileira de Agroecologia, v. 9, p. 35, 2014.

MACHADO, A. T.; Nass, L.L.; PACHECO, C. P. . Cruzamentos intervarietais de milho avaliados em esquema dialélico parcial. Revista Brasileira de Milho e Sorgo (Impresso), v. 7, p. 291-304, 2008b.

MACHADO, A. T.; SANTILLI, J. ; MAGALHAES, R. . **A agrobiodiversidade com enfoque agroecológico: implicações conceituais e jurídicas**. Texto para Discussão (Brasília), Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, DF, v 34, p. 1-98, 2008a.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; PAIVA, E. **Fisiologia da planta do milho**. Circular Técnica n. 20. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária: Sete Lagoas, MG. EMBRAPA, 1995.

MAGALHAES, P. C., et al. **Fisiologia do milho**. Sete Lagoas: Embrapa milho e Sorgo, Circular Técnica 22, 2002.

MAPA - Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento. **Descritores mínimos de milho (*Zea mays* L.)**. Sistema de proteção de cultivares. Publicado no Diário Oficial da União em 05/11/1997.

MASSIGNAM, A.M.; PANDOLFO, C. **Estimativa das médias das temperaturas máximas, médias e mínimas do ar decendiais e anuais no Estado de Santa Catarina**. Florianópolis: EPAGRI, 2006a. 26p. EPAGRI. Documentos, 224.

MUNARINI, A. **Avaliação de híbridos intervarietais de milho em sistemas de produção camponesa de Santa Catarina**. Universidade Federal de Santa Catarina, Dissertação (Mestrado).106P. Florianópolis, 2013.

OGLIARI, J.B.; ALVES, A.C. **Manejo e uso de variedades de milho como estratégia de conservação em Anchieta**. In: Boef, W. S.; Thijssen, M. H.; Ogliari, J. B.; Sthapit, B. (Eds.) Biodiversidade e Agricultores: Fortalecendo o manejo comunitário. Porto Alegre: L&PM. p.226-234, 2007.

OLIVEIRA JÚNIOR, L. F. G., et al. **Diferenças fisiológicas entre genótipos de milho doce (su-1) e milho comum durante o desenvolvimento**. Scientia Agraria, 8(4), 351-356., 2007.

PEDROTTI, A., et al. **Parâmetros de produção do milho-doce em sistemas de cultivo e sucessão de culturas no Tabuleiro Costeiro Sergipano**. In: Seminário de Pesquisa FAP-SE, Sergipe. Anais... Sergipe: FAP, 2003.

- PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C. **Cultivares de milho para o consumo verde**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, Circular Técnica 15, 2002.
- PEREIRA FILHO, I. A.; TEIXEIRA, F. F. (Ed.) **O cultivo de milho-doce**. Brasília, DF: Embrapa, 298 p., 2016.
- PEREIRA, A.F., et al. **Caracteres agronômicos e nutricionais de genótipos de milho doce**. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 25, n. 1, p. 104-112, Jan./Feb. 2009.
- PINTO, T. T., et al. **O arroz de sequeiro e a segurança alimentar de famílias rurais do Extremo Oeste de Santa Catarina**. *Agropecuária Catarinense*, v. 31, p. 44-49-49, 2018.
- PINTO, T. T.; OGLIARI, J.B.; MAGHELLY, O.R.; **Phenotypic characterization of dryland rice (*Oryza sativa* L.) germplasm conserved in situ (on farm) in a crop-diversity microcenter in southern Brazil**. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 66, p. 415-427, 2019.
- PRIOR, C. L.; RUSSELL, W. A. **Stability of yield performance of prolific and monprolific maize hybrids**. *IOWA State J. Res.*, v. 50 p17-27, 1975.
- REIFSCHNEIDER, F.J.B.; GAMA, E.E.G.; REIS, N.V.B. **Milhos-doces: Super doce (BR 400), Doce-de-ouro (BR 401) e Doce cristal (BR 402)**. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.2, n.2, p.53-54, 1984.
- RITCHIE, S. W.; HANWAY, J. J.; BENSON, G. O. **Como a planta de milho se desenvolve**. *Informações agronômicas*, v. 103, p. 1-19, 2003.
- SANGOI, L., et al. **Desempenho de híbridos de milho com ciclos contrastantes em função da desfolha e da população de plantas**. *Scientia Agrícola*. v.58, n.2, p.271-276, 2001.
- SANGOI, L., et al. **Bases morfo-fisiológicas para a maior tolerância dos híbridos modernos de milho a altas densidades de plantas**. *Bragantia*, Campinas, v. 61, n. 2, p. 101-110, 2002.
- 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*, v.30, p.683-686, 1995.
- SCHNEIDER, E.C., S.C. GUPTA. **Corn emergence as influenced by soil temperature, matric potential and aggregate size distribution**. *Soil Sci. Soc. Am. J.* 49:415–422, 1985.
- SELEDES, R. M., et al. **Caracterização fenotípica de milho pipoca conservado in situ on farm no Extremo Oeste de Santa Catarina**. *Agropecuária Catarinense*, v. 1, p. 1, 2019.
- SHERIDAN, W. F. **Maize developmental genetics: genes of morphogenesis**. *Annu. Rev. Genet.* 22. 353-385, 1988.
- SILVEIRA, D. C., et al. **Caracterização agromorfológica de variedades de milho crioulo (*Zea mays* L.) Na região noroeste do Rio Grande do Sul**. *Ciência & Tecnologia*, 1(1), 01-11, 2015.
- SOUZA, R. de. **Diversidade de variedades crioulas de milho doce e adocicado conservadas por agricultores do oeste de Santa Catarina**. Universidade Federal de SANTA CATARINA, DISSERTAÇÃO (MESTRADO). 136P. FLORIANÓPOLIS. 2015.
- SOUZA, R., et al. **Divulgação e discussão de pesquisas científicas para a valorização da agrobiodiversidade e do conhecimento tradicional da agricultura familiar do Extremo Oeste Catarinense: Experiências do I ENAOC**. *Cadernos Agroecológicos*, v. 13, p. 8, 2018.

- SOUZA, R., et al. **Origem e tempo de cultivo de variedades crioulas de milho doce e adocicado no Oeste de Santa Catarina.** Anais do 10º Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe, v. 10. p. 142-142, 2015.
- STONE, P.J.; SORENSEN, I.B.; JAMIESON, P.D. **Effect of soil temperature on phenology, canopy development, biomass and yield of maize in a cool-temperate climate.** Field Crops Research, Hastings, v.63, p.169-178, 1999.
- SZOKE, C., et al. **Inheritance of Plant and Ear Height in Maize (*Zea Mays* L.).** Acta Agraria Debreceniensis, v. 8, p. 34–38, 2002.
- TANAKA, T., et al. **Competição de variedades de milho doce em solos de cerrado.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, 5(1), 163-166, 1970.
- TEIXEIRA, F. F.; COSTA, F. M. **Caracterização de recursos genéticos de milho.** Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 10 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Com.Téc. 185), 2010.
- TEIXEIRA, F. F., et al. **Pré melhoramento do milho.** In: LOPES, M. A., et al. (Ed.). **Pré-melhoramento de plantas.** Brasília, DF: Embrapa Inf. Tecnológica, p. 571-614, 2011.
- TEIXEIRA, F.F., et al. **Melhoramento do Milho-Doce.** Documento 154, 32 p. Embrapa Milho e Sorgo Sete Lagoas, MG, 2013.
- TEIXEIRA, F.F., et al. **Avaliação da capacidade de combinação entre linhagens de milho doce.** Ciênc. agrotec., Lavras, v.25, n.3, p.483-488, 2001.
- TESHOME, A., et al. **Sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) landrace variation and classification in North Shewa and South Welo, Ethiopia.** Euphytica . 1997.
- TRACY W.F. Sweet corn. In: Hallauer, A.R. **Specialty corn.** Boca Raton, p.155-198, 2001.
- TROYER, A. F.; LARKINS, J. R. **Selection for early flowering in corn: 10 late synthetics.** Crop Sci. 25. 695-697, 1985.
- UHART, S. A.; ANDRADE, F. H. **Nitrogen and carbon acumulation and remobilization during grain filling in maize under different source/sink ratios.** Crop Science. v.35, p.183-190, 1995.
- USDA. United States Department Agriculture. U. S. **Sweet corn statistics.** New York, 2015. Disponível em: <<http://usda.mannlib.cornell.edu/MannUsda/viewDocumentInfo.do?documentID=1564>>. Acesso em: Maio de 2016.
- VIDAL, R. A. **Diversidade das populações locais de milho de Anchieta e Guaraciaba, Oeste de Santa Catarina: múltiplas abordagens para sua compreensão.** Universidade Federal de Santa Catarina. Tese (Doutorado), Florianópolis. p. 195, 2016.
- VILELA, H. H., et al. **Características agronômicas do milho em diferentes estádios de maturação.** Rev. B. Industr. Anim. Nova Odessa, v. 65, n. 2, p. 123-130, abr-jun, 2008.
- WEISMANN, M. **Fases de desenvolvimento da cultura do milho.** Tecnologia e Produção: Milho Safrinha e Culturas de Inverno – 2008. Disponível em:<<http://atividaderural.com.br/artigos/4fb3e56aa8c56.pdf>>. Acesso em: Janeiro de 2019.
- WILLIAMS, M.M.; LINDQUIST. II, J.L. **Influence of planting date and weed interference on sweet corn growth and development.** Agron. J. 99:1066–1072, 2007.
- ZAIDI, P.H., et al. **Tolerance to excess moisture in maize (*Zea mays* L.): Susceptible crop stages and identification of tolerant genotypes.** Field Crops Res. 90:189–202, 2004.

ZEVEN, A. C. **Landraces: a review of definitions and classifications.** Euphytica. Holanda, 104, p. 127-139, 1998.

ZHANG, S., et al. **Water use efficiency of dryland maize in the Loess Plateau of China in response to crop management.** Field Crops Research, 163, 55-63, 2014.

CAPÍTULO IV

POTENCIAL GENÉTICO DE HÍBRIDOS INTERVARIETAIS F1'S ENTRE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO DOCE PORTADORES DO GENÓTIPO *SUISUI*

1.0 RESUMO

O melhoramento de milho doce no Brasil se encontra baseado no desenvolvimento de híbridos, com base genética estreita. Entretanto, novas variedades locais, portadoras do genótipo *su/su1* para o fenótipo doce, foram identificadas no microcentro de diversidade do gênero *Zea*, no EOSC. O objetivo do presente trabalho foi avaliar o potencial genético de combinação de seis variedades de milho doce sugary1, cinco delas conservados *in situ-on farm* no EOSC, para os caracteres fenológicos, morfológicos e agronômicos. Os híbridos intervarietais foram avaliados por meio do método de dialelo completo (método II de Griffing), contendo 15 híbridos F1's e seis progenitores, totalizando 21 tratamentos. Os ensaios de avaliação foram conduzidos em dois ambientes, no delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. As análises estatísticas identificaram diferenças entre tratamentos para a maior parte dos caracteres, nos dois ambientes. Os resultados das análises dialélicas individuais e conjunta e a magnitude dos quadrados médios associados a CGC e CEC denotam a existência de variabilidade, resultante da ação de efeitos aditivos e não-aditivos para a maioria dos caracteres avaliados. A análise dos desdobramentos dos efeitos da CGC e CEC permite inferir sobre potencial das variedades locais de milho doce para melhoramento de características fenológicas, morfológicas e agronômicas. Dentre os genótipos estudados, 741B e 2276A apresentaram estimativas negativas de \hat{g}_i , favoráveis à seleção para diminuição do ciclo vegetativo das variedades locais do EOSC. A variedade 741B exibe estimativas favoráveis para a diminuição da altura média de plantas e aumento do diâmetro médio. As variedades 319A, 2276A e Cubano se destacaram com estimativas de \hat{g}_i positivas para os caracteres relacionados ao aumento da produtividade. A combinação 2276 A x 319A se destacou com melhores resultados para produtividade ($10,0 \text{ t ha}^{-1}$) e diâmetro de colmo (16,8 mm), e uma altura média de 2,29 m. Para os compostos envolvendo três genitores, a combinação 741B x 2276A x 319A, apresentou elevada produtividade ($9,9 \text{ t ha}^{-1}$) e diâmetro de colmo (17,1 mm), e uma altura média de 2,27 m. As variedades locais de milho doce sugary1 do EOSC apresentam potencial genético de combinação para os caracteres fenológicos, morfológicos, e agronômicos com importância para o melhoramento, podendo ampliar a variabilidade genética deste tipo de milho e estimular o uso regional das variedades de milho doce conservadas *in situ-on farm* no EOSC.

Palavras-chave: *Zea mays* L., milhos especiais, híbridos intervarietais, variedades locais, dialélico completo.

2.0 INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético de milho doce no Brasil são constituídos basicamente por materiais introduzidos de outros países ou materiais oriundos de cruzamento de linhagens dentadas derivadas dos programas nacionais de melhoramento de milho comum (Teixeira et al., 2013). Com isso, poucas cultivares nacionais estão disponíveis no mercado, sendo o comércio de sementes baseado, em sua maioria, em híbridos. Tal fato é resultado, como já mencionado no capítulo I, da estreita base genética de milho doce, que poderá impedir, a curto prazo, avanços dos programas de melhoramento genético, impossibilitando o desenvolvimento de novas cultivares e ocasionando uma dependência brasileira de sementes de empresas internacionais.

O melhoramento genético do milho doce pode ser resumido em duas formas de ações: introduzir o caráter doce (monogênico recessivo) de uma fonte genética qualquer em um material de endosperma normal comercialmente já utilizado, ou submeter um germoplasma doce a um programa de melhoramento de rotina (Parentoni et al., 1990, Bordallo et al. 2005, Butrón et al., 2008). Os programas de melhoramento de milho doce no Brasil utilizam como base genética, em sua maioria, um milho doce, possuidor do gene mutante para o fenótipo doce, e um milho comum, como doador de características agronômicas. Santos et al. (2014) estudaram o desempenho agrônomico de genótipos de milho super doce retrocruzados com variedades de milho comum adaptadas a região Norte Fluminense. Bordallo et al. (2005) avaliaram seis caracteres de interesse agrônomico e industrial, em esquema dialélico, envolvendo genótipos de milho doce e comum.

Dentro do contexto do melhoramento de milho, é usual a avaliação de cruzamentos dialélicos, os quais compõem um conjunto de híbridos resultante do acasalamento de um grupo de genitores (Cruz & Regazzi, 2001), com a finalidade de desenvolver populações melhoradas de milho. Esquemas de cruzamentos dialélicos podem ser obtidos tanto a partir de linhas puras, quanto de variedades de base genética ampla, possibilitando inferir sobre os tipos de ação gênica existentes, a ação dos genes envolvidos em caracteres de importância, bem como o potencial heterótico e as capacidades geral e específica de combinação entre genótipos (Hallauer et al., 2010). Além disso, a análise dialélica intervartietal permite estimar o potencial de populações para melhoramento intrapopulacional ou para formação de compostos, bem como realizar a predição dos compostos e estimar os componentes da heterose (Destro & Montalván, 1999).

O uso de híbridos intervartietais, utilizados primeiramente por Beal (1880) para milho, constitui importante subsídio na obtenção de compostos, escolha de populações para o

melhoramento e, até mesmo, para a exploração comercial de híbridos intervarietais (Destro & Montalván, 1999, Machado et al., 2008b). Segundo Machado et al. (2008b), muitas das variedades de milho estabelecidas atualmente foram sintetizadas a partir de cruzamentos intervarietais de milho.

Em milho doce, o uso de cruzamentos dialélicos vêm sendo utilizado por diversos pesquisadores, tanto para cruzamentos entre linhagens, como cruzamentos intervarietais (Bordallo et al., 2005; Teixeira et al., 2001; Scapim et al., 1996; Lemos et al., 2002; Parentoni et al., 1991; Paiva, 2014). Bordallo et al. (2005) investigaram a capacidade combinatória, o efeito recíproco, envolvendo genótipos de milho doce e comum, para a avaliação de caracteres de interesse agrônômico e teor de proteína. Scapim et al. (1996) fizeram uso de cruzamentos dialélicos para analisar caracteres de produção e teor de açúcares em sete variedades de milho doce (su1). Teixeira et al. (2001) utilizaram o esquema dialélico entre famílias S3 de milho doce (*bt*) para o estudo da herança do peso de espigas, encontrando a predominância dos efeitos aditivos, o que levou à indicação do uso de compostos, visando o melhoramento intrapopulacional.

Diferentes metodologias permitem estimar os parâmetros úteis para a seleção de genitores, visando a hibridação e o entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres (Hallauer et al., 2010, Cruz & Regazzi, 2001). Pela metodologia de Griffing (1956), a mais difundida e utilizada, são estimados os efeitos e as somas de quadrados de efeitos da capacidade geral e específica de combinação. Esta metodologia é classificada em quatro métodos experimentais, de acordo com a inclusão ou não dos genitores e dos híbridos F_{1s} recíprocos (Hallauer et al., 2010, Cruz & Regazzi, 2001), seja por meio de linhagens bem como de variedades de polinização aberta como genitores.

Os efeitos gênicos associados a capacidade geral de combinação são mais relevantes para programas de melhoramento de variedades, enquanto os efeitos associados a capacidade específica de combinação apresentam maior relevância em programas de desenvolvimento de híbridos (Nass et al., 2000). Rojas & Sprague (1952) compararam as estimativas das variâncias associadas às CGC e CEC, para rendimento e sua interação com locais e anos. Eles enfatizaram que a variância do CEC inclui não apenas os desvios não-aditivos, devido à dominância e epistasia, mas também uma porção considerável da interação genótipo x ambiente.

Com a identificação de variedades locais de milho doce no EOSC, portadoras do genótipo *sugary1* (vide capítulo I), uma alternativa viável de desenvolvimento de um programa de melhoramento genético participativo, que contribua com o fornecimento de novos materiais para o cultivo no país, é a realização de estudos dialélicos envolvendo híbridos intervarietais

entre as variedades locais mantenedoras do mesmo gene para o fenótipo doce. Assim, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o potencial genético de combinação de seis variedades de milho doce sugary1, cinco delas conservados *in situ-on farm* no EOSC, para os caracteres fenológicos, morfológicos, e agrônômicos com importância para o milho doce.

3.0 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL VEGETAL

Foram utilizadas como material básico para os cruzamentos dialélicos cinco variedades locais de milho doce de genótipo *sulsul* (identificado no capítulo I) e um acesso BAG Milho da Embrapa (Tabela 12) portador do mesmo genótipo *sulsul* (mutante sugary1). As variedades locais foram coletadas em estabelecimentos rurais de agricultores familiares do extremo oeste de Santa Catarina e conservadas *ex situ*, no banco de germoplasma do Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade – NEABio da Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC.

Tabela 12. Variedades de milho doce sugary1 - cinco variedades locais e uma variedade do BAG Milho - Identificação da variedade (IDV), nome, procedência, altitude de origem (m), tempo de cultivo (TC) e genótipo.

Nº	IDV	Nome	Procedência	Altitude	TC	Genótipo
1	Cubano	Cubano	Embrapa	-	-	<i>sulsul</i>
2	2255A	Doce Branco	Anchieta	833	12	<i>sulsul</i>
3	741B	Branco	Guaraciaba	515	2	<i>sulsul</i>
4	2276A	Doce	Anchieta	607	6	<i>sulsul</i>
5	2029A	Doce	Anchieta	568	6	<i>sulsul</i>
6	319A	Comum	Guaraciaba	648	8	<i>sulsul</i>

Para obtenção dos híbridos intervarietais (F1's), foram realizados cruzamentos entre as variedades de milho doce, seguindo o esquema de dialelo completo. Para tal, seis campos de cruzamentos foram conduzidos, durante o primeiro semestre de 2017, na Fazenda Experimental da Ressacada, em Florianópolis, com isolamento espacial, em distância e com barreiras vegetais, de outras lavouras de milho. Em cada área, apenas uma variedade foi doadora de pólen (variedade masculina) e as demais foram doadoras de óvulos (variedades femininas). As fileiras masculinas foram semeadas em duas épocas, visando coincidir a liberação do pólen com a emissão dos estilos-estigmas das espigas das variedades femininas. Na fase do florescimento masculino, antes da abertura das anteras, as fileiras contendo variedades receptoras de pólen (doadoras de óvulos) foram despendoadas, para que as espigas recebessem pólen apenas das fileiras masculinas. Ao final do ciclo, as espigas das variedades despendoadas foram colhidas

e debulhadas, compondo as sementes dos híbridos intervarietais F1's. Os cruzamentos obtidos estão relatados na Tabela 13.

Tabela 13. Cruzamentos dialélicos completo entre seis variedades de milho doce, portadoras do genótipo *su/su*.

