

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

Samuel Henrique Kamphorst

POPULAÇÃO COMPOSTA LOCAL DE MILHO MPA1:
EFICIÊNCIA DO ESQUEMA CONVERGENTE-DIVERGENTE DE
SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL E
INTROGRESSÃO DO GENE *br2*

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, da Universidade Federal de Santa Catarina, como parte do requisito para obtenção do título de Mestre em Ciências, área de concentração em Recursos Genéticos Vegetais.

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

Florianópolis
2014

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

Kamphorst, Samuel Henrique

POPULAÇÃO COMPOSTA LOCAL DE MILHO MP1: EFICIÊNCIA DO
ESQUEMA CONVERGENTE-DIVERGENTE DE SELEÇÃO RECORRENTE
INTRAPOPOPULACIONAL E INTROGRESSÃO DO GENE br2 / Samuel
Henrique Kamphorst ; orientadora, Juliana Bernardi
Ogliari - Florianópolis, SC, 2014.

217 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Santa
Catarina, Centro de Ciências Agrárias. Programa de Pós-
Graduação em Recursos Genéticos Vegetais.

Inclui referências

1. Recursos Genéticos Vegetais. 2. milho (*Zea mays* L.).
3. seleção recorrente convergente-divergente de família de
meio-irmãos. 4. introgressão do gene br2. I. Ogliari,
Juliana Bernardi . II. Universidade Federal de Santa
Catarina. Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos
Vegetais. III. Título.

Aos meus pais Edeimar (*em memória*) e Rosane, e ao meu irmão Daniel
Dedico e Ofereço.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Santa Catarina, e ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, por possibilitar a formação acadêmica em nível de Mestre em Ciências.

À minha orientadora Prof^a. Dr^a. Juliana Bernardi Ogliari pela orientação e ensinamentos concedidos durante a excussão do projeto, por acreditar em mim e muito contribuir para meu crescimento profissional e pela oportunidade de realizar este trabalho.

Ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais pelo convívio e aprendizado, sobretudo, aos Professores Nodari e Maurício.

À minha família, em especial para minha mãe Rosane Kamphorst, pelo carinho, apoio, paciência e incentivo.

Aos colegas do Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade que participaram diretamente deste trabalho e me ensinaram e ajudaram em muitos os momentos. Especialmente para Rosenilda de Souza, Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves, Mayara Zanatta, Rafael Vidal, Natália Carolina de Almeida Silva, Kelly Justin, André Felipe Lohn, Flaviane Malaquias Costa, Tassiane Terezinha Pinto e Guilherme Osório.

Aos meus amigos que fizeram parte desses momentos sempre me ajudando e incentivando. De maneira especial para aqueles do PPG-RGV, Liliana Pila, Tarsis de Aguiar, Fernando David Sanchez Mora, Lido Borsuk Daniel José Rosa e Lucilene de Abreu, e de igual forma, para aqueles meus amigos externos, Letícia Camini Constantin, Franciele Theves da Rosa, Fernando Ribeiro, Jéssica Cristina e Isabel Haas.

As famílias dos agricultores Azir e Albertina Balbinot de Guaraciaba, Hilário Roman de Anchieta e Sidnei Giordani de Novo Horizonte, pela parceria, disponibilização das áreas, dedicação durante a condução dos experimentos e pelo enorme conhecimento transmitido.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior e ao Ministério do Desenvolvimento Agrário, pelo apoio financeiro.

Muito obrigado!

RESUMO: Uma alternativa para garantir a produtividade de grãos de milho em sistemas de produção de pequena escala com baixo uso de insumos aponta para o cultivo de variedades de polinização aberta. Nesse sentido, a população composta local de milho MPA1, proveniente da região Oeste de Santa Catarina, foi selecionada para ser usada como população-base de um processo cíclico de melhoramento genético participativo. Os parâmetros estatístico-genéticos estimados para as populações derivadas de MPA1 indicaram que os esforços com a seleção para o aumento da produtividade de grãos também contribuíram para elevar a estatura de planta. Por essa razão, a introgressão do gene *br2* derivado da população Piranão-VD2 foi a estratégia adotada para reduzir a estatura da população MPA1-C1, resultante do primeiro ciclo de seleção recorrente. Diante disso, o objetivo desse trabalho foi (i) verificar a eficiência de dois ciclos de seleção pelo esquema de seleção recorrente convergente-divergente de famílias de meio-irmãos (SRCDFMI); (ii) avaliar o potencial das populações derivadas de MPA1, com 50 % (F_2) e 25 % (RC_1F_2) do *background* genético de Piranão-VD2, para o desenvolvimento de populações melhoradas; (iii) orientar as estratégias de seleção para o programa de melhoramento genético da população MPA1 com e sem *br2*. Para tanto, foram conduzidos experimentos em quatro agroecossistemas de SC, na safra 2012/2013, onde foram avaliados caracteres fenológicos, morfológicos, e agrônômicos (pré-colheita e pós-colheita). O esquema de seleção convergente-divergente praticado para aumento de rendimento de grãos proporcionou efeitos indiretos na posição relativa da espiga, diâmetro médio de colmo, quantidade de raízes adventícias e número de fileiras de grãos na população MPA1-C1, e para no peso de mil grãos, na população MPA1-C2, resultante do segundo ciclo de seleção. Na análise conjunta dos experimentos, a média de produtividade das populações MPA1-C1 e MPA1-C2 foi de 5,67 a 5,70 t ha⁻¹, respectivamente. A ausência de incrementos significativos na produtividade de grãos nas populações resultantes dos dois ciclos de seleção pelo esquema SRCDFMI pode ser explicada, em parte, pela intensidade de seleção branda aplicada nos primeiros dois ciclos e, por outro lado, pelo reduzido número de ciclos de seleção praticados até o momento. Por isso, maiores pressões de seleção para o aumento da produtividade de grãos deveriam ser praticadas nos próximos ciclos. Para as populações derivadas de MPA1 com 25% e 50% do *background* genético de Piranão-VD2 e o genitor recorrente (MPA1-C1), a altura média de planta variou de 2,24 a 2,27 m, respectivamente. Na análise conjunta dos experimentos, a média de produtividade variou de 4,87 a 5,67 t ha⁻¹

para esses mesmos tratamentos. A recuperação do genitor recorrente na população segregante RC_1F_2 com 75% dos genes de MPA1-C1 permitiu que os valores médios de produtividade de grãos fossem restabelecidos, indicando que esta população parece ser a mais apropriada para os próximos ciclos de seleção recorrente intrapopulacional. A população MPA1-C0, assim como as populações derivadas dos dois ciclos de seleção (MPA1-C1 e MPA1-C2) e as populações F_2 e RC_1F_2 , não apresentaram efeitos significativos de interação genótipo X ambiente para a produtividade de grãos e seus principais componentes de rendimento. Em decorrência do bom desempenho registrado para essas variáveis, os tratamentos mostraram-se adaptadas aos distintos locais em que foram avaliados.

Palavras-chave: milho (*Zea mays* L.); seleção recorrente convergente-divergente de família de meio-irmãos; introgressão do gene *br2*.

ABSTRACT: An alternative to ensure maize grain yield in small-scale production systems using low input is the use of open-pollinated varieties. Therefore, the MPA1 maize population, from the west region of Santa Catarina, was selected as the base population of a cyclical process of participatory breeding. The genetic-statistic parameters estimated for the MPA1-derived populations showed that efforts for selection to increase grain yield also contributed to raise plant height. For this reason, the introgression of the *br2* gene derived from the Piranão-VD2 population was the approach performed to reduce the height of MPA1-C1 population, resulting from the first cycle of recurrent selection. The aims of this study were (i) to verify the efficiency of two cycles of selection by the convergent-divergent half-sib family recurrent selection (SRCDFMI); (ii) to assess the potential of the MPA-derived populations with 50% (F_2) and 25% (RC_1F_2) of the genetic background of Piranão-VD2 for the development of improved population; (iii) to guide selection strategies for the genetic improvement program of MPA1 population using or not *br2* gene. For this purpose, experiments were conducted in four agroecosystems in the state of Santa Catarina, during the 2012/2013 harvesting. Phenological, morphological and agronomic (pre-harvesting and post-harvesting) parameters were evaluated. The convergent-divergent selection used to increase yield caused indirect effects on the relative position of the ear, the stem diameter, the number of adventitious roots and the number of rows of kernels per ear of the MPA1-C1 population, as well as on the weight of a thousand grain of the MPA1-C2 population. Analyzing the experiments, the average yields of MPA1-C1 and MPA1-C2 range from 5.67 to 5.70 t ha⁻¹, respectively. The absence of significant raise in grain yield in populations resulting from two cycles of selection by the SRCDFMI scheme can be explained, in part, by the moderate selection applied in the first cycles and, also, by the small number of selection cycles practiced until now. Thus, higher selection pressures for raising grain yield should be practiced in the next cycles. For MPA1-derived populations with 25% and 50% of the Piranão-VD2 genetic background and MPA1-C1 as recurrent parent, the average plant height ranged from 2.24 to 2.27 m and the average yield ranged from 4.87 to 5.67 t ha⁻¹. The recovery of the recurrent parent in the RC_1F_2 segregating population having 75% of MPA1-C1 genes allowed the average values of grain yield be restored, indicating that this population is more suitable for the next cycles of intrapopulation recurrent selection. The MPA1-C0 population as well as populations derived from the two cycles of selection (MPA1-C1 and MPA1-C2) and the RC_1F_2 and F_2 populations

showed no significant genotype X environment interaction for grain yield and their main components of yield. The good performance observed for these variables showed that the treatments were adapted to the different environments.

Keywords: maize (*Zea mays* L.); convergent-divergent recurrent selection half-sib family; *br2* gene introgression.

LISTAS DE FIGURAS

CAPÍTULO 01

Figura 1 - Florescimento médio masculino (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	101
Figura 2 - Florescimento médio feminino (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	103
Figura 3 - Maturação fisiológica média (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	105
Figura 4 - Altura média de espigas (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	107
Figura 5 - Altura média de planta (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	109
Figura 6 - Posição relativa média de espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	111

Figura 7 - Comprimento médio de pendão (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	113
Figura 8 - Diâmetro médio de colmo (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	115
Figura 9 - Número médio de ramificações de pendão das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	117
Figura 10 - Quantidade média de raízes adventícias das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	119
Figura 11 – Inclinação média de espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	121
Figura 12 - Prolificidade média das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	123