♀	♂	Cubano (1)	2255A (2)	741B (3)	2276A (4)	2029A (5)	319A (6)
Cubano (1)		Y₁₁ *	Y ₁₂	Y ₁₃	Y ₁₄	Y ₁₅	Y ₁₆
2255A (2)			Y₂₂	Y ₂₃	Y ₂₄	Y ₂₅	Y ₂₆
741B (3)				Y₃₃	Y ₃₄	Y ₃₅	Y ₃₆
2276A (4)					Y₄₄	Y ₄₅	Y ₄₆
2029A (5)						Y₅₅	Y ₅₆
319A (6)							Y₆₆

* Y_{ij}, se i=j intercruzamento entre plantas da mesma variedade, se i≠j, cruzamento entre plantas de diferentes variedades.

Com base no esquema de dialelo completo, foram constituídos 21 tratamentos para a etapa experimental, sendo seis variedades progenitoras de polinização aberta (um acesso do BAG Milho da Embrapa e seis variedades locais do EOOSC) e 15 híbridos intervarietais F1's (Tabela 14).

Tabela 14. Tratamentos: seis variedades doce sugary1 parentais (cinco variedades locais e uma variedade do BAG Milho) e os respectivos híbridos intervarietais F1's.

Nº	Nome genitor/Combinação	Nº	Nome genitor/Combinação
1	Cubano	12	741B
2	Cubano x 2255A	13	741B x 2276A
3	Cubano x 741B	14	741B x 2029A
4	Cubano x 2276A	15	741B x 319A
5	Cubano x 2029A	16	2276A
6	Cubano x 319A	17	2276A x 2029A
7	2255A	18	2276A x 319A
8	2255A x 741B	19	2029A
9	2255A x 2276A	20	2029A x 319A
10	2255A x 2029A	21	319A
11	2255A x 319A		

3.2 ENSAIOS DE AVALIAÇÃO

Dois experimentos foram conduzidos, na sabra agrícola 2017/2018, em unidades de produção familiar, nos municípios de origem das variedades locais (Anchieta – L1 e Guaraciaba - L2), em parceria com as famílias dos agricultores e organizações locais parceiras do NEABio/UFSC. O experimento de ANC foi conduzido na propriedade da família de Deogênio e Mônica Alberton, na Linha São José, a uma altitude de 717 metros acima do nível do mar

(L1). O experimento de L2 foi conduzido na propriedade da família de Ricardo e Letícia Scalco, na Linha Indiozinho, a uma altitude de 624 metros acima do nível do mar (L2). Ambos os municípios, estão localizados na mesorregião do oeste e microrregião do extremo oeste de Santa Catarina (IBGE, 2010). Essa região possui clima mesotérmico úmido (Cfa de Köppen), temperatura média anual de 17,8 °C, precipitação pluviométrica anual em torno de 1.700 a 2.000 mm e a vegetação pertence ao Bioma Mata Atlântica (IBGE, 2010).

Em ambos os locais, os 21 tratamentos foram avaliados no delineamento experimental de blocos completos casualizados com três repetições. A unidade experimental foi constituída por duas fileiras de 4,0 metros lineares de comprimento, espaçadas 1,0 metros entre si e 0,20 metros entre plantas, definindo assim uma densidade de 50.000 plantas ha⁻¹. A área útil da parcela foi de 2,0 m², constituída pelas cinco plantas centrais de cada fileira. Os ensaios foram implantados entre os dias 24 e 25 de outubro de 2017.

O manejo dos experimentos foi efetuado de acordo com sistema orgânico. A fertilização foi efetuada por meio da incorporação de esterco orgânico granulado de peru, segundo as necessidades indicadas pela análise de solo de cada local. O esterco de peru foi aplicado e incorporado ao solo anteriormente a semeadura. A adubação de cobertura foi realizada com composto líquido orgânico, desenvolvido na propriedade da família do Sr. Larinei e Roselei Wille. A abertura dos sulcos, a semeadura e o controle de plantas espontâneas foram realizados manualmente, nos dois locais.

A avaliação das variedades genitoras e dos híbridos intervarietais foi realizada com base nos descritores mínimos do MAPA (1997), IBPGR (1991) e no trabalho desenvolvido por Teixeira & Costa (2010), além de caracteres específicos do milho doce, avaliados na fase de milho-verde (Tabela 15).

Tabela 15. Relação das abreviaturas, denominações e etapa de avaliação de cada variável.

Abreviaturas	Variáveis	Etapa de Avaliação
Caracteres Fenológicos		
EM	Número de dias da sementeira a emergência	Avaliados quando 50% ou mais da
FM	Número de dias da emergência ao florescimento masculino	fileira central da parcela
FF	Número de dias da emergência ao florescimento feminino	encontrarem-se nas etapas correspondentes.
Caracteres Morfológicos		
AE	Altura da inserção da espiga principal (m)	Avaliados em uma amostra
AP	Altura da planta (solo até a folha bandeira) (m)	aleatória de 10 plantas da parcela
PRE	Posição relativa da espiga (AE/AP)	útil, quando as plantas se
DC	Diâmetro do colmo (mm)	encontravam no estágio fenológico
NRP	Número de ramificações do pendão	de grão leitoso
Caracteres Agronômicos		
CE	Comprimento da espiga sem palha (cm)	Avaliados em uma amostra de 10
DE	Diâmetro da espiga sem palha (cm)	espigas das plantas avaliadas para
NFG	Número de fileiras de grãos por espiga	os caracteres morfológicos,
CG	Comprimento do grão (cm)	colhidas no estágio de grão leitoso.
PE	Peso médio da espiga se palha (g)	
CP	Produtividade de espigas com palha (t ha ⁻¹)	Total de espigas da parcela útil.
PSP	Produtividade de espigas sem palha (t ha ⁻¹)	

3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Os dados foram submetidos a verificação dos pressupostos da análise de variância, sendo aplicado o teste de Lilliefors, para testar a homogeneidade de variâncias, pelo programa GENES (Cruz, 2001). Após teste de homogeneidade, os dados foram submetidos à análise de variância individual (sem desdobramento do efeito de tratamentos), por ambiente, considerando o modelo estatístico-matemático: $Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ijk}$, onde: Y_{ij} é a observação do i -ésimo tratamento ($i = 1, 2, \dots, 21$) do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, 3$), onde μ é igual a média geral; t_i é o efeito do i -ésimo tratamento, cujo efeito é fixo, com $E(t_i) = t_i$, $E(t_i^2) = t_i^2$; b_j é o efeito do j -ésimo blocos, suposto aleatório, com distribuição normal e independentemente distribuído com média zero e variância $\sigma^2 b$, ou seja, $b_j \cap NID(0, \sigma^2 b)$; $E(b_j) = 0$, $E(b_j^2) = \sigma^2 b$; e_{ij} é efeito do erro experimental suposto aleatório, com distribuição normal e independentemente distribuído com média constante e variância σ^2 , com $E(t_i) = t_i$, $E(b_j) = b_j$, $E(t_i^2) = t_i^2$, e $\sum t_i = 0$; ou seja, $e_{ij} \cap NID(0, \sigma^2)$; $E(e_{ij}) = 0$, $E(e_{ij}^2) = \sigma^2$. As variáveis que apresentaram diferenças significativas entre tratamentos, ao

nível de significância de 5% de probabilidade ($\alpha = 0,05$) pelo teste F, foram submetidas ao teste de Skott Knott ao mesmo nível de significância.

O desdobramento do efeito dos tratamentos, em capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC), foi realizado considerando o esquema dialélico completo, de acordo com a metodologia proposta por Griffing (1956), seguindo o Método II para o dialelo completo entre seis variedades, incluindo híbridos F1's e os progenitores, mas sem os híbridos recíprocos. A análise dialélica individual, por local, seguiu o modelo estatístico dado por: $Y_{ijk} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + b_k + e_{ijk}$, em que: Y_{ijk} = valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) ou do progenitor ($i=j$); μ = média geral dos tratamentos; g_i e g_j = efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo ou j -ésimo progenitor ($i, j = 1, 2 \dots 6$); s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os progenitores de ordem i e j ; b_k é o efeito do k -ésimo blocos, suposto aleatório; e_{ijk} = erro experimental médio associado a observação de ordem ijk .

A análise dialélica conjunta, para dois locais, seguiu o modelo estatístico dado por: $Y_{ijkl} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + l_z + l_{giz} + l_{g_jz} + l_{s_{ijz}} + b_{k(z)} + e_{ijkl}$, em que: Y_{ijkl} = valor médio a combinação híbrida ($i \neq j$) ou do progenitor ($i=j$); μ = média geral dos tratamentos; g_i e g_j = efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo ou j -ésimo progenitor ($i, j = 1, 2 \dots 6$); s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os progenitores de ordem i e j ; l_z = efeito do ambiente (1, 2); l_{giz} e l_{g_jz} = efeitos da interação da capacidade geral de combinação dos progenitores i e j com o z i -ésimo ambiente; $l_{s_{ijz}}$ = efeitos da interação da capacidade específica de combinação dos progenitores i e j com o z i -ésimo ambiente; $b_{k(z)}$ é o efeito de blocos dentro de ambientes, e e_{ijkl} = erro experimental médio associado a observação de ordem $ijkl$.

Os componentes quadráticos dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{G}_i), considerados fixos, foram obtidos pelas fórmulas: $\Phi g = \frac{QMG - QMR}{(p+2)r}$, para análise individual, e $\Phi g = \frac{QMG - QMR}{(p+2)rl}$, para a análise conjunta, em que: QMG é o quadrado médio da capacidade geral de combinação; QMR é quadrado médio do resíduo; p é o número de progenitores, r o número de repetições, e l o número de locais.

Os componentes quadráticos dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{S}_i), considerados fixos, foram obtidos pela fórmula: $\Phi Si = \frac{QMS - QMR}{r}$, para análise individual, e $\Phi Si = \frac{QMS - QMR}{rl}$, para análise conjunta, em que: QMS é o quadrado médio da capacidade

específica de combinação; QMR é quadrado médio do resíduo; p é o número de progenitores, r o número de repetições, e l o número de locais (Cruz e Regazzi, 2001).

As estimativas \hat{g}_i associadas aos efeitos da capacidade geral de combinação, foram obtidas pela fórmula: $\hat{g}_{ij} = \frac{1}{p+2} [Y_{ii} + Y_{i.} - \frac{2}{p} Y_{..}]$, em que: p é o número de progenitores; Y_{ij} é a média do genitor, quando $i = j$; $Y_{i.}$ é o somatório das combinações do progenitor i com os demais progenitores; e $Y_{..}$ é o somatório total das combinações ij.

As estimativas \hat{s}_{ij} associadas aos efeitos da capacidade específica de combinação foram obtidas pela fórmula: $\hat{s}_{ij} = Y_{ij} - \frac{1}{p+2} [Y_{ii} + Y_{jj} + Y_{i.} + Y_{.j}] + \frac{2}{(p+1)(p+2)} Y_{..}$, em que: p é o número de progenitores; Y_{ij} é a média do genitor, quando $i = j$; ou do híbrido, quando $i \neq j$; $Y_{i.}$ é o somatório das combinações do progenitor i; $Y_{.j}$ é o somatório das combinações do progenitor j; e $Y_{..}$ é o somatório total das combinações ij (Cruz e Regazzi, 2001).

Os valores preditos (VP) para os compostos foram estimados para compostos Tipo A x B (VP_2) com dois genitores, tipo A x B x C (VP_3) com três genitores, e tipo A x B x C x D (VP_4) com quatro genitores, dados pelas fórmulas:

$$VP_2 = \frac{Y_{ii} + Y_{ij} + 2Y_{ij}}{4},$$

$$VP_3 = \frac{Y_{ii} + Y_{ij} + Y_{kk} + 2(Y_{ik} + Y_{ij} + Y_{jk})}{9},$$

$$VP_4 = \frac{Y_{ii} + Y_{ij} + Y_{kk} + Y_{mm} + 2(Y_{ij} + Y_{ik} + Y_{im} + Y_{jk} + Y_{jm} + Y_{km})}{16},$$

onde: Y_{ij} é a média do genitor, quando $i = j$, ou do híbrido, quando $i \neq j$, da variável selecionada. Os valores preditos foram realizados no programa computacional GENES (Cruz, 2001).

4.0 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 RESULTADOS INICIAIS

Para os caracteres AP, DC, CE, NFG, CG, PE, PCP e PSC, os resultados dos efeitos da análise de variância dialélica estão apresentados de forma individual, por ambiente (Tabela 16), e conjunta, para dois ambientes (Tabela 17). Para os demais caracteres, estão apresentados apenas os resultados da análise dialélica conjunta (Tabela 17). As estimativas associadas a CGC (\hat{g}_i) e CEC (\hat{s}_{ij}) encontram-se nas Tabelas 18 e 19. Para os caracteres que não apresentaram interação com os ambientes, as estimativas de \hat{g}_i e \hat{s}_{ij} foram discutidas a partir da média dos dois ambientes. As médias dos tratamentos, nível de significância pelo teste F, e os respectivos coeficientes de variação experimental da análise de variância individual estão apresentados nas Tabelas 20, 21 e 22.

Os coeficientes de variação referentes as análises de variância foram abaixo de 15,5%, sendo que a maior parte foi inferior a 10,0%. Coeficientes de variação inferiores a 20% estão dentro dos limites aceitáveis para a experimentação agrícola (Scapim, et. al., 1995).

A análise dialélica, individual e conjunta, identificou diferenças significativas pelo teste F ($p \leq 0,5$) para os genótipos e as estimativas dos efeitos da CGC e CEC, conforme o Método II de Griffing (1956), para a maioria dos caracteres estudados (Tabela 16, Tabela 17).

Na análise dialélica individual, a CGC das variedades não diferiram entre si pelo teste F ($p \leq 0,05$) para as variáveis AP, PCP e PSP, em L2, assim como as CEC não diferiram para EM, AP, DC e NRP, em L1, e para FM, FF, AE, AP, PRE, DC, NRP, CE, e PCP, em L2.

Na análise dialélica conjunta, os efeitos de genótipos e CGC não foram significativos para os caracteres AP, DC, PCP e PSP. Para os efeitos de CEC, estes não foram significativos para AP, DC, NRP, CE, NFG, CG, PE, PCP e PSP. Com relação aos efeitos da interação genótipos x ambientes (G x A), diferenças significativas foram identificadas para CE, DE, NFG, CG, PE, PCP e PSP; a interação CGC x ambiente (CGC x A) foi significativa para AP, DE, PE e PCP; e a interação CEC x ambiente (CEC x A) foi significativa para CE, NFG, CG, PE, PCP e PSP (Tabela 17).

Tabela 16. Estimativa dos quadrados médios da análise dialélica individual para oito caracteres de híbridos intervarietais de variedades de milho doce sugary1 avaliados em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), Santa Catarina, 2017/2018.

FV	GL	Caracteres avaliados ¹															
		AP		DC		CE		NFG		CG		PE		PCP		PSP	
		L1	L2	L1	L2	L1	L2	L1	L2	L1	L2	L1	L2	L1	L2	L1	L2
Genótipo	20	0,10 ^{ns}	0,06*	1,93*	3,56*	4,59**	2,23**	1,62**	1,51**	0,16**	0,079**	2148,4**	1416,1**	11,93**	5,25 ^{ns}	7,83**	3,58*
CGC ²	5	0,16*	0,07 ^{ns}	3,58**	5,85*	9,77**	4,54**	3,07**	3,01**	0,42**	0,158**	4196,8**	2813,2**	20,45**	4,28 ^{ns}	13,29**	3,91 ^{ns}
CEC ³	15	0,08 ^{ns}	0,05 ^{ns}	1,38 ^{ns}	2,79 ^{ns}	2,86**	1,46 ^{ns}	1,14**	1,01*	0,07*	0,053*	1465,6**	950,3**	9,10**	5,57 ^{ns}	6,00**	3,48*
Resíduo	40	0,06	0,03	0,93	1,71	1,07	0,90	0,48	0,50	0,03	0,027	398,2	374,5	2,30	3,93	1,12	1,8
Média		2,24	2,36	16,19	16,8	14,9	17,0	14,4	13,8	1,98	2,09	157,2	192,1	11,4	15,6	8,0	10,6
CV%		10,8	7,25	6,0	7,8	7,0	5,6	4,8	5,1	8,8	7,9	12,7	10,1	13,2	12,7	13,2	12,7
Componentes ⁴	\hat{G}_i	0,004	0,002	0,111	0,172	0,031	0,015	0,11	0,10	0,016	0,005	158,3	101,6	0,76	0,01	0,51	0,09
	\hat{S}_{ij}	0,007	0,007	0,151	0,360	0,026	0,014	0,22	0,17	0,014	0,009	355,8	191,9	2,27	0,55	1,63	0,56

¹ Caracteres Avaliados: AP - altura de planta (m); DC- Diâmetro do colmo (mm); CE – comprimento da espiga (cm); NFG – Número de fileiras de grãos por espiga; CG – comprimento do grão (cm); PE – Peso médio da espiga (g); PCP – Produtividade de espigas com palha (t ha⁻¹); PSP – Produtividade de espigas sem palha (t ha⁻¹); ² CGC – Capacidade Geral de Combinação; ³ CEC - Capacidade Específica de Combinação; ⁴ Componentes quadráticos associados a capacidade geral de combinação e da capacidade específica de combinação; *, ** - Significativo ao nível de 5% e 1% probabilidade pelo Teste F, respectivamente; ns: não significativo.

Tabela 17. Estimativas dos quadrados médios da análise dialélica conjunta para caracteres fenológicos, morfológicos e agrônômicos de híbridos intervarietais de variedades de milho doce sugary1 avaliados em Anchieta e Guaraciaba, Santa Catarina, 2017/2018.

FV	GL	Caracteres Avaliados ¹							
		EM	FM	FF	AE	AP	PRE	DC	NRP
Genótipo	20	1,40**	71,6**	69,5**	0,057**	0,100 ^{ns}	0,005**	3,26 ^{ns}	28,90*
CGC ²	5	1,88*	239,9**	202,4**	0,127*	0,132 ^{ns}	0,015**	7,44 ^{ns}	83,35*
CEC ³	15	1,24**	15,6**	25,3**	0,033*	0,089 ^{ns}	0,002**	1,87 ^{ns}	10,75 ^{ns}
Ambiente	1	6,67**	380,6**	843,5**	0,468**	0,490**	0,006**	12,92**	0,00 ^{ns}
Gen x Amb	20	0,22 ^{ns}	3,44 ^{ns}	4,83 ^{ns}	0,016 ^{ns}	0,057 ^{ns}	0,001 ^{ns}	2,23 ^{ns}	11,35 ^{ns}
CGC x Amb	5	0,29 ^{ns}	1,0 ^{ns}	4,78 ^{ns}	0,023 ^{ns}	0,101*	0,00 ^{ns}	2,00 ^{ns}	14,63 ^{ns}
CEC x Amb	15	0,20 ^{ns}	4,26 ^{ns}	4,84 ^{ns}	0,013 ^{ns}	0,042 ^{ns}	0,001 ^{ns}	2,30 ^{ns}	10,25 ^{ns}
Resíduo	80	0,22	4,2	5,50	0,0156	0,044	0,0007	1,32	10,18
Média		8,4	75,0	80,0	1,36	2,30	0,59	16,51	22,4
CV%		5,5	2,75	2,93	9,2	9,1	4,5	6,97	14,22
Componentes ⁴	Ĝi	0,035	4,91	4,10	0,002	0,002	0,0003	0,127	1,524
	Ŝij	0,171	1,89	3,30	0,003	0,008	0,0002	0,092	0,095

FV	GL	Caracteres Avaliados ¹						
		CE	DE	NFG	CG	PE	PCP	PSP
Genótipo	20	4,89*	0,376**	2,18*	0,187**	2486,8*	9,31 ^{ns}	7,37 ^{ns}
CGC	5	13,23**	1,074*	5,58**	0,538**	5929,6*	15,67 ^{ns}	13,99 ^{ns}
CEC	15	2,11 ^{ns}	0,144*	1,05 ^{ns}	0,070 ^{ns}	1339,2 ^{ns}	7,19 ^{ns}	5,17 ^{ns}
Ambiente	1	137,45**	1,238**	13,15**	0,365**	38334,2**	532,47**	210,66**
Gen x Amb	20	1,93*	0,064*	0,95*	0,050*	1077,7**	7,88**	4,04**
CGC x Amb	5	1,09 ^{ns}	0,111*	0,50 ^{ns}	0,035 ^{ns}	1080,5*	9,07*	3,20 ^{ns}
CEC x Amb	15	2,21*	0,048 ^{ns}	1,10*	0,055*	1076,8**	7,48**	4,32**
Resíduo	80	0,98	0,037	0,49	0,029	386,4	3,12	1,46
Média		15,91	4,49	14,1	2,03	174,7	13,5	9,3
CV%		6,23	4,26	4,97	8,33	11,25	13,08	13,02
Componentes	Ĝi	0,255	0,022	0,106	0,011	115,5	0,261	0,261
	Ŝij	0,187	0,018	0,093	0,007	158,8	0,678	0,618

¹ Caracteres Avaliados: EM – Número de dias da sementeira a emergência; FM- número de dias da emergência ao florescimento masculino; FF – Número de dias da emergência ao florescimento masculino; AP - altura de planta (m); AE – altura de espiga(m); PRE – posição relativa da espiga (AE/AP); DC- Diâmetro do colmo (mm); NRP – Número de ramificações do pendão; CE – comprimento da espiga (cm); DE – Diâmetro da espiga (cm); NFG – Número de fileiras de grãos por espiga; CG – comprimento do grão (cm);PE – Peso médio da espiga (g); PCP – Produtividade de espigas com palha (t ha⁻¹); PSP – Produtividade de espigas sem palha (t ha⁻¹); ² CGC – Capacidade Geral de Combinação; ³ CEC - Capacidade Específica de Combinação; ⁴ Componentes quadráticos associados a capacidade geral de combinação e da capacidade específica de combinação; *, ** - Significativo ao nível de 5% e 1% probabilidade pelo Teste F, respectivamente; ns: não significativo.

Tabela 18. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) e desvios-padrão (DP) das variedades de milho doce sugary1 avaliadas em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), Santa Catarina, 2017/2018,

Genótipo	Caracteres avaliados ¹														
	EM			FM			FF			AE			AP		
	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média
Cubano	-0,47	-0,28	-0,38	-1,32	-1,15	-1,24	-0,47	-0,74	-0,60	0,02	0,03	0,026	0,12	0,05	0,09
2255A	0,03	0,01	0,02	4,26	4,06	4,16	4,03	3,89	3,96	0,04	0,10	0,066	-0,08	0,06	-0,01
741B	0,11	0,10	0,10	-1,74	-1,65	-1,69	-1,56	-1,78	-1,67	-0,08	-0,08	-0,081	-0,10	-0,05	-0,08
2276A	0,15	0,26	0,21	-1,53	-1,82	-1,67	-1,26	-1,65	-1,46	0,02	0,03	0,023	-0,01	0,02	0,01
2029A	0,15	-0,11	0,02	0,43	0,89	0,66	-0,51	0,76	0,13	0,03	-0,04	-0,003	0,05	-0,07	-0,01
319A	0,03	0,01	0,02	-0,11	-0,32	-0,22	-0,22	-0,49	-0,35	-0,03	-0,04	-0,031	0,01	-0,01	0,0
DP (gi)	0,09	0,08	0,06	0,347	0,42	0,271	0,37	0,49	0,309	0,018	0,03	0,016	0,05	0,03	0,028
DP (gi - gj)	0,15	0,12	0,10	0,537	0,65	0,420	0,58	0,76	0,478	0,029	0,04	0,026	0,07	0,05	0,043
Genótipo	Caracteres Avaliados ¹														
	PRE			DC			NRP			CE			DE		
	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média
Cubano	-0,010	-0,001	-0,01	-0,26	-0,37	-0,32	2,65	1,05	1,85	0,93	0,57	0,75	0,02	-0,03	-0,009
2255A	0,031	0,024	0,03	-0,12	0,04	-0,04	0,31	0,64	0,47	-0,34	0,04	-0,15	-0,29	-0,12	-0,205
741B	-0,018	-0,021	-0,02	0,71	0,55	0,63	-0,98	-0,52	-0,75	-0,34	-0,24	-0,29	0,00	0,05	0,026
2276A	0,005	0,010	0,01	0,04	0,58	0,31	0,22	0,83	0,52	-0,87	-0,65	-0,76	0,21	0,18	0,199
2029A	0,013	0,002	0,01	-0,39	-0,17	-0,28	-1,50	-2,60	-2,05	0,28	-0,07	0,11	-0,09	-0,16	-0,127
319A	-0,021	-0,014	-0,02	0,02	-0,64	-0,31	-0,69	0,59	-0,05	0,34	0,36	0,35	0,16	0,08	0,116
DP (gi)	0,005	0,005	0,004	0,18	0,24	0,152	0,65	0,54	0,42	0,19	0,18	0,131	0,04	0,04	0,025
DP (gi - gj)	0,008	0,008	0,005	0,28	0,38	0,235	1,00	0,83	0,65	0,30	0,27	0,202	0,05	0,06	0,039

Genótipo	Caracteres avaliados ¹														
	NFG			CG			PE			PCP			PSP		
	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média
Cubano	0,015	-0,27	-0,13	0,045	0,051	0,048	10,63	1,77	6,2	0,51	0,003	0,26	0,56	0,152	0,36
2255A	0,078	0,24	0,16	-0,187	-0,113	-0,150	-24,33	-11,08	-17,7	-1,29	0,158	-0,57	-1,38	-0,618	-1,0
741B	-0,006	0,24	0,12	0,081	0,056	0,068	0,49	4,98	2,7	-1,05	-0,686	-0,87	-0,11	0,254	0,07
2276A	-0,072	-0,19	-0,13	0,132	0,078	0,105	4,95	9,95	7,4	0,39	0,624	0,51	0,17	0,365	0,27
2029A	-0,568	-0,46	-0,51	-0,143	-0,089	-0,116	-3,31	-15,47	-9,4	0,81	-0,075	0,37	0,05	-0,392	-0,17
319A	0,553	0,44	0,50	0,073	0,018	0,045	11,57	9,84	10,7	0,63	-0,025	0,30	0,71	0,240	0,48
DP (Gi)	0,130	0,13	0,092	0,032	0,031	0,022	3,72	3,61	2,59	0,28	0,370	0,233	0,20	0,250	0,159
DP (Gi - Gj)	0,201	0,20	0,143	0,050	0,048	0,035	5,76	5,59	4,01	0,44	0,573	0,360	0,30	0,387	0,246

¹ Caracteres Avaliados: EM – Número de dias da semeadura a emergência; FM- número de dias da emergência ao florescimento masculino; FF – Número de dias da emergência ao florescimento masculino; AP - altura de planta (m); AE – altura de espiga (m); PRE – posição relativa da espiga (AE/AP); DC- Diâmetro do colmo (mm); NRP – Número de ramificações do pendão; CE – comprimento da espiga (cm); DE – Diâmetro da espiga (cm); NFG – Número de fileiras de grãos por espiga; CG – comprimento do grão (cm); PE – Peso médio da espiga (g); PCP – Produtividade de espigas com palha (t ha⁻¹); PSP – Produtividade de espigas sem palha (t ha⁻¹).

Tabela 19. Estimativas da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) e desvios-padrão (DP) para caracteres fenológicos, morfológicos e agronômicos de 15 híbridos intervarietais de variedades de milho doce sugary1, avaliados em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), SC, 2017/2018.

Efeitos (s_{ii} e s_{ij})	Caracteres Avaliados ¹														
	EM			FM			FF			AE			AP		
	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média
Cubano	0,26	0,33	0,30	1,56	0,70	1,13	0,36	0,39	0,38	0,02	0,05	0,03	-0,13	0,04	-0,04
Cubano x 2255A	0,10	0,38	0,24	0,64	-0,17	0,24	-1,48	-0,23	-0,85	0,07	0,02	0,05	-0,01	-0,01	-0,01
Cubano x 741B	-0,32	-0,71	-0,52	-0,69	0,20	-0,24	0,11	1,44	0,77	-0,01	-0,05	-0,03	-0,08	-0,05	-0,07
Cubano x 2276A	-0,36	-0,54	-0,45	0,10	0,37	0,24	0,82	-0,02	0,40	0,05	-0,03	0,01	0,00	-0,04	-0,02
Cubano x 2029A	-0,03	0,17	0,07	-2,86	-2,34	-2,60	-1,60	-3,44	-2,52	-0,16	-0,04	-0,10	0,37	0,01	0,19
Cubano x 319A	0,10	0,04	0,07	-0,32	0,54	0,11	1,44	1,48	1,46	0,01	0,01	0,01	-0,02	0,00	-0,01
2255A	-0,07	-0,25	-0,16	2,39	1,62	2,01	5,36	2,81	4,08	-0,13	-0,08	-0,11	-0,15	-0,16	-0,16
2255A x 741B	-0,16	-0,33	-0,24	-2,94	-1,01	-1,97	-2,39	-0,86	-1,63	0,18	0,07	0,12	0,26	0,08	0,17
2255A x 2276A	0,14	-0,17	-0,02	0,19	-0,84	-0,33	-1,35	-1,32	-1,33	-0,04	0,06	0,01	0,02	0,12	0,07
2255A x 2029A	-0,20	0,54	0,17	-0,44	0,45	0,01	-2,77	-0,40	-1,58	0,11	0,07	0,09	0,03	0,09	0,06
2255A x 319A	0,26	0,08	0,17	-2,23	-1,67	-1,95	-2,73	-2,82	-2,77	-0,06	-0,05	-0,05	0,00	0,04	0,02
741B	0,10	0,58	0,34	0,73	1,37	1,05	0,19	1,48	0,83	-0,08	-0,17	-0,12	-0,11	-0,25	-0,18
741B x 2276A	-0,28	-0,58	-0,43	-1,48	0,20	-0,64	0,23	-0,32	-0,04	0,07	0,09	0,08	0,19	0,16	0,18
741B x 2029A	0,39	0,13	0,26	0,89	-1,51	-0,31	0,15	-1,40	-0,63	0,00	0,10	0,05	-0,07	0,19	0,06
741B x 319A	0,18	0,33	0,26	2,77	-0,63	1,07	1,52	-1,82	-0,15	-0,08	0,12	0,02	-0,09	0,14	0,02
2276A	0,68	1,25	0,96	-0,36	-0,96	-0,66	-1,06	-1,77	-1,42	-0,05	-0,08	-0,06	-0,13	-0,15	-0,14
2276A x 2029A	-0,66	-0,71	-0,68	0,02	1,66	0,84	1,86	3,48	2,67	0,02	0,05	0,03	-0,05	0,01	-0,02
2276A x 319A	-0,20	-0,50	-0,35	1,89	0,54	1,21	0,57	1,73	1,15	0,00	-0,02	-0,01	0,09	0,06	0,07
2029A	0,01	-0,33	-0,16	3,06	1,62	2,34	2,77	1,39	2,08	-0,02	-0,04	-0,03	-0,20	-0,10	-0,15
2029A x 319A	0,47	0,54	0,51	-3,73	-1,51	-2,62	-3,19	-1,02	-2,10	0,06	-0,09	-0,02	0,11	-0,09	0,01
319A	-0,41	-0,25	-0,33	0,81	1,37	1,09	1,19	1,23	1,21	0,03	0,02	0,02	-0,05	-0,07	-0,06
DP (s_{ii})	0,21	0,18	0,139	0,79	0,95	0,615	0,84	1,12	0,70	0,04	0,06	0,04	0,10	0,07	0,062
DP (s_{ij})	0,26	0,22	0,169	0,95	1,15	0,745	1,02	1,35	0,85	0,05	0,08	0,05	0,12	0,09	0,076
DP ($s_{ii-s_{jj}}$)	0,29	0,25	0,190	1,07	1,29	0,841	1,15	1,53	0,96	0,06	0,08	0,05	0,14	0,10	0,085
DP ($s_{ij-s_{ik}}$)	0,38	0,32	0,252	1,42	1,71	1,112	1,52	2,02	1,27	0,08	0,11	0,07	0,18	0,13	0,113
DP ($s_{ij-s_{kl}}$)	0,36	0,30	0,233	1,32	1,58	1,030	1,41	1,87	1,17	0,07	0,10	0,06	0,17	0,12	0,105

Efeitos (s_{ii} e s_{ij})	Caracteres Avaliados ¹														
	PRE			DC			NRP			CE			DE		
	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média
Cubano	0,010	0,008	0,009	0,24	0,34	0,29	-0,60	1,24	0,32	0,21	-0,76	-0,27	0,02	0,05	0,04
Cubano x 2255A	0,026	0,013	0,019	-0,13	1,07	0,47	1,93	-1,86	0,03	0,44	0,24	0,34	-0,19	-0,01	-0,10
Cubano x 741B	0,011	-0,005	0,003	0,49	-1,04	-0,28	0,40	-1,10	-0,35	-0,62	-0,45	-0,54	0,07	0,12	0,10
Cubano x 2276A	0,002	-0,005	-0,002	-1,01	-0,51	-0,76	-1,08	0,18	-0,45	-0,53	0,90	0,19	-0,03	-0,06	-0,04
Cubano x 2029A	-0,059	-0,018	-0,039	0,12	-0,41	-0,14	-0,58	2,15	0,78	0,86	0,95	0,90	0,15	-0,03	0,06
Cubano x 319A	0,001	-0,002	-0,001	0,05	0,21	0,13	0,54	-1,84	-0,65	-0,57	-0,12	-0,34	-0,06	-0,12	-0,09
2255A	-0,014	0,008	-0,003	-0,50	-0,97	-0,74	-1,63	1,18	-0,23	0,84	0,37	0,61	-0,32	-0,28	-0,30
2255A x 741B	0,014	0,010	0,012	0,92	-0,48	0,22	0,23	-0,81	-0,29	0,11	-0,49	-0,19	0,45	0,17	0,31
2255A x 2276A	-0,019	-0,007	-0,013	-0,16	-0,60	-0,38	-1,75	-0,97	-1,36	-0,70	0,59	-0,05	0,13	0,26	0,19
2255A x 2029A	0,027	0,003	0,015	0,06	1,80	0,93	3,61	0,95	2,28	-0,28	-0,76	-0,52	0,08	-0,10	-0,01
2255A x 319A	-0,020	-0,034	-0,027	0,31	0,15	0,23	-0,76	0,33	-0,21	-1,27	-0,32	-0,80	0,15	0,24	0,20
741B	-0,007	-0,012	-0,009	-0,40	-0,57	-0,49	0,21	-0,87	-0,33	-0,19	-0,47	-0,33	-0,13	-0,27	-0,20
741B x 2276A	-0,013	0,005	-0,004	0,18	1,27	0,73	2,39	0,45	1,42	0,57	0,31	0,44	0,06	0,00	0,03
741B x 2029A	0,012	-0,005	0,004	0,00	0,92	0,46	-2,59	0,00	-1,29	-0,48	1,26	0,39	-0,09	0,14	0,02
741B x 319A	-0,011	0,018	0,004	-0,79	0,48	-0,16	-0,84	3,19	1,18	0,80	0,32	0,56	-0,23	0,11	-0,06
2276A	0,021	0,002	0,011	-0,29	0,46	0,08	-1,84	0,24	-0,80	-0,93	-0,62	-0,77	-0,10	-0,06	-0,08
2276A x 2029A	0,006	0,015	0,011	0,55	-1,45	-0,45	0,48	-2,37	-0,94	0,82	-0,27	0,28	-0,13	-0,05	-0,09
2276A x 319A	-0,017	-0,012	-0,014	1,02	0,37	0,70	3,63	2,24	2,94	1,70	-0,30	0,70	0,16	-0,02	0,07
2029A	0,015	0,013	0,014	-0,82	0,04	-0,39	-1,07	0,23	-0,42	-1,10	-0,25	-0,67	-0,05	0,07	0,01
2029A x 319A	-0,015	-0,021	-0,018	0,92	-0,95	-0,01	1,22	-1,20	0,01	1,28	-0,68	0,30	0,08	-0,09	0,00
319A	0,031	0,025	0,028	-0,75	-0,13	-0,44	-1,90	-1,35	-1,63	-0,97	0,55	-0,21	-0,05	-0,06	-0,06
DP (s_{ii})	0,011	0,011	0,008	0,41	0,55	0,344	1,47	1,22	0,95	0,44	0,40	0,296	0,08	0,08	0,06
DP (s_{ij})	0,014	0,014	0,010	0,49	0,67	0,416	1,78	1,47	1,15	0,53	0,49	0,359	0,10	0,10	0,07
DP ($s_{ii-s_{jj}}$)	0,015	0,015	0,011	0,56	0,76	0,470	2,00	1,66	1,30	0,60	0,55	0,405	0,11	0,11	0,08
DP ($s_{ij-s_{ik}}$)	0,020	0,020	0,014	0,74	1,00	0,621	2,65	2,20	1,72	0,79	0,72	0,536	0,14	0,15	0,10
DP ($s_{ij} - skl$)	0,019	0,019	0,013	0,68	0,93	0,575	2,46	2,04	1,60	0,73	0,67	0,496	0,13	0,14	0,10

Efeitos (s _{ii} e s _{ij})	Caracteres Avaliados ¹														
	NFG			CG			PE			PCP			PSP		
	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média
Cubano	-0,18	0,70	0,26	0,02	0,11	0,06	-5,11	2,65	-1,23	-0,53	-0,02	-0,28	-0,17	0,29	0,06
Cubano x 2255A	-0,31	-0,07	-0,19	-0,27	-0,06	-0,16	-1,64	0,34	-0,65	-1,72	-0,04	-0,88	-0,76	0,11	-0,33
Cubano x 741B	1,04	0,19	0,62	0,08	0,05	0,07	-5,79	4,44	-0,67	0,42	-0,50	-0,04	-0,38	0,09	-0,15
Cubano x 2276A	-0,19	-0,44	-0,32	-0,01	-0,07	-0,04	0,01	1,47	0,74	-0,96	1,67	0,36	-0,06	0,57	0,26
Cubano x 2029A	-0,20	-0,31	-0,25	0,20	-0,02	0,09	13,76	7,23	10,50	2,68	0,55	1,61	1,40	0,41	0,90
Cubano x 319A	0,02	-0,77	-0,38	-0,04	-0,11	-0,08	3,88	-18,79	-7,46	0,64	-1,64	-0,50	0,15	-1,75	-0,80
2255A	-0,31	-0,35	-0,33	0,08	-0,23	-0,08	-13,06	-27,15	-20,11	-0,46	-1,68	-1,07	-0,61	-1,76	-1,18
2255A x 741B	-0,29	-0,05	-0,17	0,24	0,07	0,15	45,09	6,12	25,61	2,48	0,42	1,45	2,61	0,50	1,55
2255A x 2276A	-0,36	-0,08	-0,22	-0,02	0,18	0,08	-12,37	31,49	9,56	-0,19	1,92	0,87	-0,49	1,86	0,69
2255A x 2029A	0,27	0,48	0,38	-0,07	-0,02	-0,04	0,38	-4,42	-2,02	0,36	0,41	0,38	-0,06	-0,13	-0,09
2255A x 319A	1,29	0,42	0,85	-0,04	0,29	0,12	-5,33	20,76	7,72	-0,02	0,64	0,31	-0,09	1,17	0,54
741B	0,20	-0,86	-0,33	-0,22	-0,16	-0,19	-15,23	-27,61	-21,42	-0,85	-1,89	-1,37	-0,61	-1,38	-1,00
741B x 2276A	0,33	-0,09	0,12	0,14	0,09	0,11	15,32	16,59	15,95	1,10	1,40	1,25	0,87	0,22	0,54
741B x 2029A	-0,64	0,98	0,17	-0,01	0,03	0,01	-11,85	15,85	2,00	-2,36	0,60	-0,88	-1,20	0,64	-0,28
741B x 319A	-0,83	0,68	-0,07	-0,02	0,09	0,04	-12,31	12,20	-0,06	0,05	1,85	0,95	-0,68	1,33	0,33
2276A	-0,11	0,22	0,06	-0,07	-0,05	-0,06	-19,33	-23,54	-21,44	-1,68	-1,22	-1,45	-1,14	-0,83	-0,98
2276A x 2029A	-0,21	-0,35	-0,28	-0,11	-0,01	-0,06	-4,18	0,39	-1,90	0,65	-1,63	-0,49	-0,53	-0,78	-0,65
2276A x 319A	0,64	0,52	0,58	0,14	-0,09	0,03	39,90	-2,86	18,52	2,77	-0,94	0,91	2,48	-0,21	1,13
2029A	0,22	-0,06	0,08	-0,11	0,03	-0,04	-14,30	-5,36	-9,83	-1,28	0,21	-0,54	-0,86	-0,05	-0,46
2029A x 319A	0,33	-0,69	-0,18	0,20	-0,05	0,08	30,49	-8,34	11,07	1,24	-0,35	0,44	2,12	-0,04	1,04
319A	-0,72	-0,08	-0,40	-0,12	-0,07	-0,09	-28,31	-1,49	-14,90	-2,34	0,22	-1,06	-1,99	-0,25	-1,12
DP (s _{ii})	0,29	0,30	0,209	0,07	0,07	0,051	8,43	8,18	5,87	0,64	0,84	0,527	0,45	0,57	0,361
DP (s _{ij})	0,36	0,36	0,253	0,09	0,08	0,061	10,21	9,90	7,11	0,78	1,02	0,639	0,54	0,69	0,437
DP (s _{ii} -s _{jj})	0,40	0,41	0,286	0,10	0,10	0,069	11,52	11,17	8,02	0,88	1,15	0,721	0,61	0,77	0,493
DP (s _{ij} -s _{ik})	0,53	0,54	0,378	0,13	0,13	0,092	15,24	14,78	10,62	1,16	1,52	0,953	0,81	1,02	0,652
DP (s _{ij} - skl)	0,49	0,50	0,350	0,12	0,12	0,085	14,11	13,68	9,83	1,07	1,40	0,883	0,75	0,95	0,603

¹ Caracteres Avaliados: EM – Nº de dias da sementeira a emergência; FM- Nº de dias da emergência ao florescimento masculino; FF – Número de dias da emergência ao florescimento feminino; AP - altura de planta (m); AE – altura de espiga(m); PRE – posição relativa da espiga (AE/AP); DC- Diâmetro do colmo (mm); NRP – Número de ramificações do pendão; CE – comprimento da espiga (cm); DE – Diâmetro da espiga (cm); NFG – Número de fileiras de grãos por espiga; CG – comprimento do grão (cm);PE – Peso médio da espiga (g); PCP – Produtividade de espigas com palha (t ha⁻¹); PSP – Produtividade de espigas sem palha (t ha⁻¹).