Figura 13 - Percentagem média de plantas tombadas (%) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	125
Figura 14 - Número médio de fileiras por espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	127
Figura 15 - Número médio de grãos por fileira das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	129
Figura 16 - Peso médio de mil grãos (g) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	131
Figura 17 - Grau médio de empalhamento das espigas (nota) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	133
Figura 18 – Empalhamento médio das espigas (nota) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	135

Figura 19 - Diâmetro médio das espigas (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	137
Figura 20 - Comprimento médio das espigas (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	139
Figura 21 - Produtividade média de grãos ($t\ ha^{-1}$) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	141

CAPÍTULO 02

Figura 22 - Florescimento médio masculino (dias) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	185
Figura 23 - Florescimento médio feminino (dias) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	187
Figura 24 - Altura média de espiga (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2	

((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	189
Figura 25 - Altura média de planta (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	191
Figura 26 - Posição relativa média de espiga das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	193
Figura 27 - Diâmetro médio de colmo (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	195
Figura 28 - Comprimento médio de pendão (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	197
Figura 29 - Número médio de ramificações de pendão das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	199

Figura 30 - Quantidade média de raízes adventícias das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	201
Figura 31 - Prolificidade média das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	203
Figura 32 - Percentagem média de plantas tombadas (%) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	205
Figura 33 - Número médio de fileiras por espiga das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	207
Figura 34 - Número médio de grãos por fileira das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	209
Figura 35 - Peso médio de mil grãos (g) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	211

Figura 36 - Diâmetro médio da espiga (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	213
Figura 37 - Comprimento médio da espiga (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	215
Figura 38 - Produtividade média de grãos (t ha ⁻¹) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	217

LISTAS DE TABELAS

CAPÍTULO 01

Tabela 1- Relação de abreviaturas das variáveis e suas denominações e unidades.....	44
Tabela 2 - Médias mensais de precipitação total (PT), temperatura máxima (TM), temperatura mínima (Tm), temperatura compensada (TC) e umidade relativa do ar (UR) em Florianópolis para os meses relativos ao período de condução dos experimentos na safra 2012/2013.	99
Tabela 3 - Médias mensais de precipitação total (PT), temperatura máxima (TM), temperatura mínima (Tm), temperatura compensada (TC) e umidade relativa do ar (UR) na região Oeste Catarinense para os meses relativos ao período de condução dos experimentos na safra 2012/2013.....	99
Tabela 4 - Florescimento médio masculino (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de	

polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	100
Tabela 5 - Florescimento médio feminino (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	102
Tabela 6 - Maturação fisiológica média (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	104
Tabela 7 - Altura média de espigas (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	106
Tabela 8 - Altura média de planta (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	108
Tabela 9 - Posição relativa média de espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	110
Tabela 10 - Comprimento médio de pendão (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	112

Tabela 11 - Diâmetro médio de colmo (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	114
Tabela 12 - Número médio de ramificações de pendão das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	116
Tabela 13 - Quantidade média de raízes adventícias das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	118
Tabela 14 - Inclinação média de espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	120
Tabela 15 - Prolificidade média das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	122
Tabela 16 - Percentagem média de plantas tombadas (%) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	124
Tabela 17 - Número médio de fileiras por espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-	

C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	126
Tabela 18 - Número médio de grãos por fileira das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	128
Tabela 19 - Peso médio de mil grãos (g) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	130
Tabela 20 - Grau médio de empalhamento das espigas (nota) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	132
Tabela 21- Empalhamento médio das espigas (nota) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	134
Tabela 22 - Diâmetro médio das espigas (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	136
Tabela 23 - Comprimento médio das espigas (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-	

C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	138
Tabela 24 - Produtividade média de grãos ($t\ ha^{-1}$) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	140

CAPÍTULO 02

Tabela 25 - Relação de abreviaturas das variáveis e suas denominações e unidades.....	149
Tabela 26 - Florescimento médio masculino (dias) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	184
Tabela 27 - Florescimento médio feminino (dias) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	186
Tabela 28 - Altura média de espiga (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	188
Tabela 29 - Altura média de planta (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂	

((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	190
Tabela 30 - Posição relativa média de espiga das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	192
Tabela 31 - Diâmetro médio de colmo (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	194
Tabela 32 - Comprimento médio de pendão (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	196
Tabela 33 - Número médio de ramificações de pendão das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	198
Tabela 34 - Quantidade média de raízes adventícias das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	200

Tabela 35 - Prolificidade média das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	202
Tabela 36 - Percentagem média de plantas tombadas (%) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	204
Tabela 37 - Número médio de fileiras por espiga das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	206
Tabela 38 - Número médio de grãos por fileira das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	208
Tabela 39 - Peso médio de mil grãos (g) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	210
Tabela 40 - Diâmetro médio da espiga (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.	212

Tabela 41 - Comprimento médio da espiga (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	214
Tabela 42 - Produtividade média de grãos (t ha ⁻¹) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F ₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC ₁ F ₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.....	216
Tabela 43: Altura média de planta: limite inferior, limite superior e amplitude (m) dos tratamentos MPA1-C1, F ₂ , RC ₁ F ₂ e da variedade Catarina para os diferentes locais na safra 2012/2013.....	155