4.2 FENOLOGIA

Os caracteres fenológicos emergência (EM), florescimento masculino (FM) e feminino (FF) apresentaram efeitos significativos para CGC e CEC, não apresentando interação significativa com os ambientes (Tabela 17). A média geral dos tratamentos nos dois ambientes foi de 8,4, 75,0 e 80,0 dias, para EM, FM e FF, nesta ordem (Tabela 20).

As estimativas dos efeitos da CGC para EM foram negativas apenas para o genótipo Cubano, com valores médios para dois ambientes de -0,38 dias, indicando variabilidade para diminuição do número de dias para emergência. As variedades locais apresentaram valores negativos apenas para as estimativas dos efeitos de CEC, com os híbridos intervarietais 2276A x 2029A, Cubano x 741B, Cubano x 2276A e 741B x 2276A, apresentando menores valores, -0,68, -0,52, -0,45 e -0,43 dias, nesta ordem (Tabela 19).

As estimativas dos componentes quadráticos dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{S}_i) foram superiores as estimativas dos componentes quadráticos dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{G}_i), indicando a predominância de efeitos gênicos não aditivos no controle do caráter EM (Tabela 17). Lemos et al. (2002), também identificaram efeitos significativos para CGC e CEC para porcentagem de emergência em campo em híbridos de milho super doce, evidenciando a existência de variabilidade originada de efeitos gênicos aditivos e não aditivos, porém com superioridade dos componentes quadráticos associados a CGC.

Variedades de milho doce e super doce, em geral, apresentam menor potencial de germinação em função dos elevados teores de açúcares solúveis, baixo teor de reservas no endosperma e pericarpo tenro. Além disso, a formação de espaços vazios entre a camada de aleurona e o pericarpo das sementes durante a desidratação tornam as sementes mais suscetíveis a danos físicos e à entrada de patógenos (Douglas et al., 1993; Tracy, 2001; Guissem et al., 2002; Lizaso et al., 2007). Dessa forma, a identificação de genótipos com maior poder germinativo e com potencial genético para diminuição do número de dias da semente à emergência são essenciais, visto que um maior tempo da semente no solo pode favorecer o ataque de pragas e microrganismos (Reis et al., 2011). Estudos sobre o efeito da heterose na qualidade de sementes de milho doce observaram estimativas positivas nas sementes híbridas em relação aos seus parentais para características de germinação e vigor (Gomes et al., 2000; Reis et al., 2011). No presente estudo, o genótipo Cubano e os híbridos intervarietais 2276^a x 2029A, Cubano x 741B, Cubano x 2276A e 741B x 2276A, apresentam potencial para melhoria da germinação e do vigor das sementes. Para florescimento masculino (FM) e feminino (FF), os genótipos estudados atingiram o FM aso 75,0 dias, em média, variando de 71,0 a 85,3, e o

FF aos 80,0 dias, variando de 75,7 a 92,0 (Tabela 20). Os genótipos Cubano, 741B, 2276A e 319 A apresentaram estimativas negativas de \hat{g}_i , com destaque para as variedades locais 741B e 2276 A com valores de -1,69 e -1,67 dias, para FM e -1,67 e -1,46 dias para FF (Tabela 18). As melhores combinações para diminuição do ciclo, com estimativas de \hat{s}_{ij} negativas, foram para 2029A x 319A (-2,62), Cubano x 2029A (-2,60), 2255A x 741B (-1,97) e 2255A x 319A (-1,95). A variedade local 2255A contribui para o aumento no número de dias para FM (4,16 dias) e FF (3,96 dias) (Tabela 19). Houve identificação de estimativas significativas para os efeitos quadráticos, \hat{G}_i e \hat{S}_i , com superioridade do componente quadrático \hat{G}_i , associado aos efeitos gênicos aditivos. Tal verificação pode estar relacionada ao fato de os progenitores não terem sido submetidos a nenhum melhoramento formal, apresentando maior diversidade. Assunção et al. (2010) detectaram estimativas superiores para diminuição de ciclo em estudos envolvendo cruzamentos dialélicos de milho doce, com efeitos gênicos aditivos e estimativas \hat{g}_i variando de -3,66 a -2,08, e uma média de 83,5 dias para FM e 86,3 dias para FF.

É importante ressaltar que as variedades locais de milho doce do EOSC apresentaram variabilidade genética para aumento e diminuição do ciclo, com estimativas significativas para CGC e CEC e predominância dos efeitos gênicos aditivos. Os genótipos com estimativas de \hat{g}_i negativos, 741B, 2276A e 319A e Cubano, são favoráveis à seleção com o intuito de reduzir o ciclo vegetativos das variedades locais de milho doce do EOSC. Apesar de proporcionar às variedades tardias períodos maiores possibilidades de resistência a mudanças climáticas, um maior período de permanência da cultura a campo pode acarretar muitos riscos a cultura, como exposição a períodos de estresse híbrido, ocorrência de chuvas e ventos e ataques de pragas, sendo interessante a diminuição do ciclo.

4.3 CARACTERES MORFOLÓGICOS DE PLANTA

As características altura de espiga (AE) e posição relativa da espiga (PRE) apresentaram efeitos significativos para CGC. As variedades 741B e 319A se destacaram com estimativas \hat{g}_i negativas de -0,081 e -0,031 m, nesta ordem, para AE, e -0,02 para PRE (Tabela 18). Dentre as combinações, o híbrido intervarietal Cubanox2029A é o que apresenta as menores estimativas de \hat{s}_{ii} , para AE (-0,10 m) e PRE (-0,39) (Tabela 19). As médias dos tratamentos em L1 foi de 1,29 m 0,59 para PRE, enquanto em L2 os tratamentos obtiveram média de 1,42 m e 0,60 para esses mesmos caracteres. Esses valores foram superiores aos identificados por Kwiatkowski et al. (2011) em dialelo de milho doce sugary1, cujas médias variaram de 0,66 a 0,89 m para altura de espiga. Assunção et al. (2010) detectaram médias de

0,89 m para altura de espigas em híbridos comerciais de milho doce com estimativas negativas de -0,04 m para \hat{g}_i e de -0,14 m para \hat{s}_{ij} .

Para altura de planta (AP), as diferenças foram significativas entre genótipos somente em L2, e entre CGC, em L1 (Tabela 16). A análise dialélica conjunta não detectou efeitos significativos para genótipos, e para os desdobramentos (CGC e CEC), sendo significativa apenas a interação CGC x A (Tabela 17). Estes dados corroboram com resultados de Kwiatkowski et al. (2011), os quais detectaram efeitos significativos para CGC e CEC, para altura de espiga e planta, em milho doce sugary1, e Entringer et al. (2017) que identificaram efeitos significativos de interação para altura de plantas, em milho super doce.

Os tratamentos apresentaram médias de AP variando de 1,93 a 2,56 m (médias de 2,24 m em L1 e 2,36 m em L2) sem detecção de diferença significativas (Tabela 20). O genótipo 741B se destacou com estimativas de \hat{g}_i negativas, em L1 (-0,10 m) e em L2 (-0,05 m), indicando potencial para a diminuição da altura das plantas. O genótipo 2255 A apresentou estimativas negativas em L1 (-0,08 m), e positiva em L2 (0,06 m), enquanto o genótipo 2029 A, estimativas positivas em L1 (0,05 m) e negativas em L2 (-0,07 m) (Tabela 18). Os cruzamentos envolvendo a variedade 741 B apresentam as menores alturas, indicando seu potencial para a diminuição da estatura das plantas. O híbrido F1 Cubanox741B obteve a melhor estimativa média de \hat{s}_{ij} para diminuição da altura (-0,07 m), e uma altura média de 2,25 m. Os híbridos 741B x 319A e 741B x 2029A apresentaram as menores alturas em L1, com valores médios correspondentes a 2,05 (\hat{s}_{ij} de -0,07 m) e 2,12 m (\hat{s}_{ij} de -0,09 m), nesta ordem. Em L2, as alturas desses mesmos híbridos foram de 2,44 (\hat{s}_{ij} de 0,14 m) e 2,43 m (\hat{s}_{ij} de 0,19 m). Kwiatkowski et al. (2011) encontraram menores médias de altura, variando de 1,38 a 1,60 m, em cruzamentos dialélicos de milho doce sugary1, e valores similares para \hat{g}_i e \hat{s}_{ij} , de no máximo -0,07 para ambas. Assunção et al. (2010), estimaram valores de 1,69 m, para híbridos comerciais de milho doce avaliados em Goiás, e estimativas negativas de \hat{g}_i (-0,07 m) e \hat{s}_{ij} (-0,23 m). Bordallo et al. (2005) avaliaram um dialelo de milho doce suagry1, e detectaram efeitos significativos para CGC e CEC, superiores aos encontrados na presente pesquisa, com \hat{g}_i de -0,22 m para o genótipo doce Queen Anne, e \hat{s}_{ij} de -0,04 m para a combinação entre milho doce Queen Anne x Doce. Lemos et al. (1999), avaliaram híbridos de milho doce sugary1 no Nordeste no Brasil, identificando efeitos significativos de CGC e CEC para AP, com médias variando de 1,13 a 1,29 m de altura para os híbridos mais produtivos, e estimativas de \hat{g}_i de -0,003 a 0,06 m.

Os resultados desses estudos mostram que as variedades locais de milho doce apresentam médias de altura de planta e espiga superiores aos genótipos estudados por

Kwiatkowski et al. (2011), Lemos et al. (1999) e Assunção et al. (2010), embora as estimativas para \hat{g}_i e \hat{s}_{ij} tenham sido semelhantes às encontradas por estes autores. Ainda, as variedades locais de milho doce do EOSC mostraram efeitos significativos para interação G x A e CGC x A, demonstrando que os genótipos e seus cruzamentos não apresentam estatura de plantas iguais nos diferentes ambientes. A interação significativa para altura de plantas sugere que as interferências sobre as progênes devem ser feitas para cada ambiente. Resultados divergentes foram encontrados por Gonçalves et al. (2018), que não detectaram interação com o ambiente para o caráter altura de plantas em cruzamentos dialélicos entre populações de milho super doce.

No geral, variedades locais de polinização aberta apresentam maiores alturas de plantas quando comparadas a variedades melhoras ou híbridos, sendo uma das características de maior interesse no melhoramento envolvendo variedades locais. Dessa forma, a identificação de genótipos com estimativas \hat{g}_i negativas para altura de plantas nos dois ambientes, de combinações com \hat{s}_{ij} negativas e de efeitos de interação de G x A e CGC x A, são informações de extrema importância no processo de melhoramento participativo de milho doce do EOSC.

Para diâmetro de colmo (DC), o genótipo 741B e 2276A se destacaram com estimativas de 0,63 e 0,31 mm para \hat{g}_i (Tabela 18). As combinações 2255A x 2029A e 741B x 2276A obtiveram as melhores estimativas de \hat{s}_{ij} (0,93 e 0,73 mm, respectivamente), mas não estatisticamente diferentes das demais (Tabela 19). A média dos tratamentos foi de 16,5 mm, variando de 14,6 a 17,7 mm (Tabela 21). A espessura do colmo em milho está relacionada com a capacidade da planta em resistir ao acamamento das plantas e quebramento (Szoke et al., 2002; Demétrio et al., 2008; Vilela, et al., 2008). Em se tratando de variedades locais, com elevada altura de planta e altos índices de posição relativa da espiga, o aumento do diâmetro médio do colmo pode colaborar na diminuição de perdas de produção por quebra ou acamamento das plantas. Para tal, em decorrência da predominância de efeitos gênicos aditivos, visto que apenas a CGC foi significativa e os valores quadráticos associados a \hat{G}_i foram superiores aos de \hat{S}_i , as variedades locais com maiores estimativas de \hat{g}_i (741B e 2276A) devem servir de base para formação de compostos.

Para número de ramificação do pendão (NRP), as estimativas dos efeitos associados a CGC foram significativas, com destaques para os genótipos Cubano (\hat{g}_i positiva de 1,85 ramificações) e 2029 A (\hat{g}_i negativo de -2,05) (Tabela 18). Os híbridos intervarietais 227A x 319A e 2255A x 2029A apresentaram as melhores estimativas positivas para \hat{s}_{ij} , sendo de 2,94 e 2,28 ramificações, respectivamente (Tabela 19). O teste de separação de médias apontou o

cruzamento Cubano x 2255A com média de 27,3 em L1, e o cruzamento 2276A x 319A com média de 26,2 em L2, como os melhores resultados para essa varável. Em média os tratamentos apresentaram 22,4 ramificações no pendão, variando de 17,9 para o genótipo 2029A à 26,5 para o genótipo Cubano. Dentre as combinações híbridos, os valores variaram de 18,3 para o F1 741B x 2029A, à 25,8 para o F1 2276A x 319A (Tabela 21).

O número de ramificações do pendão, em geral, apresenta correlação negativa com produtividade (Lambert & Johnson, 1977; Geraldi et al., 1985; Fischer et al., 1987), mas por outro lado está diretamente relacionado a liberação de pólen e garantia de polinização. Neste cenário, é importante destacar que os dados encontrados nessa pesquisa demonstram que existe variabilidade genética entre as variedades locais de milho doce, com predominância dos efeitos gênicos aditivos para melhoramento desta característica, tanto para aumento quanto para diminuição do número de ramificações do pendão.

4.4 CARACTERES AGRONÔMICOS

Para o comprimento de espiga (CE), a análise dialélica individual detectou efeitos significativos para CGC, nos dois ambientes, e CEC significativo em L1 (Tabela 16). A análise dialélica conjunta não detectou efeitos significativos para CEC, mas interação significativa para G x A e CEC x A (Tabela 17). As médias dos tratamentos para CE foram de 14,8 cm em L1 e 17,0 cm em L2. Os genótipos Cubano, 319A e 2029A apresentaram estimativas médias de \hat{g}_i para os dois ambientes positivas de 0,75, 0,35 e 0,11 cm, nesta ordem (Tabela 18). Para as estimativas \hat{s}_{ij} , os híbridos intervarietais 2276A x 319A e 2029A x 319A apresentaram valores positivos em L1 (1,70 e 1,28 cm, respectivamente) e negativos em L2 (-0,3 e -0,68 cm, nessa ordem) (Tabela 19). Os híbridos 741B x 2029A e Cubano x 2276A apresentaram valores positivos de 1,26 e 0,90 cm em L2, e negativos de -0,48 e -0,53 cm em L1. O híbrido Cubano x 2029A se destacou com estimativas positivas nos dois ambientes, 0,86 cm em L1 (média de 16,9 cm) e 0,95 cm em L2 (média de 18,4 cm) (Tabela 19). Resultados semelhantes foram descritos por Bordallo et al. (2005) para CE, também com efeitos de dominância, associados a CEC, com estimativas de até 1,366 cm para a combinação 'Doce 13' x 'Queen Anne'.

Apesar das variedades parentais e seus híbridos apresentarem médias de CE inferiores aos exigidos pela indústria, ou seja, espigas com comprimento médio de 20 cm (Pereira Filho & Teixeira, 2016), a ocorrência de efeitos gênicos aditivos e não aditivos possibilita estratégias de seleção que envolvam ações intrapopulacionais e interpopulacionais, para aumento do comprimento das espigas.

As estimativas para diâmetro da espiga (DE) foram significativas para todos os efeitos na análise dialélica conjunta, com exceção da interação CEC x A. As melhores médias de DE foram obtidas pelo híbrido 2276A x 319A em L1 (4,092 cm) e em L2 (4,88 cm) (Tabela 21). As combinações envolvendo a variedade 2255A, ou seja, 2255A x 741B, 2255A x 2276A e 2255A x 319A, apresentaram estimativas $\hat{s}ij$ positivas para aumento do diâmetro da espiga, de 0,31, 0,19 e 0,20 cm, nesta ordem (Tabela 19), com média geral de DE para os dois ambientes de 4,62, 4,68 e 4,60 cm, na mesma sequência dos híbridos.

Para número de fileiras de grãos (NFG), a análise dialélica individual detectou efeitos significativos para CGC e CEC nos dois ambientes. Em L1, os tratamentos apresentaram melhores médias para NFG, com média geral de 14,4, enquanto que em L2, a média foi de 13,8 fileiras (Tabela 22). A análise dialélica conjunta não detectou efeitos significativos para CEC e de interação CGC x A (Tabela 17). As estimativas de $\hat{g}i$ foram positivas para 319A, 2255A e 741B, sendo que 319A se destacou com 0,50 (Tabela 18). As melhores estimativas $\hat{s}ij$ foram para os F1's Cubano x 741B, 2255A x 319A e 2276A x 319A em L1, valores de 1,04, 1,29 e 0,64 fileiras, respectivamente. Em L2, os híbridos 741B x 319A e 741B x 2029A apresentaram as melhores estimativas, sendo de 0,98 e 0,68, nesta ordem (Tabela 19).

As variedades locais de milho doce do presente estudo apresentam valores superiores para NFG, similares para DE e inferiores para CE, em comparação aos encontrados por Entringer et al. (2017), em ensaios de avaliação de populações de milho super doce e suas combinações híbridas, com valores de 11,6 a 12,9 para NFG, de 46,2 a 48,9 mm para DE e de 21,0 a 21,5 cm para CE. Os autores encontraram ainda efeitos significativos para CGC e CEC e de interação G x A.

A ocorrência de estimativas significativas associadas aos efeitos gênicos aditivos e não aditivos comprova a existência de variabilidade genética entre as variedades locais de milho doce do EOCS, que permite o desenvolvimento de estratégias de seleção intrapopulacionais e interpopulacionais.

Para o caráter comprimento de grão (CG), todos os efeitos foram significativos na análise dialélica individual (Tabela 16), e não significativos para CEC e interação CGC x A na análise dialélica conjunta (Tabela 17). Em média, os tratamentos apresentaram valores de 1,98 cm em L1 e 2,09 cm em L2 (Tabela 22). Para os efeitos de CGC, quatro dos seis genótipos obtiveram valores positivos; genótipo 2276 A se sobressaiu com uma estimativa $\hat{g}i$ de 0,105 (Tabela 18). Para os efeitos de CEC, os híbridos Cubano x 2029A, 2255A x 741B e 2029A x 319A obtiveram as melhores estimativas de $\hat{s}ij$ em L1, com 0,20, 0,24 e 0,20 cm, nesta ordem. Em L2, os híbridos 2255A x 319A e 2255A x 2276 A obtiveram melhores as estimativas, com

̂ij de 0,29 e 0,18 cm, nesta ordem. O híbrido 741B x 2276A apresentou a maior média para CG em L1 (2,34 cm) e 2,31 cm em L2 (Tabela 19).

O comprimento dos grãos apresenta grande importância no melhoramento de milho doce para industrialização, por apresentar correlação positiva com rendimento industrial, sendo desejado espigas com grãos longos que possibilita maior eficiência das máquinas degranadoras (Pereira Filho & Cruz, 2002; Barbieri et al., 2005). No presente estudo, a identificação dos efeitos gênicos aditivos e da superioridade dos híbridos intervarietais, que apresentaram médias superiores a seus parentais, possibilite a seleção para aumento do comprimento de grãos para as variedades locais de milho doce do EOSC.

Para peso médio das espigas sem palha (PE), os efeitos da CGC e CEC e as diferenças entre a médias dos tratamentos foram significativas nos dois ambientes (Tabela 16), porém a análise dialélica conjunta não detectou diferenças para os efeitos de CEC (Tabela 17). A média dos tratamentos para PE foi de 157,2 g em L1, variando de 95,5 g à 213,7, com oito dos 15 híbridos apresentando médias superiores as variedades locais genitoras. Em L2, a média dos tratamentos foi de 192,1 g, variando de 142,8 a 223,7 g, para nove híbridos intervarietais e dois genitores (319 A e Cubano), diferenciando-se dos demais com as melhores médias (Tabela 22). Os genótipos Cubano, 2276A, 741B e 319A apresentaram estimativas \hat{g}_i positivas nos dois ambientes, com destaque para a 319 A, com 11,6 g em L1, e a 2276 A com 10,0 g em L2 (Tabela 18). As estimativas de \hat{s}_{ij} foram positivas e elevadas para os F1's 2255A x 741B, 2276A x 319A e 2029A x 319A em L1, com valores de 45,09, 39,9 e 30,49 g, nesta ordem. Em L2, os F1's 2255A x 2276A, 2255A x 319A e 741B x 2276A tiveram as melhores estimativas \hat{s}_{ij} , com 31,49, 20,76 e 16,59 g, respectivamente (Tabela 19). O teste de médias detectou diferenças entre os tratamentos, com destaque para 2276A x 319A em L1, com média de 213,7 g por espiga (\hat{s}_{ij} de 39,9 g), e 741B x 2276A em L2, com média de 223,7 g (\hat{s}_{ij} de 16,59 g).