SUMÁRIO

RESUMO	9
INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA	28
Referências Bibliográficas	33
OBJETIVOS.....	36
GERAIS.....	36
ESPECÍFICOS.....	36
CAPÍTULO 01: Efeito de dois ciclos de melhoramento genético participativo pelo esquema de seleção recorrente convergente-divergente de famílias de meio-irmãos em uma população composta local de milho do Oeste de Santa Catarina	37
1. Introdução	37
2. Material e métodos.....	43
2.1. Material Vegetal	43
2.2. Técnicas experimentais e tratos culturais	43
2.3. Caracteres avaliados	44
2.4. Análises estatísticas	47
2.4.1. Análise de variância	47
3. Resultados e discussão	48
3.1. Análises Básicas	48
3.2. Aspectos gerais dos experimentos	48
3.3. Avaliação e caracterização das populações derivadas de MPA1.....	48
3.3.1. Caracteres fenológicos	48
3.3.2. Caracteres morfológicos.....	53
3.3.3. Caracteres agronômicos pré-colheita	63
3.3.4. Caracteres agronômicos pós-colheita	66
3.4. Interação genótipo x ambiente.....	76
3.5. A população composta local MPA1 e o melhoramento genético participativo pelo esquema SRCDFMI	77
4. Conclusões	81
5. Referências bibliográficas	82
TABELAS E FIGURAS	97

CAPÍTULO 02: Desempenho agronômico e adaptativo de uma população composta local de milho em dois níveis de introgressão do *background* genético braquítico 143

1.	Introdução	143
2.	Material e métodos.....	147
2.1.	Material Vegetal.....	147
2.2.	Técnicas experimentais e tratos culturais	147
2.3.	Caracteres avaliados.....	148
2.4.	Análises estatísticas.....	151
2.4.1.	Análise de variância.....	151
3.	Resultados e discussão	151
3.1.	Análises Básicas.....	151
3.2.	Aspectos gerais dos experimentos.....	152
3.3.	Avaliação e caracterização das populações derivadas de MPA1.....	152
3.3.1.	Caracteres fenológicos	152
3.3.2.	Caracteres morfológicos	154
3.3.3.	Caracteres agronômicos pré-colheita.....	162
3.3.4.	Caracteres agronômicos pós-colheita.....	165
3.4.	Interação genótipo x ambiente	172
3.5.	As populações derivadas de MPA1 e a introgressão do gene <i>br2</i>	173
4.	Conclusões	175
5.	Referências bibliográficas.....	177
TABELAS E FIGURAS		183

INTRODUÇÃO E JUSTIFICATIVA

O milho é um cereal que se destaca na economia mundial, em virtude do seu potencial produtivo, composição química e valor nutricional. Com a crescente demanda de grãos registrada a cada ano, instituições públicas e privadas, por meio do melhoramento genético formal, desenvolvem cultivares, em maior parte, dependentes dos pacotes tecnológicos, buscando aumentar a produtividade e, conseqüentemente, a produção anual deste grão.

Em Santa Catarina (SC), particularmente na região Oeste, as cultivares híbridas quase sempre não conseguem expressar seu potencial produtivo, considerando que a região é caracterizada por estabelecimentos rurais com área média de 20 ha (Silva et al., 2003; Silva, *no prelo*) e cerca de um módulo fiscal/rural (BRASIL, LEI Nº 8.629, 1993), localizados em áreas de topografia acidentada, com solo de baixa fertilidade, periódicas condições de estresse hídrico (Ogliari et al., 2013) e cujo acesso às tecnologias modernas quase sempre é limitado. Para explorar o elevado potencial genético das cultivares melhoradas, em geral, o ambiente agrícola deve dispor de elevadas doses de adubação, defensivos agrícolas e irrigação, além de uso intensivo de máquinas e equipamentos (Bisognin et al., 1997; Smith et al., 2001).

Na região Oeste de SC, a produção do milho está intimamente atrelada ao processamento animal e, por sua vez, está associada à economia rural local preponderante, a produção leiteira (Silva, *no prelo*). Ressalta-se, no entanto, em menor volume, a quantidade de milho consumida diretamente pela família, sob a forma de matéria-prima essencial para uma ampla gama de produtos e no fabrico de diversos artigos artesanais (Ogliari et al., 2007; Kist et al, 2010; Ogliari et al., 2013). Muitas famílias produtoras desse cereal, contrariando as promessas de elevados índices de rendimento de grãos pelas cultivares híbridas geneticamente modificadas e não modificadas, ainda conservam variedades locais, crioulas e populações compostas desta espécie (Vogt, 2005; Ogliari & Alves, 2007; Kist et al., 2010, Ogliari et al., 2013). Deve-se também destacar que aquelas variedades mais antigas, que estão sendo conservadas pelos agricultores há muitos anos, estão adaptadas às condições edafoclimáticas e de manejo local, pelo fato de estarem em processo contínuo de evolução nesses agroecossistemas (Ogliari et al, 2013).

Diante disso, a evidente necessidade de desenvolver uma variedade de polinização aberta (VPA) adaptada e mais produtiva, que

atenda aos mais variados ambientes e sistemas de cultivo praticados pelos agricultores familiares do Oeste catarinense, motivaram o Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade (NEABio) da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC) a desenvolver pesquisas para caracterizar os recursos fitogenéticos dessa espécie, que são conservados pelos pequenos agricultores dessa região. Os resultados desses estudos revelaram que algumas variedades possuíam elevado potencial produtivo (Ogliari & Alves, 2007), adaptativo (Sasse, 2008) e nutricional (Kunhnen et al., 2010). Dentre elas, a população composta local de milho MPA1 reunia um conjunto de atributos de interesse regional. Essa constatação motivou os agricultores de Anchieta-SC a explorarem melhor o potencial dessa população e, por essa razão, foi selecionada para ser usada como população-base de um processo cíclico de melhoramento genético participativo. A prática dessa pesquisa participativa está contribuindo para a construção de um ambiente agrícola sustentável, para a agregação de valores socioambientais e para a minimização do efeito da perda da biodiversidade. Para Machado (2007), programas de pesquisas de melhoramento genético participativo podem criar as bases para a soberania alimentar das comunidades de pequenos agricultores rurais.