Entringer et al. (2017) encontrou valores de 234,3 a 255,9 g, para peso de espiga, em híbridos de milho super doce do programa de melhoramento da Universidade do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UNF), valores levemente superiores aos encontrados para as variedades locais de milho doce do EOSC, que não foram submetidas a nenhum processo de melhoramento formal. Com relação aos efeitos de CGC e CEC, Bordallo et al. (2005) encontraram valores inferiores aos detectados para as variedades locais de milho doce do EOSC, para peso de espigas de híbridos entre milho doce sugary1 e milho comum. Os autores detectaram efeitos gênicos aditivos e não aditivos para o caráter, com \hat{g}_i de 4,0 g para o genótipo Doce 13 de gene mutante sugary1, e \hat{s}_{ij} de 17,0 g para combinação Doce 13 x Queen Anne. As estimativas dos efeitos de \hat{G}_i e \hat{S}_i demonstram superioridade dos efeitos gênicos não aditivos

para peso de espigas das variedades locais de milho doce do EOSC, o que corrobora com resultados encontrados por Parentoni et al. (1991) e Bordallo et al. (2005), que também detectaram efeitos gênicos não aditivos para o caráter peso das espigas sem palha em milho doce. Por outro lado, Teixeira et al. (2001), em estudo dos tipos de ações gênicas em híbridos simples de milho doce brittle1 para caracteres relacionados à produtividade, identificaram predominância dos efeitos genéticos aditivos sobre os efeitos de dominância.

Produtividade de espigas com palha (PCP) apresentou efeitos significativos para genótipos, CGC e CEC, apenas em L1 (Tabela 16). A análise dialélica conjunta detectou efeitos significativos apenas para as interações G x A, CGC x A e CEC x A (Tabela 17). Com relação aos efeitos da CGC em L1, as variedades 2029A, 319A, Cubano e 2276A obtiveram estimativas \hat{g}_i positivas de 0,81, 0,63, 0,51 e 0,39 t ha⁻¹, respectivamente. Em L2, as variedades 2276A e 2255A apresentaram estimativas de 0,624 e 0,158 t ha⁻¹, sem ocorrência de efeitos significativos pela análise de dialélica. A variedade 741B apresentou estimativa negativa nos dois ambientes, indicando que esta variedade contribuiu para reduzir a produtividades dos cruzamentos. O genótipo 2255A apresentou comportamento diferenciado nos ambientes para \hat{g}_i , com valores de -1,3 t ha⁻¹ em L1 e 0,16 t ha⁻¹ em L2. Para os efeitos de CEC, os híbridos 2276A x 319A e Cubano x 2029A se destacaram em L1 com melhores \hat{s}_{ij} (\hat{s}_{ij} de 2,77 t ha⁻¹ e 2,68 t ha⁻¹), respectivamente) e as estimativas de produtividade foram de 15,2 t ha⁻¹ e 15,4 t ha⁻¹, nesta ordem (Tabela 19). A produtividade de espigas com palha apresentou grande variação dos resultados nos diferentes ambientes, com médias variando de 8,5 a 15,4 t ha⁻¹ em L1 e de 12,3 a 17,9 t ha⁻¹ em L2 (Tabela 22). Resultados semelhantes foram encontrados por Entringer et al. (2017) para combinações híbridas de quatro populações retrocruzadas de milho super doce, com valores de 17,2 a 18,2 t ha⁻¹ para de produtividade com palha.

A produtividade de espigas sem palha (PSP) apresentou significativa variação dos resultados nos diferentes ambientes, com melhor desempenho dos tratamentos em L2 (média de 10,6 t ha⁻¹), enquanto que em L1 a média foi de 8,0 t ha⁻¹ (Tabela 22). Os efeitos dos genótipos e da CEC foram significativos em L1 e L2, enquanto que os efeitos da CGC, foram significativas apenas em L1 (Tabela 16). A análise dialélica conjunta não detectou efeitos significativos para genótipo, CGC, CEC e CGC x A, e efeitos significativos para G x A e CEC x A (Tabela 17). Para os efeitos da CGC, os genótipos 319A, Cubano e 2276A obtiveram estimativas \hat{g}_i positivas, com valores de 0,71, 0,56 e 0,17 t ha⁻¹, nesta ordem, em L1, e 0,24, 0,15 e 0,36 t ha⁻¹, nesta ordem, em L2. O genótipo 741 B diferiu nos dois ambientes, com \hat{g}_i de -0,11 t ha⁻¹ em L1 e de 0,25 t ha⁻¹ em L2. A variedade 2255A apresentou estimativa negativa

nos dois ambientes, indicando que esta variedade contribui para reduzir a produtividades dos cruzamentos (Tabela 18).

Para os efeitos de CEC em L1, as melhores estimativas foram obtidas pelos F1's 2255A x 741B, 2276A x 319A, 2029A x 319A, Cubano x 2029A e 741B x 2276A, com estimativas $\hat{\sigma}_{ij}$ de 2,61, 2,48, 2,12, 1,40 e 0,87 t ha⁻¹, nesta ordem. Dentre estas combinações, o híbrido 2276A x 319A e 2029A x 319A obtiveram as maiores produtividades (11,3 e 10,9 t ha⁻¹ de espigas), diferenciando-se estaticamente dos demais híbridos. Em L2, as melhores estimativas $\hat{\sigma}_{ij}$ foram de 1,86, 1,33 e 1,29 t ha⁻¹ para os F1's 2255A x 2276A, 741B x 319A e 2255A x 319A, nesta ordem, com produtividade média de 12,2, 12,4 e 11,4 t ha⁻¹, respectivamente. Os F1's com estimativas $\hat{\sigma}_{ij}$ para PSP superiores em L1 também apresentaram resultados positivos em L2, mas de menores magnitudes, com exceção dos cruzamentos 2276A x 319A e 2029A x 319A, que apresentaram valores negativos de -0,21 e -0,04 t ha⁻¹, nesta ordem (Tabela 19).

O aumento da produtividade de espigas sem palha é a característica de maior interesse no melhoramento do milho doce. Os valores de produtividade e os efeitos da CGC e CEC encontrados para os híbridos das variedades locais de milho doce e seus parentais não divergem de resultados encontrados para variedades melhoradas e híbridos de milho doce no país. Gonçalves et al. (2018) não detectaram CGC significativa para produção de espigas em híbridos entre populações de milho super doce. Kwiatkowski et al. (2011) encontraram valores de produtividade de espigas de 2,7 a 6,4 t ha⁻¹ para híbridos de milho doce sugary1 avaliados no Sul do Brasil, com estimativas para $\hat{\sigma}_i$ de até 1,0 t ha⁻¹ e para $\hat{\sigma}_{ij}$ de até 0,83 t ha⁻¹. Parentoni et al. (1991) encontraram uma média de 11,1 t ha⁻¹ de espigas sem palha, na avaliação de linhagens de milho doce sugary1, com predominância dos efeitos gênicos não aditivos, com valores $\hat{\sigma}_{ij}$ de até 4,0 t ha⁻¹. Lemos et al. (1999), identificaram valores variando de 6,8 a 10,6 t ha⁻¹ para híbridos de milho doce sugary 1 no Nordeste do Brasil, com estimativas $\hat{\sigma}_i$ variando de -1,1 a 1,0 t ha⁻¹. Para híbridos de milho doce brittle1, Teixeira et al. (2001) encontraram valores variando de 5,9 a 12,1 t ha⁻¹ de espigas sem palha. Assunção et al. (2010), encontraram média de 12,9 t ha⁻¹ de espigas, em cruzamentos dialélicos de milho doce em Goiás. Pereira et al. (2009) encontraram valores de produtividade média variando de 6,6 a 15, t ha⁻¹ de espigas com palha, em híbridos F2 de milho super doce, com rendimento industrial (relação do peso de grãos das espigas padrão) de 31,03%.

Segundo Pereira Filho & Teixeira (2016), para que possam atender tanto as necessidades da indústria de envasamento quanto à produção para uso *in natura*, e ao próprio produtor, o milho doce deve possibilitar o plantio ano todo, e uma produtividade em campo acima de 12 t ha⁻¹. No presente estudo, com híbridos de variedades locais de milho doce do EOOSC, dois

híbridos intervarietais apresentaram médias superiores a 12 t ha^{-1} , e cinco médias próximas a esse valor, variando de $11,4$ a $12,4 \text{ t ha}^{-1}$. Tal fato denota o potencial produtivo das variedades locais de milho doce no EOSC para a formação de híbridos intervarietais produtivos, e com capacidade de disputar mercado com variedades melhoradas.

A identificação de interações significativas para $G \times A$, $CGC \times A$ e $CEC \times A$, identificadas para caracteres agrônômicos e morfológicos no presente estudo, devem ser consideradas no momento da seleção das variedades. Os caracteres AP, CE, PE e PCP que apresentaram efeitos de interação significativos para $CGC \times A$, assim como para os caracteres CE, NFG, CG, PE, PCP e PSP com efeitos de interação $CEC \times A$ significativos, devem ser avaliados levando em consideração uma seleção específica para cada ambiente. São caracteres quantitativos, muito influenciados pelo ambiente, e que por este motivo tendem a apresentar comportamento diferenciado. A identificação dos genótipos que respondem vantajosamente em cada ambiente e quais se mostraram mais estáveis é importante para a tomada de decisões durante o processo de melhoramento participativo de milho doce no EOSC. Teixeira et al. (2001) identificaram interações significativas para produtividade de espigas sem palha em híbridos de milho doce brittle1, avaliados em diferentes ambientes. No estudo com variedades locais de milho doce do EOSC foi possível identificar híbridos intervarietais com médias superiores aos genitores nos dois ambientes, sendo híbridos diferentes em cada local. A ocorrência de interação $G \times A$ e $CEC \times A$ comprovam que os híbridos apresentam desempenho diferenciado de acordo com o ambiente, indicando que a seleção deve ser específica para cada ambiente.

No ensaio conduzido em Anchieta, 717 m de altitude, os tratamentos apresentaram, em média, menores valores para os caracteres associados a produtividade final de espigas. Por outro lado, os efeitos da CGC e CEC foram significativos para estes caracteres neste ambiente, o que implica dizer que o ambiente proporcionou uma melhor diferenciação entre os tratamentos, especialmente entre os efeitos associados a CGC e CEC de combinação dos parentais estudados.

Tabela 20. Médias dos caracteres fenológicos e morfológicos de planta¹ para seis variedades de milho doce sugary1 e seus híbridos intervarietais, avaliados em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), Santa Catarina, 2017/2018.

Genótipos	EM			FM			FF			AE			AP		
	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média
Cubano	8,0 b	8,0 c	8,0	75,7 c	71,7d	73,7	82,0 b	76,3 c	79,2	1,36 a	1,52 a	1,44	2,35	2,51 a	2,43
Cubano x 2255A	8,3 b	8,3 c	8,3	80,3 b	76,0 c	78,2	84,7 b	80,3 b	82,5	1,43 a	1,56 a	1,49	2,28	2,47 a	2,37
Cubano x 741B	8,0 b	7,3 c	7,7	73,0 d	70,7 d	71,8	80,7 c	76,3 c	78,5	1,22 b	1,32 a	1,27	2,18	2,31 a	2,25
Cubano x 2276A	8,0 b	7,7 c	7,8	74,0 d	70,7 d	72,3	81,7 b	75,0 c	78,3	1,38 a	1,45 a	1,41	2,36	2,40 a	2,38
Cubano x 2029A	8,3 b	8,0 c	8,2	73,0 d	70,7 d	71,8	80,0 c	74,0 c	77,0	1,20 b	1,37 a	1,28	2,79	2,35 a	2,57
Cubano x 319A	8,3 b	8,0 c	8,2	75,0 c	72,3 d	73,7	83,3 b	77,7 c	80,5	1,31 a	1,42 a	1,36	2,35	2,41 a	2,38
2255A	8,7 b	8,0 c	8,3	87,7 a	83,0 a	85,3	96,0 a	88,0 a	92,0	1,23 b	1,53 a	1,38	1,94	2,33 a	2,13
2255A x 741B	8,7 b	8,0 c	8,3	76,3 c	74,7 c	75,5	82,7 b	78,7 c	80,7	1,42 a	1,50 a	1,47	2,32	2,45 a	2,39
2255A x 2276A	9,0 a	8,3 c	8,7	79,7 b	74,7 c	77,2	84,0 b	78,3 c	81,2	1,30 a	1,61 a	1,45	2,18	2,56 a	2,37
2255A x 2029A	8,7 b	8,7 b	8,7	81,0 b	78,7 b	79,8	83,3 b	81,7 b	82,5	1,47 a	1,54 a	1,51	2,25	2,45 a	2,35
2255A x 319A	9,0 a	8,3 c	8,7	78,7 b	75,3 c	77,0	83,7 b	78,0 c	80,8	1,25 b	1,43 a	1,34	2,17	2,46 a	2,31
741B	9,0 a	9,0 b	9,0	74,0 d	71,3 d	72,7	79,7 c	75,3 c	77,5	1,05 b	1,09 a	1,07	1,93	2,00 a	1,97
741B x 2276A	8,7 b	8,0 c	8,3	72,0 d	70,0 d	71,0	80,0 c	73,7 c	76,8	1,30 a	1,46 a	1,38	2,33	2,48 a	2,40
741B x 2029A	9,3 a	8,3 c	8,8	76,3 c	71,0 d	73,7	80,7 c	75,0 c	77,8	1,25 b	1,39 a	1,32	2,12	2,43 a	2,28
741B x 319A	9,0 a	8,7 b	8,8	77,7 c	70,7 d	74,2	82,3 b	73,3 c	77,8	1,11 b	1,42 a	1,26	2,05	2,44 a	2,25
2276A	9,7 a	10,0 a	9,8	73,3 d	68,7 d	71,0	79,0 c	72,3 c	75,7	1,28 a	1,40 a	1,34	2,10	2,25 a	2,17
2276A x 2029A	8,3 b	7,7 c	8,0	75,7 c	74,0 c	74,8	82,7 b	80,0 b	81,3	1,36 a	1,46 a	1,41	2,23	2,32 a	2,28
2276A x 319A	8,7 b	8,0 c	8,3	77,0 c	71,7 d	74,3	81,7 b	77,0 c	79,3	1,29 a	1,39 a	1,34	2,33	2,43 a	2,38
2029A	9,0 a	7,7 c	8,3	80,7 b	76,7 c	78,7	84,3 b	80,3 b	82,3	1,35 a	1,30 a	1,32	2,15	2,12 a	2,13
2029A x 319A	9,3 a	8,7 b	9,0	73,3 d	72,3 d	72,8	78,7 c	76,7 c	77,7	1,36 a	1,25 a	1,30	2,41	2,19 a	2,30
319A	8,3 b	8,0 c	8,2	77,3 c	74,0 c	75,7	83,3 b	77,7 c	80,5	1,28 a	1,36 a	1,32	2,21	2,28 a	2,24
Média	8,7	8,2	8,5	76,7	73,3	75,0	82,6	77,4	80,0	1,29	1,42	1,36	2,24	2,36	2,30
CV% ²	5,8	5,2		2,4	3,1		2,4	3,4		7,6	10,3		10,8	7,2	
Prob, F-teste	0,006	0,000		0,000	0,000		0,000	0,000		0,001	0,040		0,068 ^{ns}	0,040	

¹ Caracteres Avaliados: EM – Número de dias da sementeira a emergência; FM- número de dias da emergência ao florescimento masculino; FF – Número de dias da emergência ao florescimento masculino; AP - altura de planta (m); AE – altura de espiga(m); ²Coefficiente de variação; ns Não Significativo à 5% de probabilidade; Médias seguidas pela mesma letra em minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Skott Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 21. Médias dos caracteres morfológicos¹ e agrônômicos para seis variedades de milho doce sugary1 e seus híbridos intervarietais, avaliados em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), Santa Catarina, 2017/2018.

Genótipos	PRE			DC			NRP			CE			DE		
	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média
Cubano	0,58 b	0,61 a	0,59	15,9 b	16,4 b	16,2	27,1 a	25,8 a	26,5	16,9 a	17,3 a	17,1	4,44 a	4,57 a	4,51
Cubano x 2255A	0,63 a	0,64 a	0,63	15,7 b	17,6 a	16,6	27,3 a	22,3 a	24,8	15,9 a	17,8 a	16,8	3,93 b	4,43 b	4,18
Cubano x 741B	0,57 b	0,57 b	0,57	17,1 a	16,0 b	16,5	24,5 a	21,9 a	23,2	14,8 b	16,8 b	15,8	4,47 a	4,73 a	4,60
Cubano x 2276A	0,58 b	0,60 a	0,59	15,0 b	16,5 b	15,7	24,2 a	24,5 a	24,4	14,4 b	17,8 a	16,1	4,59 a	4,68 a	4,64
Cubano x 2029A	0,53 b	0,58 b	0,56	15,7 b	15,9 b	15,8	23,0 a	23,0 a	23,0	16,9 a	18,4 a	17,6	4,47 a	4,36 b	4,41
Cubano x 319A	0,56 b	0,58 b	0,57	16,0 b	16,0 b	16,0	24,9 a	22,2 a	23,6	15,6 a	17,8 a	16,7	4,50 a	4,51 b	4,51
2255A	0,63 a	0,66 a	0,65	15,4 b	15,9 b	15,7	21,4 b	24,9 a	23,2	15,0 b	17,4 a	16,2	3,49 c	4,07 b	3,78
2255A x 741B	0,61 a	0,61 a	0,61	17,7 a	16,9 b	17,3	22,0 b	21,8 a	21,9	14,3 b	16,3 b	15,3	4,55 a	4,69 a	4,62
2255A x 2276A	0,60 a	0,63 a	0,61	15,9 b	16,9 b	16,4	21,2 b	22,9 a	22,1	13,0 b	16,9 b	14,9	4,45 a	4,91 a	4,68
2255A x 2029A	0,66 a	0,63 a	0,64	15,7 b	18,5 a	17,1	24,9 a	21,4 a	23,1	14,5 b	16,2 b	15,3	4,09 b	4,20 b	4,15
2255A x 319A	0,58 b	0,58 b	0,58	16,4 a	16,4 b	16,4	21,3 b	24,0 a	22,7	13,6 b	17,0 a	15,3	4,41 a	4,78 a	4,60
741B	0,54 b	0,55 b	0,54	17,2 a	17,4 a	17,3	20,7 b	20,5 a	20,6	14,0 b	16,0 b	15,0	4,26 b	4,43 b	4,34
741B x 2276A	0,56 b	0,59 b	0,58	17,1 a	19,2 a	18,2	24,1 a	23,2 a	23,6	14,2 b	16,4 b	15,3	4,66 a	4,82 a	4,74
741B x 2029A	0,59 a	0,58 b	0,58	16,5 a	18,1 a	17,3	17,4 b	19,3 a	18,3	14,3 b	17,9 a	16,1	4,20 b	4,62 a	4,41
741B x 319A	0,54 b	0,58 b	0,56	16,1 b	17,2 a	16,7	19,9 b	25,7 a	22,8	15,7 a	17,4 a	16,5	4,32 a	4,83 a	4,57
2276A	0,62 a	0,62 a	0,62	16,0 b	18,4 a	17,2	21,0 b	24,3 a	22,7	12,2 b	15,0 b	13,6	4,72 a	4,90 a	4,81
2276A x 2029A	0,61 a	0,63 a	0,62	16,4 a	15,8 b	16,1	21,6 b	18,3 a	20,0	15,1 b	16,0 b	15,5	4,38 a	4,56 a	4,47
2276A x 319A	0,55 b	0,58 b	0,57	17,3 a	17,1 a	17,2	25,6 a	26,1 a	25,8	16,0 a	16,4 b	16,2	4,92 a	4,83 a	4,87
2029A	0,63 a	0,62 a	0,62	14,6 b	16,5 b	15,6	18,4 b	17,5 a	17,9	14,3 b	16,6 b	15,4	4,16 b	4,34 b	4,25
2029A x 319A	0,56 b	0,57 b	0,57	16,7 a	15,1 b	15,9	21,5 b	19,2 a	20,3	16,8 a	16,6 b	16,6	4,53 a	4,42 b	4,47
319A	0,58 b	0,60 a	0,59	15,5 b	15,4 b	15,4	19,2 b	22,3 a	20,7	14,6 b	18,2 a	16,4	4,65 a	4,68 a	4,67
Média	0,59	0,60	0,59	16,2	16,8	16,5	22,4	22,4	22,4	14,8	17,0	15,9	4,39	4,59	4,49
CV% ²	4,5	4,5		5,9	7,8		15,5	12,8		7,0	5,6		4,3	4,2	
Prob, F-teste	0,000	0,001		0,024	0,024		0,049	0,002		0,000	0,007		0,000	0,000	

¹ Caracteres Avaliados: PRE – posição relativa da espiga (AE/AP); DC- Diâmetro do colmo (mm); NRP – Número de ramificações do pendão; CE – comprimento da espiga (cm); DE – Diâmetro da espiga (cm); ²Coeficiente de variação; ns Não Significativo à 5% de probabilidade; Médias seguidas pela mesma letra em minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Skott Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 22. Médias dos caracteres agrônômicos¹ para seis variedades de milho doce sugary1 e seus híbridos intervarietais, avaliados em Anchieta (L1) e Guaraciaba (L2), Santa Catarina, 2017/2018.