O programa de melhoramento genético participativo do Oeste de Santa Catarina recebe apoio do NEABio da UFSC desde 2001. A partir deste ano, a estratégia considerada adequada para explorar o potencial da população MPA1 foi um esquema de seleção recorrente modificado descrito em Kist (2006; 2010), Kist et al. (2010; *no prelo*) e Ogliari et al. (2013). O método intitulado seleção recorrente convergente-divergente de família de meio-irmão (SRCDFMI) foi fundamentado nos princípios da seleção recorrente convergente-divergente descritos por Lonnquist et al. (1979). Todavia, na pesquisa desenvolvida por Lonnquist et al. (1979), o conceito de convergente-divergente foi usado para formar uma população composta de milho com ampla adaptação para ser inserida em um programa de melhoramento populacional, enquanto no trabalho descrito em Kist et al. (2010), essa estratégia foi desenvolvida durante os ciclos de seleção recorrente intrapopulacional.

A proposta modificada descrita em Kist et al. (2010; *no prelo*) utiliza amostras independentes de famílias de meio-irmãos (FMI) de uma mesma população como unidade de seleção, as quais são avaliadas em distintos ambientes agrícolas de uma região de interesse. Cada amostra independente é avaliada em um ambiente diferente (fase divergente) e as melhores famílias de cada amostra e local,

posteriormente, são reunidas em um único lote isolado de despendoamento (fase convergente) para serem recombinadas.

Dois ciclos de SRCDFMI foram efetuados a partir da população original, denominada MPA1-C0, dando origem às populações MPA1-C1 (Kist et al., 2010), resultante do primeiro ciclo, e MPA1-C2, resultante do segundo ciclo (Kist et al., *no prelo*; Ogliari et al., 2013). O método de melhoramento pelo esquema SRCDFMI priorizou os caracteres rendimento de grãos e altura média de planta e aplicou intensidades de seleção brandas nos dois primeiros ciclos, com a finalidade de desenvolver uma variedade de polinização aberta mais produtiva e adaptada ao Oeste catarinense e ao sistema de manejo da agricultura familiar da região. A seleção praticada sobre elevadas intensidades minimiza os efeitos gerados por endogamia, decorrente da redução do tamanho efetivo populacional. Além disso, especificamente para a população MPA1, possibilita a liberação da variabilidade potencial, o que permite a quebra de blocos gênicos, especialmente aqueles que envolvem caracteres de importância na percepção dos agricultores do Oeste de SC (Ogliari et al., 2013).

No entanto, para a intensidade de 25% aplicada no primeiro ciclo, o progresso genético esperado a partir da seleção direta para a redução da altura média de planta foi limitado (Kist et al., 2010). Do ponto de vista agrônomo, plantas com elevada estatura estão mais propícias ao tombamento, contribuindo para a redução da qualidade e quantidade de grãos produzidos (Cepeda et al., 2000; Gama et al., 2003).

Kist et al (2006; 2010) também estudaram as correlações genéticas entre os caracteres produtividade de grãos e altura média de planta, em experimentos de avaliação de famílias de meio-irmãos, conduzidos nos dois primeiros ciclos de seleção praticados em MPA1. Como resultados dessas pesquisas, majoritariamente, foram encontrados coeficientes de correlação genética significativos e positivos, nas amostras de famílias avaliadas em ambos os ciclos de seleção. Os coeficientes de correlação genética de magnitude significativa e positiva indicaram que, possivelmente, os esforços na seleção de plantas para aumentar a produtividade de grãos também contribuiriam para elevar a estatura de plantas, simultaneamente.

Diante da condição deparada, membros do NEABio propuseram a introgressão de genes de efeito qualitativo na tentativa de reduzir a estatura média de planta da população MPA1, em processo cíclico de seleção. A prática de introgressão de genes de grande efeito fenotípico, tais como o gene *br2*, tem se mostrado favorável na obtenção de populações de milho de porte baixo (Rissi & Paterniani, 1981; Zanette

& Paterniani, 1992). O gene recessivo *br2*, condicionado apenas em homozigose, promove o encurtamento dos internódios das plantas e, conseqüentemente, o porte de plantas é reduzido. Na presença de *br2*, o encurtamento dos internódios das plantas braquíficas ocorre em decorrência de distúrbios no metabolismo de uma auxina responsável pelo alongamento da parede celular, sem efeito aparente de mudanças em outras características, tais como o tamanho de folhas e de espigas (Bandel, 1987). Assim, NEABio, em parceria com a Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ), realizou o cruzamento da população MPA1-C1 com a variedade braquítica denominada Piranão-VD2, portadora do gene *br2* em homozigose. Desse cruzamento, onde se utilizou a população MPA1-C1 como genótipo recorrente e a variedade Piranão VD-2 como genótipo doador, obtiveram-se as populações segregantes F₂ (MPA1-C1 x Piranão VD-2) e RC₁F₂ [(MPA1-C1 x Piranão VD-2) x MPA1-C1], portadoras de 50% e 25% do *background* genético de Piranão VD2, respectivamente.