Genótipos	NFG			CG			PE			PCP			PSP		
	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média	L1	L2	Média
Cubano	14,3 c	13,9 a	14,1	2,09 a	2,30 a	2,19	173,4 a	198,3 a	185,9	11,9 b	15,5	13,7	8,9 b	11,2 a	10,0
Cubano x 2255A	14,2 c	13,7 b	13,9	1,57 c	1,97 b	1,77	141,9 b	183,2 b	162,5	8,9 c	15,7	12,3	6,4 c	10,2 a	8,3
Cubano x 741B	15,5 a	13,9 a	14,7	2,19 a	2,24 a	2,21	162,6 a	203,3 a	183,0	11,3 b	14,4	12,8	8,0 c	11,1 a	9,5
Cubano x 2276A	14,2 c	12,9 b	13,5	2,14 a	2,14 a	2,14	172,8 a	205,3 a	189,1	11,4 b	17,9	14,6	8,6 b	11,7 a	10,1
Cubano x 2029A	13,7 c	12,7 b	13,2	2,08 a	2,03 b	2,05	178,3 a	185,7 b	182,0	15,4 a	16,0	15,7	10,0 b	10,7 a	10,4
Cubano x 319A	15,0 b	13,2 b	14,1	2,05 a	2,05 b	2,05	183,3 a	185,0 b	184,1	13,2 b	13,9	13,6	9,4 b	9,2 a	9,3
2255A	14,3 c	13,9 a	14,1	1,69 c	1,63 b	1,66	95,5 b	142,8 c	119,2	8,4 c	14,2	11,3	4,6 c	7,6 a	6,1
2255A x 741B	14,2 c	14,2 a	14,2	2,11 a	2,10 b	2,10	178,5 a	192,2 a	185,3	11,6 b	15,4	13,5	9,1 b	10,7 a	9,9
2255A x 2276A	14,1 c	13,7 b	13,9	1,90 b	2,23 a	2,07	125,5 b	222,5 a	174,0	10,3 b	18,3	14,3	6,3 c	12,2 a	9,2
2255A x 2029A	14,2 c	14,0 a	14,1	1,58 c	1,87 b	1,72	130,0 b	161,2 c	145,6	11,3 b	16,0	13,7	6,6 c	9,4 a	8,0
2255A x 319A	16,3 a	14,9 a	15,6	1,83 b	2,28 a	2,05	139,2 b	211,7 a	175,4	10,8 b	16,3	13,5	7,2 c	11,4 a	9,3
741B	14,6 b	13,4 b	14,0	1,92 b	2,04 b	1,98	143,0 b	174,5 b	158,8	8,5 c	12,3	10,4	7,2 c	9,7 a	8,4
741B x 2276A	14,7 b	13,7 b	14,2	2,34 a	2,31 a	2,32	178,0 a	223,7 a	200,8	11,9 b	16,9	14,4	8,9 b	11,4 a	10,1
741B x 2029A	13,2 c	14,5 a	13,9	1,91 b	2,08 b	2,00	142,6 b	197,5 a	170,0	8,8 c	15,4	12,1	6,7 c	11,1 a	8,9
741B x 319A	14,1 c	15,1 a	14,6	2,11 a	2,25 a	2,18	157,0 b	219,2 a	188,1	11,1 b	16,7	13,9	7,9 c	12,4 a	10,1
2276A	14,2 c	13,6 b	13,9	2,17 a	2,20 a	2,18	147,8 b	188,5 b	168,2	10,5 b	15,6	13,1	7,2 c	10,5 a	8,8
2276A x 2029A	13,6 c	12,8 b	13,2	1,86 b	2,07 b	1,97	154,7 b	187,0 b	170,9	13,3 a	14,5	13,9	7,7 c	9,8 a	8,7
2276A x 319A	15,5 a	14,5 a	15,0	2,33 a	2,10 b	2,21	213,7 a	209,1 a	211,4	15,2 a	15,2	15,2	11,3 a	11,0 a	11,1
2029A	13,5 c	12,8 b	13,2	1,59 c	1,94 b	1,77	136,3 b	155,8 c	146,1	11,8 b	15,6	13,7	7,2 c	9,7 a	8,5
2029A x 319A	14,7 b	13,1 b	13,9	2,11 a	1,97 b	2,04	196,0 a	178,2 b	187,1	14,1 a	15,1	14,6	10,9 a	10,4 a	10,6
319A	14,8 b	14,6 a	14,7	2,01 a	2,06 b	2,03	152,1 b	210,3 a	181,2	10,4 b	15,7	13,0	7,4 c	10,8 a	9,1
Média	14,4	13,8	14,1	1,98	2,09	2,03	157,2	192,1	174,7	11,4	15,6	13,5	8,0	10,6	9,3
CV% ²	4,8	5,1		8,8	7,9		12,7	10,1		13,2	12,7		13,2	12,7	
Prob, F-teste	0,000	0,001		0,000	0,002		0,000	0,000		0,000	0,214 ^{ns}		0,000	0,031	

¹Caracteres avaliados: NFG – Número de fileiras de grãos por espiga; CG – comprimento do grão (cm); PE – Peso médio da espiga (g); PCP – Produtividade de espigas com palha (t ha⁻¹); PSP – Produtividade de espigas sem palha (t ha⁻¹); ²Coefficiente de variação; ns Não Significativo à 5% de probabilidade; Médias seguidas pela mesma letra em minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Skott Knott a 5% de probabilidade.

4.5 VARIABILIDADE PASSÍVEL DE SELEÇÃO E INDICAÇÕES PARA O MELHORAMENTO

Os resultados das análises dialélicas, individual e conjunta, e a magnitude dos quadrados médios associados a CGC e CEC denotam a existência de variabilidade, resultante da ação de efeitos aditivos e não-aditivos no controle da expressão gênica, passível de seleção, para a maioria dos caracteres avaliado nas variedades locais de milho doce do EOSC e seus híbridos intervarietais F1's.

Dentre os efeitos de capacidade de combinação dos parentais, houve superioridade dos efeitos aditivos, associados a capacidade geral de combinação dos genótipos, para os caracteres FM, FF, DC e NRP; efeitos gênicos aditivos e não aditivos, com leve superioridade para os efeitos aditivos, para os caracteres CE, DE e NFG; e superioridade dos componentes quadráticos \hat{S}_{ij} , associados aos efeitos gênicos de dominância para os caracteres EM, PE, PCP e PSP.

Por outro lado, a análise dos desdobramentos dos efeitos da CGC e CEC permite inferir sobre potencial das variedades locais de milho doce para melhoramento de tais características. Dentre as variedades estudadas, os genótipos 741B, 2276A e 319A e Cubano foram aqueles que apresentaram as melhores estimativas \hat{g}_i para a diminuição do ciclo das variedades. Com relação aos caracteres morfológicos, as variedades 741B e 319A apresentaram elevadas estimativas \hat{g}_i para a diminuição da altura médias de plantas, e 741B e 2276A, estimativas positivas para o aumento do diâmetro médio do colmo.

A variedade 319 A destacou-se com estimativas \hat{g}_i positivas para todos os caracteres relacionados à produtividade, ou seja, CE, DE, NFG e PE. Dentre os demais genótipos, as variedades 2029 A e Cubano apresentaram boas estimativas \hat{g}_i para CE; a variedade 2276A se destacou com \hat{g}_i positivo para CG e PE; a variedade 741B apresentou valores positivos de \hat{g}_i para NFG, CG e PE. Para PCP e PSP; e as variedades 319A, 2276A e Cubano se destacaram com as melhores estimativas \hat{g}_i para aumento da produtividade. A variedade 2029 A apresentam estimativas \hat{g}_i positivas apenas para NFG em L1 e L2, e para PCP em L1, devendo ser selecionada com cautela.

As estimativas dos efeitos associados a CGC proporcionam informações sobre a proporção de genes predominantemente aditivos em seus efeitos, sendo de grande utilidade na identificação de genitores com melhor desempenho para programas de melhoramento. Segundo Cruz & Regazzi (2001), a superioridade do componente quadrático associado à \hat{G}_i tem sido verificada em dialelos nos quais os progenitores não sofreram seleção prévia para o caráter em

estudo. Em materiais submetidos a seleção prévia, o diferencial para efeitos aditivos pode ser reduzido, e a importância dos efeitos não aditivos, pode aumentar.

Neste contexto, populações com estimativas superiores associadas a \hat{G}_i apresentam elevada frequência de alelos favoráveis, podendo ser indicadas na formação de compostos, visando um posterior melhoramento intrapopulacional. No presente trabalho, a predominância da variação aditiva sugere a formação de populações compostas envolvendo os genótipos 741 B, 2276 A e 319 A e Cubano.

Por outro lado, no presente trabalho houve uma superioridade dos componentes quadráticos \hat{S}_{ij} , associados aos efeitos gênicos de dominância, ocorrido para os caracteres EM, PE, PCP e PSP. Resultados semelhantes foram encontrados por Parentoni et al. (1991), para caracteres relacionados a produção em linhagens de milho doce, e discordantes por Teixeira et al. (2001) para híbridos de milho super doce brittle1. Os efeitos da capacidade específica de combinação estão associados aos efeitos gênicos não-aditivos. Combinações híbridas com elevadas estimativas \hat{s}_{ij} e que evoluam, pelo menos, um genitor com estimativas elevadas de \hat{g}_i , indicam que os híbridos apresentam comportamento melhor ou pior que o esperado com base no comportamento da CGC de seus genitores.

Efeitos gênicos não aditivos podem ser explorados através do melhoramento interpopulacional. Esta estratégia de melhoramento, a qual envolve muitas etapas de seleção e elevado custo de execução é utilizada frequentemente em programas de melhoramento convencionais, com objetivo de obter linhagens elites para formação de híbridos com elevas produtividades. Dentre os impactos negativos dos programas formais de melhoramento sobre os agricultores familiares, está o fato dos programas serem voltados para sistemas agrícolas de alta tecnologia e elevado uso de insumos.

Entretanto, no contexto do presente trabalho, o objetivo é sugerir estratégias de melhoramento que atenda às necessidades específicas dos agricultores do EOSC, dentro dos pressupostos do melhoramento participativo, e com baixos custos de execução. Os métodos indicados devem possibilitar o desenvolvimento de materiais adaptados aos agroecossistemas particulares dos agricultores familiares, através do uso de germoplasma local. A promoção do uso das variedades locais de milho doce do EOSC pode fortalecer a conservação *in situ- on farm* por meio da adição de valores comerciais as variedades. Neste cenário, a utilização do melhoramento interpopulacional, no presente estudo, diz respeito a identificação e utilização de variedades que apresentem superioridade dos efeitos \hat{S}_{ij} , em que os híbridos intervarietais possam se recomendados diretamente.

Vale ressaltar que, apesar das variedades locais não terem sido submetidas a seleção em programas de melhoramento genético formal, estas estão em constante seleção por parte das agricultoras e agricultores mantenedores. A seleção, na maior parte dos casos, é realizada após a colheita, com base em características de espiga, como granação, uniformidade de grãos, cor de grão, arranjo das fileiras e tamanho de espiga (Souza, 2015). Ao selecionar visualmente as espigas mais “bonitas”, tendo como base caracteres de alta herdabilidade, como formato de espigas ou uniformidade de grãos, indiretamente o(a) mantenedor(a) seleciona caracteres de interesse agrônômico, como tamanho e diâmetro de espigas, altamente correlacionados com produtividade de espigas.

Dentre as combinações com potencial para melhoramento interpopulacional, híbridos intervarietais, voltadas especificamente para as características PE, PCP e PSP, estão as combinações 2276A x 319A, 2255A x 741B e 2029A x 319A para o local L1 e as combinações 2255A x 319A e 2255A x 2276A para o local L2. A variabilidade genética existente entre as variedades locais de milho doce do EOSC indica potencial de exploração da heterose para caracteres de produção de espigas.

4.6 PREDIÇÃO DOS COMPOSTOS

Para melhor indicação de compostos, os valores médios preditos para produção de espigas sem palha foram estimados por local e para a média dos dois locais, tendo em vista a identificação de interação significativa G x A e CEC x A para o caráter PSP. Além disso, a existência de correlações positivas entre caracteres de planta (altura de planta) e espiga (comprimento, diâmetro e número de fileiras) com produtividade em milho doce, relatado por diversos autores, requerem atenção especial durante o processo de melhoramento por interferirem nos resultados de produção (Bordallo et al., 2005; Barbieri et al., 2005; Lemos et al., 1999; Gonçalves et al., 2018).

Em trabalhos anteriores na região do EOSC, os agricultores elegeram os caracteres altura de planta e produtividade de grãos como prioritários a seleção durante o processo de melhoramento participativo da população composta de milho MPA1 na região do ESOC, (Kist et al., 2010). Entretanto, como já mencionados anteriormente, a variável altura de planta em milho comum apresenta correlações genéticas positivas com a variável produtividade de grãos (Hallauer et al., 2010; Kist et al., 2010), o que também é relatado para milho doce (Gonçalves et al., 2018; Tan e Yap, 1973; Hansen, 1976). Gonçalves et al. (2018) concluíram que plantas com menor altura e maior precocidade de florescimento contribuíram para o aumento da produção de espigas em híbridos de milho super doce.

Diante do exposto, no presente estudo a predição de compostos será realizada tendo como base os caracteres: produtividade de espigas sem palha, altura média de plantas, diâmetro do colmo e florescimento feminino. Para melhor indicação de compostos, os valores médios preditos para produção de espigas sem palha foram testados envolvendo duas (Tabela 23), três (Tabela 24) e quatro variedades. Entretanto, os compostos envolvendo quatro variedades resultaram em médias inferiores aos preditos para dois e três genitores, não sendo apresentados e discutidos neste trabalho.

Na predição de compostos envolvendo duas variedades (tipo A x B), para os caracteres PSP, AP, DC e FF, a combinação 2276A x 319A foi aquela com as melhores estimativas no L1, e a combinação 741 B x 319 A, com a melhor estimativa no L2 (Tabela 23). Na predição utilizando a média dos dois locais, a combinação 2276A x 319A se destacou com melhores resultados para os mesmos caracteres (Tabela 23).

No composto envolvendo três genitores (tipo A x B x C), as combinações Cubano x 2029 A x 319, Cubano x 2276A x 319A e 2276A x 2029A x 319A seriam os mais indicados em L1. Entretanto, esses compostos apresentam incremento de altura e menor colmo. Em L2, as combinações 741B x 2276 A x 319 A, Cubano x 741B x 2276A e 741B x 2029A x 319A apresentaram bons incrementos de produtividade, com bons resultados de incremento em diâmetro de colmo.

Na média dos dois ambientes, o composto formado pelos genótipos 741B x 2276A x 319A se destacou com elevada produtividade ($9,9 \text{ t ha}^{-1}$) e diâmetro de colmo (2,27 cm), e uma altura média de 2,27 m, uma das menores dentre todos os compostos formados.

Os compostos envolvendo a combinação dois e três genitores permitiram a formação de bons resultados para produtividade de espigas em cada ambiente, bem como estimar os valores para outras características importantes, como altura de planta, diâmetro de colmo e ciclo. Apesar da formação dos compostos diminuir o valor médio para PSP, em comparação com as estimativas dos híbridos intervarietais, os compostos permitiram identificar combinações com elevados valores de produtividade e resultados satisfatórios para altura de planta e diâmetro de colmo.

O uso do esquema dialélico possibilitou realizar a predição de híbridos para formação de populações compostas, que visam garantir a manutenção da variabilidade genética das variedades locais de milho doce do EOSC, por se tratar de uma amostra pequena de variedades, em comparação ao identificado para milho pipoca e comum nesta mesma região.

Neste cenário, o genótipo Cubano, detentor de boas estimativas associadas aos efeitos de CGC e CEC, para diferentes características avaliadas, pode contribuir para o melhoramento

de milho doce do EOSC. A combinação do genótipo Cubano com variedades locais de elevado potencial genético e adaptativo possibilita incremento de variabilidade genética e o melhorando de diferentes características, como emergência de plantas, comprimento da espiga e produtividade de espigas sem palha, como identificado na predição dos compostos. Recomendações semelhantes foram sugeridas por Machado et al. (2008b), em estudo com híbridos intervarietais entre variedades locais e variedades melhoradas de milho.

Tabela 23. Predição de Composto Tipo A x B, para os seis genótipos de milho doce sugary1. Safra 2017/2018.

Composto Tipo (A x B)	Valor Predito ¹			
	PSP (t ha ⁻¹)	AP (m)	DC (mm)	FF (dias)
L1				
Cubano x 2029A 1-5	9,0	2,52	15,45	81,6
2276A x 319A 4-6	9,3	2,24	16,50	81,4
2029A x 319A 5-6	9,1	2,29	16,88	81,2
L2				
Cubano x 2276A 1-4	11,2	2,39	16,98	74,7
Cubano x 2029A 1-5	10,6	2,33	16,18	76,2
741B X 319A 3 -6	11,3	2,29	16,81	74,9
2276A x 319A 4-6	10,8	2,35	17,04	76,0
2029A x 319A 5-6	10,3	2,20	15,52	77,8
Média				
Cubano x 2276A 1 -4	9,8	2,34	16,20	77,9
Cubano x 2029A 1-5	9,8	2,42	15,85	78,9
2276A x 319A 4- 6	10,0	2,29	16,8	78,7
2029A x 319A 5 -6	9,7	2,24	15,70	79,6

¹Valor predito para cada característica: PSP – Produtividade de espigas sem palha; AP – Altura de plantas; DC- Diâmetro do colmo; FF – Número de dias da emergência ao florescimento feminino.

Tabela 24. Predição de Composto Tipo A x B x C para os seis genótipos de milho doce sugary1. Safra 2017/2018.

Composto Tipo (A x B x C)	Valor Predito ¹			
	PSP (t ha ⁻¹)	AP (m)	DC (mm)	FF (dias)
L1				
Cubano x 2029A x 319A 1-5-6	9,33	2,42	15,85	81,5
Cubano x 2276A x 319A 1-4-6	9,14	2,30	15,98	82,0
2276 A x 2029A x 319A 4-5-6	9,06	2,27	16,31	81,4
741 B x 2276A x 319A 3-4-6	8,67	2,18	16,63	81,1
Cubano x 2276A x 2029A 1- 4- 5	8,43	2,37	15,61	81,6
L2				
741B x 2276A x 319A -3-4-6	11,16	2,36	17,60	74,8
Cubano x 741B x 2276A 1-3-4	11,05	2,35	17,30	74,9
741B x 2029A x 319A 3-5-6	10,87	2,28	16,69	75,9
2255A x 2276A x 319A 2-4-6	10,86	2,37	16,73	78,3
Cubano x 2276A x 319A 1 -4 -6	10,67	2,39	16,63	76,2
Média				
741B x 2276 x 319A -3-4-6	9,9	2,27	17,12	77,9
Cubano x 2276A x 319A 1 -4 -6	9,88	2,35	16,29	79,1
Cubano x 2029A x 319A 1-5-6	9,80	2,37	15,84	79,2
2276A x 2029A x 319A 4-5-6	9,69	2,27	16,29	79,5
Cubano x 741B x 2276A 1-3-4	9,64	2,29	16,83	77,7

¹Valor predito para cada característica: PSP – Produtividade de espigas sem palha; AP – Altura de plantas; DC- Diâmetro do colmo; FF – Número de dias da emergência ao florescimento feminino.

5.0 CONCLUSÕES

As variedades locais de milho doce sugary1 do EOSC apresentam potencial genético de combinação para os caracteres fenológicos, morfológicos, e agronômicos com importância para o melhoramento, com existência de variabilidade, resultante da ação de efeitos aditivos e não-aditivos no controle da expressão gênica, para a maioria dos caracteres avaliado.

As variedades 741B e 2276A apresentaram estimativas para CGC favoráveis à seleção com intuito de reduzir o ciclo vegetativos das variedades locais de milho doce do EOSC; a

variedade 741 B exibe estimativas favoráveis para diminuição da altura médias de plantas e aumento do diâmetro médio; as variedades 319A, 2276A e Cubano se destacaram com estimativas favoráveis para caracteres relacionados ao aumento da produtividade.

Os resultados fenológicos, morfológicos e agronômicos, e predominância da variação aditiva sugere a formação de populações compostas envolvendo os genótipos 741B, 2276A e 319A e Cubano.

As combinações 2276A x 319A, 2255A x 741B e 2029A x 319A em L1 e as combinações 2255A x 319A e 2255A x 2276A em L2, apresentam potencial para exploração em programa de melhoramento interpopulacional, dentro do contexto dos agricultores do EOSC, com uso direto híbridos intervarietais.

Na análise de predição de compostos envolvendo dois progenitores, a combinação 2276A x 319A se destacou com melhores resultados para produtividade ($10,0 \text{ t ha}^{-1}$) e diâmetro de colmo (16,8 mm), e uma altura média de 2,29 m, uma das menores dentre todos os compostos formados. Para os compostos envolvendo três genitores, a combinação 741B x 2276A x 319A, apresentou elevada produtividade ($9,9 \text{ t ha}^{-1}$) e diâmetro de colmo (17,1 mm), e uma altura média de 2,27 m.