Perante o exposto, torna-se necessário o acompanhamento e a caracterização das populações de milho MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1C2, desenvolvidas por meio de dois ciclos de seleção recorrente pelo esquema convergente-divergente e, das populações F₂ e RC₁F₂ derivadas de MPA1, resultantes da combinação entre Piranão-VD2 e MPA1-C1, em dois níveis de introgressão do *background* genético braquítico. Espera-se com esse estudo, obter informações que registrem: (i) o desempenho das populações derivadas de MPA1, desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético participativo coordenado pelo NEABio, em parceria com entidades parceiras do Oeste de Santa Catarina; (ii) a eficiência do esquema de SRCDFMI para o desenvolvimento de população melhorada com ampla adaptação para a região assistida por essa pesquisa; (iii) o potencial das populações derivadas de MPA1 com 25% e 50% do *background* genético de Piranão-VD2 para o melhoramento genético intrapopulacional; e, (iv) a definição das estratégias de seleção para o programa de melhoramento genético participativo da população MPA1. Como produto final desse trabalho, espera-se gerar informações úteis para direcionar os próximos ciclos de seleção recorrente dessas populações com e sem o gene *br2*.

Referências Bibliográficas

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

BISOGNIN, D.A.; CIPRANDI, O.; COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F. Potencial de variedades de polinização aberta de milho em diferentes condições adversas de ambiente. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha** v. 3 p. 29–34. 1997.

CEPEDA, M.C.; SOUZA Jr, C.L.; PANDEY, S.; LEON, L.N. Efeitos gênicos e oscilação genética associados à seleção recorrente intrapopulacional na população de milho SA3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, p.1585-1593, 2000.

GAMA, E.E.G.; SANTOS, M.X.; FERRÃO, R.G; MEIRELES, W.F.; PACHECO, C.A.P.; PARENTONI, S.N.; GUIMARÃES, P.E.O. Potencial genético de um sintético de milho de grãos duros para a formação de híbridos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.33, n.4, p.615-619, 2003.

KIST, V. Seleção Recorrente de Famílias de Meio-Irmãos em População Composta de Milho (*Zea mays* L.) Procedente de Anchieta – SC. 162p. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis, SC. 2006.

KIST, V. Análise do potencial genético de população composta de milho mediante esquema modificado de seleção recorrente de famílias de meios-irmãos. 241p. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis, SC. 2010.

KIST, V.; ALBINO, V.S.; MARASCHIN, M.; OGLIARI, J.B. Genetic variability for the carotenoid content of grains in a maize composite population. **Scientia Agricola** (*no prelo*).

KIST, V.; OGLIARI, J.B.; ALVES, A.C.; MIRANDA FILHO J.B. Genetic potential analysis of a maize population from Southern Brazil by modified convergent-divergent selection scheme. **Euphytica**, v.176, p.25-36, 2010.

KUNHEN, S.; OGLIARI, J.B.; DIAS, P.F.; BOFFO, E.F.; CORREIA, I.; FERREIRA, A.G.; DELGADILLO, I.; MARASCHIN, M. ATR-FTIR spectroscopy and chemometric analysis applied to discrimination of landrace maize flours produced in southern Brazil. **International Journal of Food Science and Technology**, 1673-1681, 2010.

LONNQUIST, J.H.; COMPTON, W.A.; GEADELMANN, J.L.; LOEFFEL, F.A.; SHANK, B.; TROYER, A.F. Convergent-Divergent Selection for Area Improvement in Maize. **Crop Science**, v.19, p.602-604, 1979.

MACHADO, A.T. Manejo dos recursos vegetais em comunidades agrícolas: enfoque sobre segurança alimentar e agrobiodiversidade. In: NASS, L.L. (Ed.). **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, p717-744, 2007.

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

OGLIARI, J.B.; KIST, V.; CANCI, A. The participatory genetic enhancement of a local maize variety in Brazil. In: **Community Biodiversity Management – Promoting resilience and the conservation of plant genetic resources**. Ed. Earthscan from Routledge, 2013.

RISSI, R. & PATERNIANI, E. Estimates of genetic parameters in two sub-populations of the variety of maize (*Zea mays* L.) Piranão. **Revista Brasileira de Genética**, v.4, p.579-592, 1981.

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

SILVA, F.C.A.; HEIDEN, F.C.; AGUIAR, V.V.P.; PAUL, J.M. Migração rural e estrutura agrária no oeste catarinense. **Instituto CEPA/SC**, Florianópolis, 99 p. 2003

SILVA, N.C.A. Diversidade de Milho Crioulo e Distribuição de Parentes Silvestres no Oeste de Santa Catarina: impactos potenciais do milho geneticamente modificado na conservação *in situ-on farm*. Qualificação de Doutorado - Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis, SC. *no prelo*.

SMITH, M.E.; CASTILLO, G.F.; GÓMEZ, F. Participatory plant breeding with maize in México and Honduras. **Euphytica** 122:551–564, 2001.

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

ZANETTE V.A.; PATERNIANI, E. Efeito do gene braquítico-2 em populações melhoradas de milho porte baixo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, Vol.: 27(8): 1173-1181, 1992.