6.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ASSUNÇÃO, A., et al. **Heterosis performance in industrial and yield components of sweet corn.** *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 10(3), 183-190, 2010.
- BARBIERI, V.H. B., et al. **Produtividade e rendimento industrial de híbridos de milho doce em função de espaçamento e populações de plantas.** *Hortic. Bras.*, Brasília, v.23, n.3, 2005.
- BEAL, W. J. **Indian Corn** Rep. Mich. Board Agric. 19:279–89, 1880.
- BORDALLO, P. D. N., et al. **Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total.** *Horticultura Brasileira*, 23(1), 123-127. 2005.
- BUTRÓN A., et al. **Agronomic performance of sweetcorn populations derived from crosses between sweetcorn and field corn.** *Journal of Agricultural Research* 6: 378: 384. Doi: 10.5424/sjar/2008063-330, 2008.
- CRUZ C. D.; REGAZZI A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 2.ed. rev. Viçosa: UFV. 390p, 2001.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 648 p. 2001.
- DEMÉTRIO, C. S., et al. **Performance of maize hybrids submitted to different row spacing and population densities.** *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 43, n. 12, p. 1691-1697, 2008.
- DESTRO, D; MONTALVÁN, R. **Melhoramento genético de plantas.** Londrina: Ed. UEL, 1999.
- DOUGLAS, S.K.; JUVIK, J.A.; SPLITTSTOESSER, W.E. **Sweet corn seedling emergence and variation in kernel carbohydrate reserves.** *Seed Science and Technology*, Zürich, v.21, n.3, p.433- 445, 1993.
- ENTRINGER, G. C., et al. **Super sweet corn breeding by backcross: a new choice for the brazilian market.** *Brazilian Journal of Agriculture-Revista de Agricultura*, 92(1), 12-26, 2017.
- FISCHER, K. S.; EDMEADES, G. O.; JOHNSON, E. C. **Recurrent Selection for Reduced Tassel Branch Number and Reduced Leaf Area Density above the Ear in Tropical Maize Populations 1.** *Crop science*, v. 27, n. 6, p. 1150-1156, 1987.
- GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B.; VENCOVSKY, R. **Estimation of genetic parameters of tassel characters in maize (*Zea mays* L.) and breeding perspectives.** *Relatorio Cientifico-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Inst. de Genetica (Brazil)*. no. 11., 1978.
- GOMES, M.S., et al. **Efeito da heterose na qualidade fisiológica de sementes de milho.** *Revista Brasileira de Sementes*, v.22, n.1, p.7-17, 2000.
- GONÇALVES G. M. B., et al. **Development and selection of super-sweet corn genotypes (sh2) through multivariate approaches.** *Bragantia* 77:536-545, 2018.
- GRIFFING, B. **Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems.** *Australian Journal of Biological Sciences*, v.9, p.463-493, 1956.
- GUISCHEM, J. M., et al. **Fungos associados a sementes de milho doce das cultivares BR 400 (bt), BR 441 (su) e BR 402 (SU).** *Revista Brasileira de Sementes*, Brasília, v. 24, n. 1, p. 247, 2001.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**, New York, p. 531, 2010.

HANSEN, L. A. **The inheritance of ten quantitative characteristics in sweet corn (*Zea mays* L.)**. Dissertation Abstr. Int. 37. 69b, 1976.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - **Censo 2010**. Disponível em: <http://www.censo2010.ibge.gov.br/>. Acesso em: jan. de 2015.

IBPGR. **Descriptors for Maize**. International Maize and Wheat Improvement Center, Mexico City/International Board for Plant Genetic Resources, Rome, 1991.

KIST, V., et al. **Genetic potential analysis of a maize population from Southern Brazil by modified convergent-divergent selection scheme**. Euphytica, v.176, p.25-36, 2010.

KIST, V., et al. **Genetic variability for carotenoid content of grains in a composite maize population**, Sci. Agric. v.71, n.6, p.480-487, November/December 2014.

KWIATKOWSKI, A.; CLEMENTE, E.; SCAPIM, C. A. **Agronomic traits and chemical composition of single hybrids of sweet corn**. Horticultura Brasileira, 29(4), 531-536, 2011.

LAMBERT, R. J.; JOHNSON, R. R. **Leaf Angle, Tassel Morphology, and the Performance of Maize Hybrids 1**. Crop Science, v. 18, n. 3, p. 499-502, 1978.

LEMOS M. A., et al. Capacidade geral e específica de combinação em híbridos simples de milho doce. Ciência e Agrotecnologia 23: 48-56. 1999.

LEMOS, M.A., et al. **Avaliação de dez linhagens e seus híbridos de milho superprecoce em um dialélio completo**. Horticultura brasileira, Brasília, v. 20, n. 2, p. 167-170, 2002.

LIZASO, J. I., et al. **Developing a sweet corn simulation model to predict fresh market yield and quality of ears**. Journal of the American Society for Horticultural Science, v. 132, n. 3, p. 415-422, 2007.

MACHADO, A. T.; NASS, L.L.; PACHECO, C. P. Cruzamentos intervarietais de milho avaliados em esquema dialélico parcial. Revista Brasileira de Milho e Sorgo (Impresso), v. 7, p. 291-304, 2008b.

MAPA - Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento. Descritores mínimos de milho (*Zea mays* L.). Sistema de proteção de cultivares. Publicado no Diário Oficial da União em 05/11/1997.

NASS, L. L., et al. **Combining ability of maize inbred lines evaluated in three environments in Brazil**. Scientia Agricola, Piracicaba, v. 57, p.129-134, 2000.

PAIVA, A. P.M. **Cruzamentos entre linhagens tropicais de milho doce e testadores com introgressão de germoplasma temperado**. Dissertação de Mestrado, Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrômicas, Botucatu, 62p, 2014.

PARENTONI, S., et al. **Avaliação da capacidade combinatória de dez linhagens de milho doce**. Horticultura Brasileira, 9(2), 1991.

PEREIRA FILHO, I. A.; CRUZ, J. C. **Cultivares de milho para o consumo verde**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, Circular Técnica 15, 2002.

PEREIRA FILHO, I. A.; TEIXEIRA, F. F. (Ed.) **O cultivo de milho-doce**. Brasília, DF: Embrapa, 298 p., 2016.

PEREIRA, A.F., et al. **Caracteres agrônômicos e nutricionais de genótipos de milho doce**. Biosci. J., Uberlândia, v. 25, n. 1, p. 104-112, Jan./Feb. 2009.

- REIS L.S., et al. **Efeito da heterose na qualidade de sementes de milho doce.** Revista Brasileira de Sementes 33: 310-315, 2011.
- ROJAS, B.A; SPRAGUE, G.F. **Uma comparação de componentes de variância em ensaios de produção de milho: III. Capacidade de combinação geral e específica e sua interação com locais e anos.** Agronomy Journal , v.44, p.462-466, 1952.
- SANTOS, P.H.A.D., et al. **Agronomic performance of super sweet corn genotypes in the north of Rio de Janeiro.** Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 14, n., p. 8-14. 2014.
- SCAPIM, C. A., et al. **Análise de cruzamentos dialélicos entre variedades de milho-doce-Su.** Revista Ceres, 43(245), 54-64, 1996.
- 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, v.30, p.683-686, 1995.
- SOUZA, R. de. **Diversidade de variedades crioulas de milho doce e adocicado conservadas por agricultores do oeste de Santa Catarina.** Universidade Federal de SANTA CATARINA, DISSERTAÇÃO (MESTRADO). 136P. FLORIANÓPOLIS. 2015
- SZOKE, C., et al. **Inheritance of Plant and Ear Height in Maize (Zea Mays L.).** Acta Agraria Debreceniensis, v. 8, p. 34–38, 2002.
- TAN, S. L.; YAP, T. C. **Performance of intervarietal crosses of maize and sweet corn and correlations among agronomic characters.** Malaysian Agric. Res. 2. 1-5, 1973.
- TEIXEIRA, F. F.; COSTA, F. M. **Caracterização de recursos genéticos de milho.** Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 10 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Com.Téc. 185), 2010.
- TEIXEIRA, F.F., et al. **Melhoramento do Milho-Doce.** Documento 154, 32 p. Embrapa Milho e Sorgo Sete Lagoas, MG, 2013.
- TEIXEIRA, F.F., et al. **Avaliação da capacidade de combinação entre linhagens de milho doce.** Ciênc. agrotec., Lavras, v.25, n.3, p.483-488, 2001.
- TRACY W.F. Sweet corn. In: Hallauer, A.R. **Specialty corn.** Boca Raton, p.155-198, 2001.
- VILELA, H. H., et al. **Características agronômicas do milho em diferentes estádios de maturação.** Rev. B. Industr. Anim. Nova Odessa, v. 65, n. 2, p. 123-130, abr-jun, 2008.

V. CONSIDERAÇÕES FINAIS

ENCAMINHAMENTOS E PERSPECTIVAS PARA UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO PARTICIPATIVO DE MILHO DOCE

As variedades locais de milho doce do Extremo Oeste de Santa Catarina apresentam potencial de uso como populações bases em programa de melhoramento participativo de milho doce. Dentre os resultados identificados neste estudo que permitem tal confirmação, está: existência de divergência morfológica para características de espiga e grão; identificação dos alelos mutantes (*su1* e *sh2*) responsáveis pelo fenótipo doce; constatação de potencial para o consumo na linha de milhos especiais, pelos elevados teores de açúcares solúveis totais; constatação do potencial genético para caracteres fenológicos, morfológicos agrônômicos; detecção da influência dos diferentes ambientes - Extremo Oeste e Litoral de Santa Catarina - sobre a expressão dos caracteres estudados; resultados significativos para efeitos de interações G x A nos diferentes ambientes; identificação de variedades com estabilidade e adaptação aos ambientes do EOSC; potencial genético de combinação para os caracteres com importância para o melhoramento de milho doce; existência de variabilidade, resultante da ação de efeitos aditivos e não-aditivos no controle da expressão gênica, para a maioria dos caracteres avaliado; e identificação de compostos promissores envolvendo dois e três genitores.

Os subsídios científicos desta pesquisa servirão como base na definição das futuras ações a serem desenvolvidas junto aos mantenedores, visando o fortalecimento da conservação pelo uso do germoplasma local de milho doce e a estruturação de um programa pioneiro de melhoramento genético participativo, de acordo com uma proposta diferenciada, voltada para à realidade e ao agroecossistema particular dos agricultores desta região.

Dentro deste contexto, as ações futuras do programa serão definidas em conjunto com a comunidade local, visto que, em pesquisas participativas, os melhores resultados são obtidos quando os diferentes atores interagem com saberes e tipos de conhecimentos (científico, local, popular, todos igualmente relevantes), e através de diálogo constroem socialmente os conhecimentos. Com enfoque de desenvolvimento territorial, através do desenvolvimento de um programa de melhoramento participativo de milho doce, a pesquisa deve buscar desenvolver um trabalho voltado para a comunidade local e que seja de interesse dos atores locais, que vejam nesse programa uma forma de obtenção de renda e, conseqüentemente, de conservação da diversidade de milho doce.

O primeiro passo para alcançar tais objetivos é a discussão dos resultados alcançados junto às organizações locais, o poder público e os mantenedores de variedades locais de milho doce, em especial as agricultoras, maiores responsáveis pela conservação deste tipo de milho

no EOOSC. É importante discutir e elencar os principais desafios e perspectivas relacionados à conservação da diversidade genética do milho doce, e de que forma o desenvolvimento de um programa de melhoramento participativo pode fortalecer a conservação *on farm*. A apresentação dos resultados da pesquisa faz com que a comunidade local tenha conhecimento e se aproprie das informações geradas pelo trabalho, visto que o interesse em desenvolver um programa de melhoramento deve partir dos mantenedores, bem como dos agricultores que conservam o germoplasma.

Um segundo passo, que fortalece a conservação e o uso das variedades locais de milho doce, é a realização de novos ensaios de campo, a partir das estratégias:

- ✓ Realização de ensaios em unidades de produção familiar dos municípios;
- ✓ Divulgação da condução dos ensaios nos municípios, através de rádio, jornal e em encontros de organizações locais.
- ✓ Participação dos agricultores como estratégias de tornar os agricultores os atores ativos nas atividades de caracterização das variedades.
- ✓ Colheita das espigas para caracterização e avaliação.
- ✓ Comercialização do excedente de milho verde dos ensaios, em feiras de produtos agrícolas, para merenda escolar pelo programa PNAE (Programa Nacional de Alimentação Escolar), e para organizações locais. Estratégias que visam aumentar o consumo de milho doce pela população local.
- ✓ Discussão dos resultados em dias de campo junto as comunidades de agricultores.

A partir destas etapas serão definidos os métodos de condução do melhoramento junto aos atores locais envolvidos no programa, de acordo com as linhas de trabalho sugeridas na presente tese. A primeira diz respeito ao desenvolvimento de um programa de seleção recorrente intrapopulacional das variedades com maiores potenciais, como por exemplo, a variedade 3000A e 319A. Entretanto, o melhoramento de apenas uma variedade poderia levar ao cultivo e à conservação apenas deste material, o que ocasionaria a perda das demais, indo contra a proposta de incentivo à conservação da diversidade. Neste caso, a segunda linha de melhoramento, que permite ao programa uma maior variabilidade potencial de seleção e a conservação do pool gênico de um maior número de populações, é a formação de populações compostas, proporcionado a partir do estudo dos híbridos intervarietais. A formação de populações compostas vai ao encontro dos resultados encontrados nesta tese. As variedades locais identificadas como mantenedoras do genótipo *su/su1* para o fenótipo doce apresentam potencial para essa abordagem de melhoramento por apresentarem dissimilaridade entre elas para caracteres quantitativos de espiga e grão, potencial agrônômico e bioquímico e estimativas

favoráveis de combinação para efeitos associados a capacidade geral de combinação. A formação de compostos apresenta inúmeras vantagens, como: fácil condução; a possibilidade de formação de mais de um composto; a condução das áreas de cruzamentos nos diferentes municípios; e a geração de variabilidade importante para o melhoramento e a conservação.

A partir da formação de populações compostas também é possível o desenvolvimento de um programa futuro de melhoramento intrapopulacional, mas utilizando como base uma população composta. Nesta estratégia, a escolha dos compostos e dos métodos de seleção, assim como a definição dos critérios de seleção, devem ser estabelecidos por meio de estratégias participativas, através de reuniões locais, com as agricultoras e agricultores mantenedores de germoplasma local de milho doce.

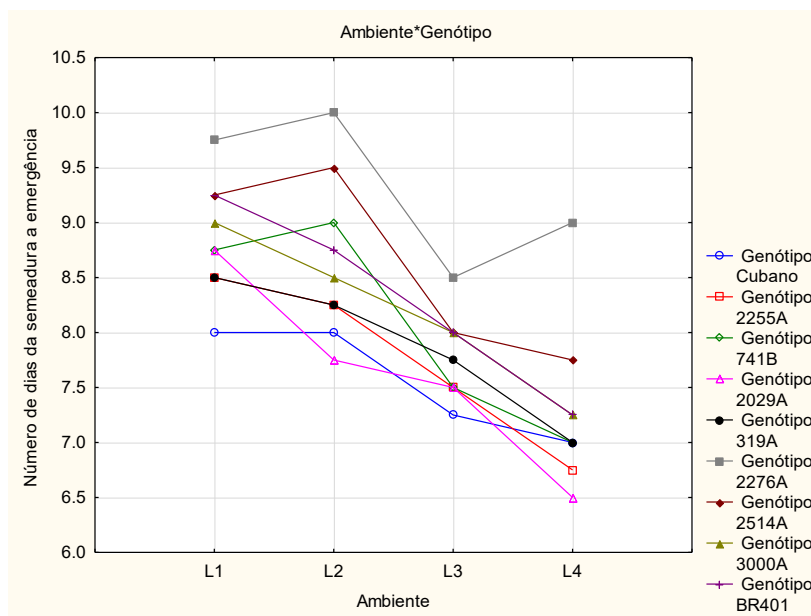
Para o fechamento de cada etapa, seja de condução de ensaios ou de melhoramento propriamente dito, visando a continuidade da conservação *in situ on farm*, é fundamental a multiplicação e intercâmbio das sementes, uma prática comum entre os agricultores que conservam sementes locais.

Por fim, tendo em vista os resultados levantados pelo presente estudo, novos estudos devem complementar o conhecimento e a construção do programa de melhoramento. Dentre eles:

- ✓ Análise das propriedades bioquímicas dos grãos das variedades locais e dos híbridos intervarietais, considerando os diferentes agroecossistemas da região, os sistemas de manejos locais e as altitudes em que as variedades são cultivadas;
- ✓ Obtenção da Indicação Geográfica dos milhos crioulos do EOSC, incluindo milho comum, pipoca e doce. A indicação possibilitará a conservação e valorização do germoplasma local e dos saberes tradicionais associados a ele.
- ✓ Análise sensorial das variedades, visando avaliar a aceitação por partes dos consumidores;
- ✓ Estudo do potencial adaptativo das variedades e dos híbridos frente as principais doenças e pragas da cultura, especialmente as que afetam a espiga, produto final deste tipo de milho;
- ✓ Identificação do alelo mutante responsável pelo fenótipo doce na variedade 2433 F.

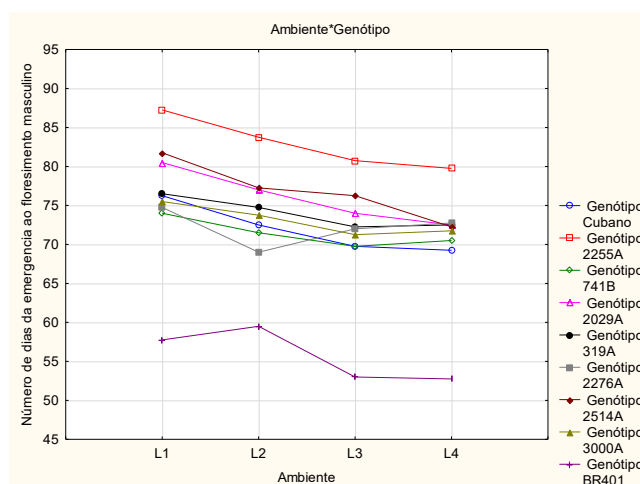
VI. APÊNDICES

Apêndice A: Gráfico da análise conjunta para número de dias da sementeira a emergência para quatro ensaios de variedades de milho doce, Safra 2017/2018.



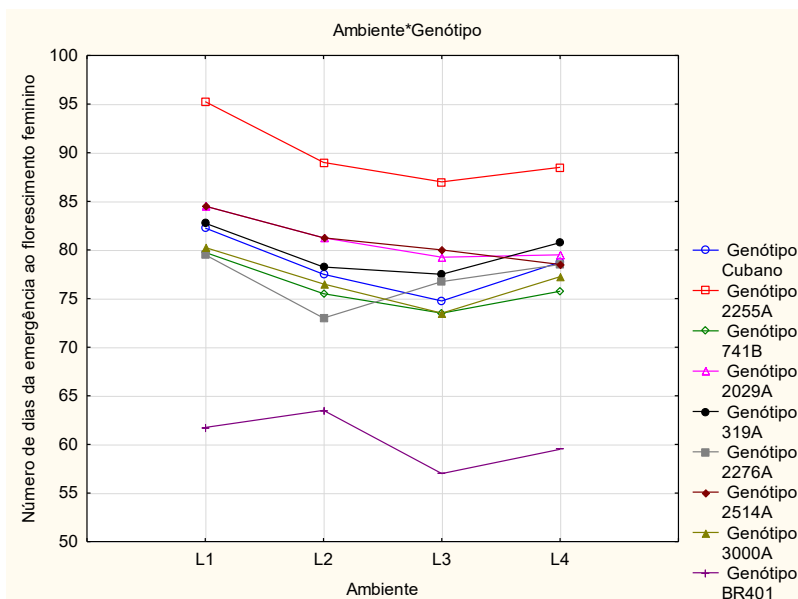
Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude; L4 – Florianópolis a 5 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,000; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,344; Média Geral: 8,1 dias; CV%: 6,7%;

Apêndice B: Gráfico da análise conjunta para número de dias da emergência ao florescimento masculino para quatro ensaios de variedades de milho doce, Safra 2017/2018.



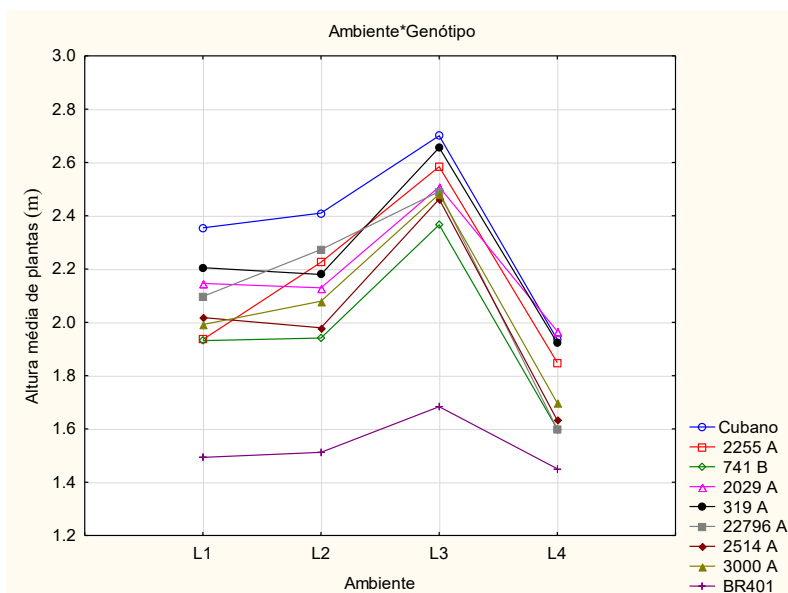
Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude; L4 – Florianópolis a 5 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,001; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,0018; Média Geral: 72,7 dias; CV%: 2,847%;

Apêndice C: Gráfico da análise conjunta para número de dias da emergência ao florescimento feminino para quatro ensaios de variedades de milho doce, Safra 2017/2018.



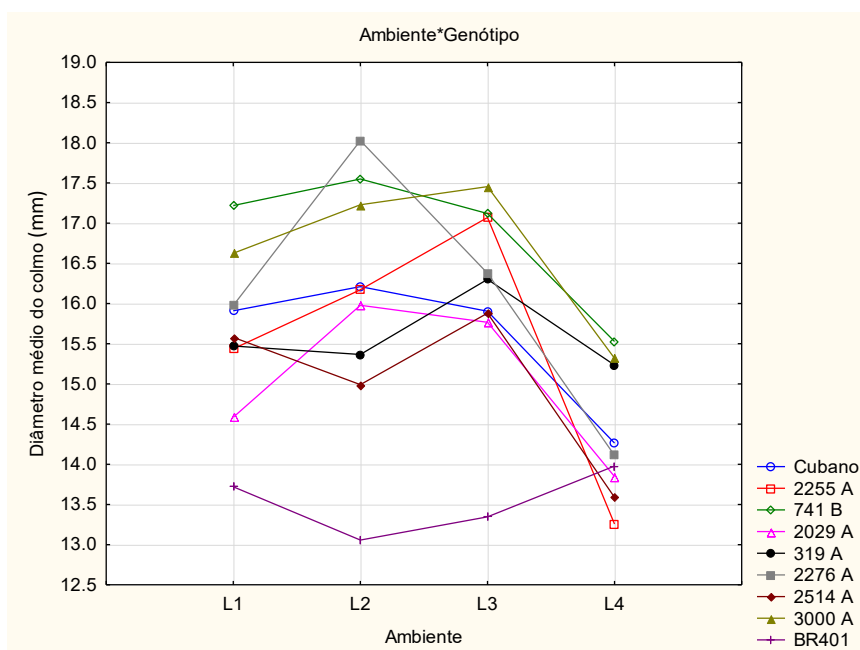
Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude; L4 – Florianópolis a 5 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,0084; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,0043; Média Geral: 77,8 dias; CV%: 2,78%;

Apêndice D: Gráfico da análise conjunta para altura média de plantas (m) para quatro ensaios de variedades de milho doce, Safra 2017/2018.



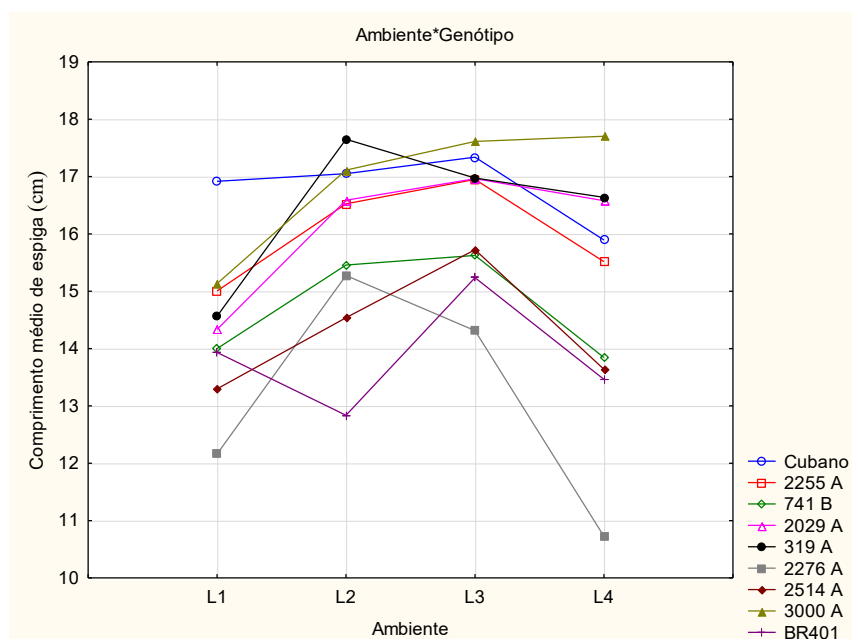
Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude; L4 – Florianópolis a 5 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,000; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,0013; Média Geral: 2,07 m; CV%: 6,73%;

Apêndice E: Gráfico da análise conjunta para diâmetro do colmo (mm) para quatro ensaios de variedades de milho doce, Safra 2017/2018.



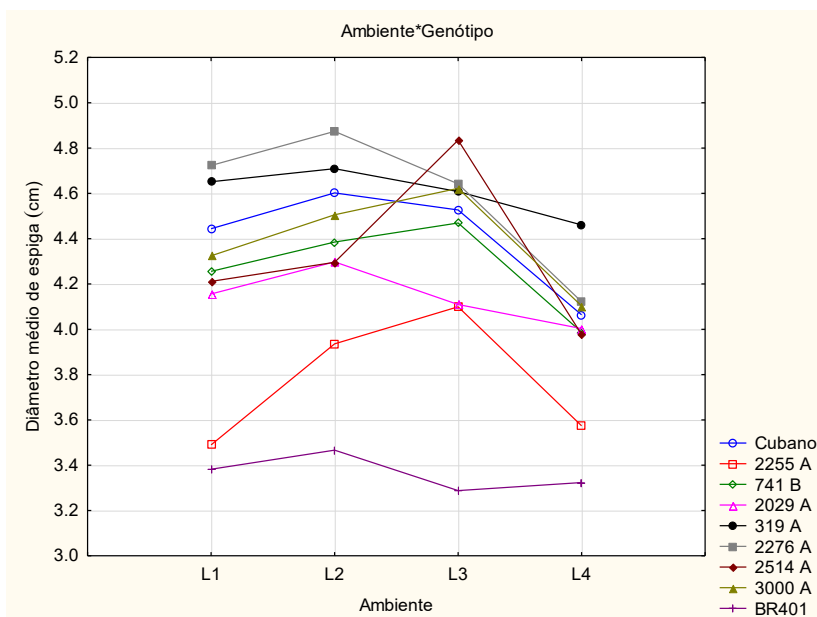
Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude; L4 – Florianópolis a 5 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,000; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,019; Média Geral: 15,5 mm; CV%: 6,64%;

Apêndice F: Gráfico da análise conjunta para comprimento da espiga sem palha (cm) para quatro ensaios de variedades de milho doce, Safra 2017/2018.



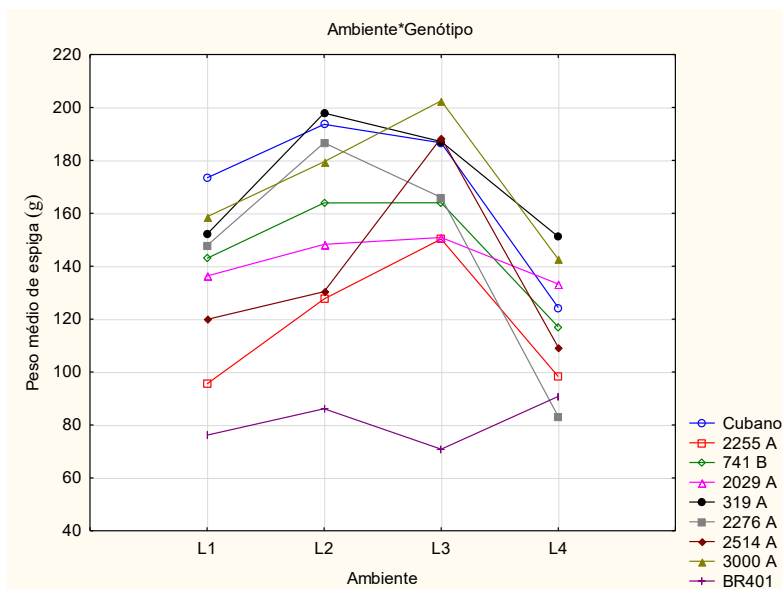
Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude; L4 – Florianópolis a 5 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,000; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,0024; Média Geral: 815,1 cm; CV%: 7,34%;

Apêndice G: Gráfico da análise conjunta para diâmetro da espiga sem palha (cm) para quatro ensaios de variedades de milho doce, Safra 2017/2018.



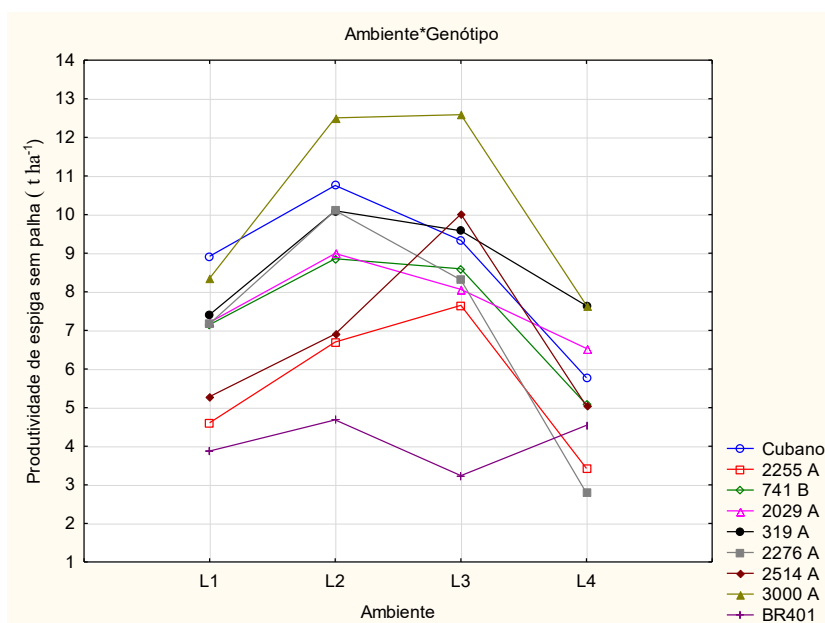
Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude; L4 – Florianópolis a 5 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,000; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,0016; Média Geral: 4,21cm; CV%: 4,69%;

Apêndice H: Gráfico da análise conjunta para peso médio de espiga sem palha (g) para quatro ensaios de variedades de milho doce, Safra 2017/2018.



Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude; L4 – Florianópolis a 5 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,000; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,000; Média Geral: 143,2 g; CV%: 14,36%;

Apêndice I: Gráfico da análise conjunta para produtividade de espigas sem palha ($t\ ha^{-1}$) para quatro ensaios de variedades de milho doce, Safra 2017/2018.



Ambientes: L1 – Anchieta a 717 m de altitude; L2 – Guaraciaba a 624 m e altitude; L3 – Anchieta a 422 m de altitude; L4 – Florianópolis a 5 m de altitude. Prob. F-teste: Ambiente: 0,000; Genótipo: 0,000; Interação Genótipo x Ambiente: 0,0037; Média Geral: $7,4\ t\ ha^{-1}$; CV%: 19,17%.

Apêndice J. Valores de probabilidades (F-teste) para análise conjunta dos ensaios contendo sete variedades locais de milho doce sugary1, e duas testemunhas (Cubano e BR401), conduzidos em três ambientes do Extremo Oeste de Santa Catarina, 2017/2018.

Caracteres Avaliados¹											
FV	GL	AE	AP	PRE	DC	CPP	NRP	NF	PL	CE	DE
Ambiente	2	0.000 ²	0.000	0.250	0.168	0.318	0.380	0.243	0.000	0.000	0.002
Genótipo	8	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.156	0.000	0.000
Interação G x A	16	0.438	0.225	0.754	0.567	0.033	0.027	0.288	0.000	0.045	0.006
Bloco (A)	8	0.000	0.000	0.022	0.350	0.869	0.097	0.236	0.111	0.266	0.875
QM ³ Resíduo	64	0.013	0.018	0.001	1.288	5.520	8.013	0.065	0.021	1.075	0.038
Média		1.3	2.2	0.6	16.0	22.9	22.3	5.6	1.3	15.6	4.3
CV%		8.8	6.1	4.6	7.1	10.3	12.7	4.6	10.9	6.6	4.5
Caracteres Avaliados¹											
FV	GL	NFE	NGF	DS	CG	TP	DP	SAN	PE	PCP	PSP
Ambiente	2	0.000 ²	0.003	0.013	0.445	0.123	0.042	0.010	0.000	0,000	0.000
Genótipo	8	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0,000	0.000
Interação G x A	16	0.098	0.436	0.125	0.048	0.231	0.037	0.737	0.045	0.503	0.055
Bloco (A)	8	0.176	0.807	0.860	0.270	0.438	0.381	0.426	0.082	0,368	0.132
QM ³ Resíduo	64	0.378	19.828	0.021	0.036	1.495	0.030	0.022	452.650	5.997	2.211
Média		14.1	31.0	2.5	1.8	8.1	1.0	4.7	152.8	12.6	8.2
CV%		4.4	14.4	5.8	10.3	15.1	18.2	3.1	13.9	19.5	18.2

¹ Caracteres Avaliados: AP - altura de planta (m); AE – altura de espiga(m); PRE – posição relativa da espiga (AE/AP); DC- Diâmetro do colmo (mm); CPP – Comprimento do pendão principal (cm); NRP – Número de ramificações do pendão; PL – Prolificidade; CE – Comprimento da espiga (cm); DE – Diâmetro da espiga (cm); NFE – Número de fileiras da espiga; NFG – Número de fileiras de grãos por espiga; DS – Diâmetro do sabugo (cm); CG – comprimento do grão (cm); TP – Tamanho da palha (cm); DP – Diâmetro da camada de palha (cm); SAN -Sanidade; PE – Peso médio da espiga (g); PCP – Produtividade de espigas com palha (t ha⁻¹); PSP – Produtividade de espigas sem palha (t ha⁻¹). ²Prob.. F-teste; ³QM – Quadrado médio do resíduo.

Apêndice K. Valores de probabilidades (F-teste) para análise conjunta dos ensaios contendo sete variedades locais de milho doce sugary1 e uma testemunha (Cubano), conduzidos em três ambientes do Extremo Oeste de Santa Catarina, 2017/2018.

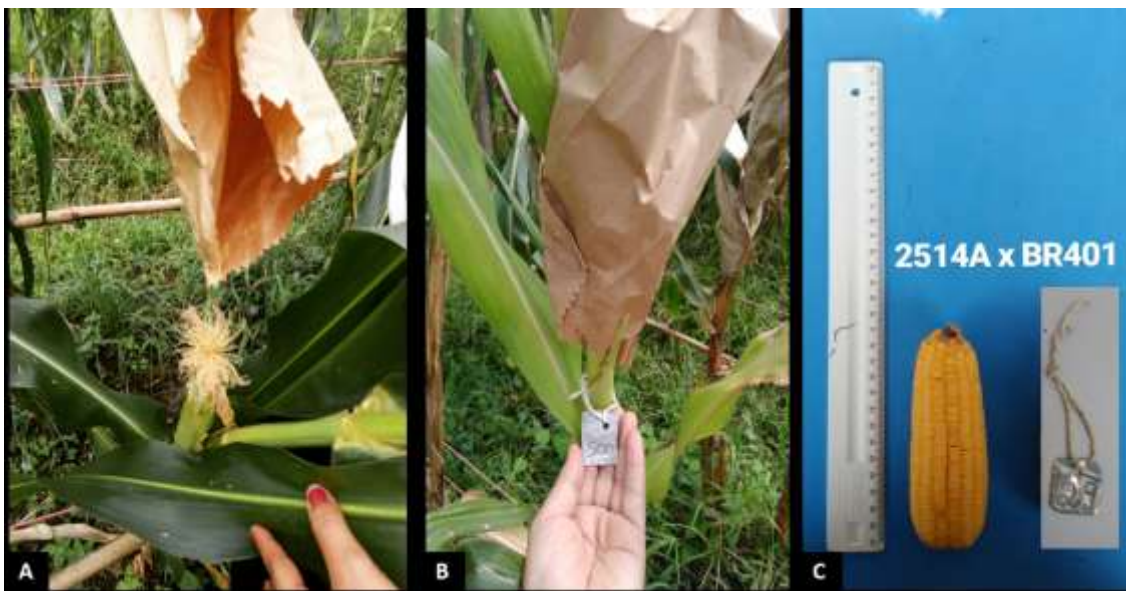
Caracteres Avaliados¹											
FV	GL	AE	AP	PRE	DC	CPP	NRP	NF	PL	CE	DE
Ambiente	2	0.000 ²	0.000	0.389	0.091	0.037	0.094	0.096	0.000	0.000	0.001
Genótipo	8	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000	0.094	0.000	0.000
Interação G x A	16	0.570	0.534	0.809	0.590	0.764	0.105	0.321	0.020	0.484	0.013
Bloco (A)	8	0.001	0.003	0.063	0.368	0.807	0.247	0.710	0.247	0.313	0.930
QM ³ Resíduo	64	0.014	0.019	0.001	1.313	5.636	8.275	0.063	0.020	1.181	0.041
Média		1.3	2.3	0.6	16.3	23.4	22.8	5.7	1.3	15.8	4.4
CV%		8.8	6.1	4.7	7.0	10.1	12.6	4.4	10.6	6.9	4.6
Caracteres Avaliados¹											
FV	GL	NFE	NGF	DS	CG	TP	DP	SAN	PE	PCP	PSP
Ambiente	2	0.000 ²	0.002	0.008	0.560	0.078	0.001	0.000	0.003	0.000	0.000
Genótipo	8	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000
Interação G x A	16	0.452	0.604	0.220	0.051	0.362	0.638	0.128	0.249	0.855	0.159
Bloco (A)	8	0.231	0.878	0.934	0.420	0.537	0.537	0.151	0.102	0.481457	0.232
QM ³ Resíduo	64	0.403	22.232	0.024	0.040	1.547	0.030	505.6	0.009	6.61	2.45
Média		14.3	31.8	2.5	1.9	8.1	1.0	162.2	4.8	13.4	8.7
CV%		4.4	14.8	6.1	10.4	15.4	17.2	13.9	1.9	19.2	18.0

¹ Caracteres Avaliados: AP - altura de planta (m); AE – altura de espiga(m); PRE – posição relativa da espiga (AE/AP); DC- Diâmetro do colmo (mm); CPP – Comprimento do pendão principal (cm); NRP – Número de ramificações do pendão; PL – Prolificidade; CE – Comprimento da espiga (cm); DE – Diâmetro da espiga (cm); NFE – Número de fileiras da espiga; NFG – Número de fileiras de grãos por espiga; DS – Diâmetro do sabugo (cm); CG – comprimento do grão (cm); TP – Tamanho da palha (cm); DP – Diâmetro da camada de palha (cm); SAN -Sanidade; PE – Peso médio da espiga (g); PCP – Produtividade de espigas com palha (t ha⁻¹); PSP – Produtividade de espigas sem palha (t ha⁻¹). ²Prob.. F-teste; ³QM – Quadrado médio do resíduo.

Apêndice L: Caracterização morfológica das variedades locais de milho doce coletadas no EOSC. **A** – Avaliação de espiga; **B**- Avaliação de grão.



Apêndice M: Cruzamentos alélicos para identificação dos genes mutantes responsáveis pelo fenótipo doce das variedades locais de milho do EOSC. **A** – Polinização da espiga com pólen de cultivares de genótipo conhecidos; **B** - Proteção da espiga polinizada e identificação do cruzamento; **C** – Avaliação visual da espiga quanto ao tipo de grão resultante do cruzamento.



Apêndice N: Ensaios de avaliação das variedades locais de milho doce sugary1 e dos híbridos intervarietais, Safra 2017/2018. **A** – Implantação do ensaio em na unidade de produção familiar de Anchieta; **B** – Colheita do ensaio em uma unidade de produção familiar de Guaraciaba.



Apêndice O: Avaliação pós colheita dos ensaios de avaliação das variedades locais de milho doce sugary1 e dos híbridos intervarietais, Safra 2017/2018. Apoio das estudantes de graduação em agronomia da Universidade Federal da Fronteira Sul (Tamires Schapuis Wendling e Cassiane Uliana) e da comunidade local de Anchieta.



Apêndice P: Espigas durante as avaliações pós colheita dos ensaios de avaliação das variedades locais de milho doce sugary1 e dos híbridos intervarietais, Safra 2017/2018. A – Avaliação de espigas com palha; B- avaliação de espigas sem palha.