OBJETIVOS

GERAIS

- a) Verificar a eficiência de um programa de melhoramento intrapopulacional, em dois ciclos de seleção pelo esquema de seleção recorrente convergente-divergente de famílias de meio-irmãos (SRCDFMI);
- b) Avaliar o potencial genético das populações derivadas de MPA1, com 50% e 25% do *background* genético de Piranão-VD2, para a seleção recorrente intrapopulacional;
- c) Propor as próximas estratégias de seleção dos programas de melhoramento intrapopulacional das populações derivadas de MPA1, com e sem a presença do gene *br2*;

ESPECÍFICOS

- a) Comparar as populações melhoradas MPA1-C1 (ciclo 1) e MPA1-C2 (ciclo 2) com a população original MPA1-C0, quanto aos caracteres de natureza fenológica, morfológica, agrônômica pré-colheita e agrônômica pós-colheita, em quatro municípios de Santa Catarina;
- b) Avaliar as mudanças indiretas ocorridas nas populações melhoradas MPA1-C1 e MPA1-C2, em dois ciclos de seleção recorrente pelo esquema convergente-divergente de famílias de meio-irmãos para os caracteres de natureza fenológica, morfológica, agrônômica pré-colheita e agrônômica pós-colheita, que estejam geneticamente correlacionados com o rendimento de grãos;
- c) Avaliar as populações derivadas de MPA1 com 50% e 25% do *background* genético de Piranão-VD2, quanto aos caracteres de natureza fenológica, morfológica, agrônômica pré-colheita e agrônômica pós-colheita, em quatro municípios de Santa Catarina;
- d) Avaliar a amplitude de adaptação das populações MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2, bem como das populações F_2 e RC_1F_2 , resultantes da introgressão de Piranão-VD2 em MPA1-C1, em quatro diferentes agroecossistemas do Estado de Santa Catarina;

CAPÍTULO 01: Efeito de dois ciclos de melhoramento genético participativo pelo esquema de seleção recorrente convergente-divergente de famílias de meio-irmãos em uma população composta local de milho do Oeste de Santa Catarina

1. Introdução

O milho é um cereal que se destaca na economia mundial, em virtude do seu potencial produtivo, composição química e valor nutricional. Em Santa Catarina, particularmente na região Oeste, há predominância de pequenas propriedades rurais com média de 20 ha (Silva et al., 2003; Silva, *no prelo*), e cerca de um módulo fiscal/rural (BRASIL, LEI Nº 8.629, 1993). Dentre as diversas culturas cultivadas pelos pequenos agricultores, este cereal é um dos principais cultivos presentes (ICEPA, 2010). Nessa região, sua produção está intimamente atrelada ao processamento animal e, por sua vez, está associada à economia rural local preponderante, a produção leiteira (Silva, *no prelo*). Ressalta-se, no entanto, em menor volume, a quantidade de milho consumida diretamente pela família, sob a forma de matéria prima essencial para uma ampla gama de produtos e no fabrico de diversos artigos artesanais (Kist et al, 2010; Ogliari et al., 2007; 2013).

Atualmente, o mercado de sementes tem oferecido inúmeras cultivares de milho com elevado potencial de rendimento. No entanto, o elevado custo econômico associado a elas restringe o acesso e o uso dessas cultivares modernas para muitos pequenos agricultores (Kist et al, 2010). O custo da semente de alta tecnologia, cujos padrões fisiológicos, sanitários e pureza física e genética são garantidos e controlados pelo governo, representa, em média, 32% do custo total da produção (IMEA, 2013). Além disso, muitas vezes, o uso dessas sementes não se justifica se o ambiente agrícola não dispuser de elevadas doses de adubação, defensivos agrícolas, máquinas e equipamentos, os quais são necessários para explorar o elevado potencial genético dessas cultivares (Bisognin et al., 1997; Smith et al., 2001). Outra dificuldade para o desenvolvimento da cultura do milho são as condições de estresses bióticos e abióticos encontradas nas pequenas propriedades rurais. Estas condições são relatadas em comunidades agrícolas de Santa Catarina, principalmente com relação ao déficit hídrico (Ogliari e Alves 2007) e, em outras regiões do Brasil, por meio de estresse de nutrientes (Machado & Fernandes, 2001; Fidelis et al, 2007).

Diante disso, uma alternativa promissora para o cultivo nas pequenas propriedades rurais, onde os requisitos por insumos externos

são minimizados, seria o cultivo de variedades de polinização aberta (VPA) (Kist et al., 2010). Por definição, a VPA caracteriza-se por um conjunto de plantas de polinização aberta, cujo inter cruzamento ocorre predominantemente natural (Pacheco et al., 2002) e formam um material geneticamente estável, porém, distinto geneticamente de outros grupos de indivíduos da mesma espécie (Borém, 1997). Em geral, estas variedades, especialmente aquelas cultivadas por comunidades tradicionais agrícolas no mesmo local durante vários anos, são menos vulneráveis ao estresse biótico e abiótico, se comparado com cultivares híbridas (Bisognin et al, 1997; Pacheco et al 2002). Adicionalmente a estas vantagens, minimizando ainda mais o uso de insumos externos, destaca-se a possibilidade de produção da própria semente na propriedade rural (Cruz et al., 2008; Machado et al, 2008).

O Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade (NEABio) da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC) tem realizado diversas pesquisas registrando o elevado potencial de rendimento de algumas VPA mantidas e conservadas por agricultores da região Oeste desse estado (Ogliari e Alves, 2007). Em especial, na safra de 2002/2003, uma experiência que analisou a produtividade de grãos e características agrônômicas de 21 VPA procedentes daquela região, revelou resultados atraentes. Nesse experimento, estiveram presentes e foram avaliadas variedades crioulas e locais, bem como populações compostas locais produzidas pelos pequenos agricultores. Naquela safra de 2002/2003, o rendimento médio de grãos observado foi de 4,6 t ha⁻¹ e a amplitude de variação entre a variedade mais e menos produtiva foi de 6,9 t ha⁻¹ a 3,1 t ha⁻¹, respectivamente. Nesse cenário, a população composta local MPA1 foi a mais produtiva e a variedade Sol da Manhã, melhorada pela EMBRAPA, que serviu como testemunha, produziu 5,4 t ha⁻¹ (Alves et al., 2004). O potencial produtivo de VPA mantidas e conservadas por pequenos agricultores é investigado por diversos pesquisadores no Brasil (Bisognin et al., 1997; Ogliari & Alves, 2007; Romano et al., 2007; Carpentieri-Pipolo et al., 2010) e, em muitos casos, elas também apresentaram bom desempenho e elevado potencial agrônômico.

A população composta local MPA1 foi desenvolvida na unidade de produção familiar de Névio Alceu Folgiarini, em Anchieta, SC com apoio do Sindicato dos Trabalhadores na Agricultura Familiar (SINTRAF) e da Associação dos Pequenos Agricultores Plantadores de Milho Crioulo Orgânico e Derivados (ASSO). No presente trabalho, admite-se por definição de população composta local o produto desenvolvido pelo inter cruzamento intencional entre populações conservadas pelos agricultores tradicionais e/ou derivadas dos

programas de melhoramento (Ogliari et al., 2013). A síntese da população-base MPA1, de agora em diante denominada MPA1-C0, foi realizada em duas etapas. A primeira fase, realizada na safra 1999/2000, constituiu em agrupar sementes de 25 populações de milho cultivadas no município de Anchieta. Dentre as populações presentes, 18 eram sintéticas derivadas de híbridos comerciais, quatro de variedades de polinização aberta do grupo Pixurum e três de variedades locais ou crioulas (Cateto, Mato Grosso Palha Roxa e Amarelão). Nessa etapa, cada uma dessas populações contribuiu com 50 espigas, a partir das quais foram retiradas 300 sementes, sendo seis de cada espiga. O cruzamento dessas populações foi realizado em uma área isolada pelo esquema topcross, de forma similar ao descrito em Hallauer & Miranda Filho (1988). Na segunda fase, realizada na safra 2000/2001, foram adicionadas às 25 populações da primeira etapa, outras cinco populações de milho de origem desconhecida, repetindo-se o mesmo esquema praticado anteriormente. Nas três safras seguintes, a população composta resultante da recombinação das 30 populações descritas, foi submetida a três ciclos de seleção massal estratificada, baseado no procedimento descrito por Gardner (1961). O processo de desenvolvimento completo de MPA1-C0 encontra-se descrito em Kist (2006) e Kist et al. (2010).

A constatação realizada pelo NEABio de que a população composta local de milho MPA1 possui elevado potencial agrônômico (Alves et al., 2004; Ogliari & Alves, 2007), além de atributos adaptativos (Sasse, 2008) e nutricionais (Kunhen et al., 2011), motivou os agricultores de Anchieta a explorarem melhor o potencial dessa variedade. Por essa razão, essa população composta local foi selecionada para ser usada como população-base de um processo cíclico de melhoramento genético participativo (Ogliari et al., 2007).

Os programas de melhoramento genético participativo incluindo o manejo dos recursos genéticos vegetais são desenvolvidos para atender, principalmente, os pequenos agricultores que vivem em regiões com adversidades ambientais, climáticas, econômicas e sociais (Sperling et al., 2001; Machado, 2007; Machado et al, 2011). Segundo Machado (2007), as estratégias participativas de pesquisa contribuem para a construção de um ambiente agrícola sustentável, colabora para agregar valores socioambientais e minimiza o efeito da perda da biodiversidade e, assim, criando bases para a soberania alimentar das comunidades. A participação do agricultor, em conjunto com o melhorista, durante o desenvolvimento de variedades mais adaptadas, é fundamental, pois os ganhos genéticos são alcançados mais rápido (Machado et al, 2001) e,

além de aumentar a probabilidade de sucesso de aceitação de cultivo do novo produto (Cecarrelí et al., 2003). Trabalhos e pesquisas de melhoramento genético vegetal com enfoque participativo estão sendo desenvolvidos em diversas regiões do mundo (Machado & Fernandes, 2001; Sperling et al., 2001; Machado & Machado, 2003; Cecarrelí & Grando, 2007; Ogliari et al., 2007; 2013).

O NEABio, com apoio dos parceiros locais SINTRAF e ASSO, assim como dos pequenos agricultores de Anchieta, SC, propuseram um esquema de seleção recorrente modificado (Ogliari et al, 2007; Kist et al., 2010; Ogliari et al., 2013). O método intitulado de seleção recorrente convergente-divergente de família de meio-irmão (SRCDFMI) foi fundamentado nos princípios da seleção recorrente convergente-divergente descritos por Lonnquist et al. (1979), cujo programa visava desenvolver uma população composta com ampla adaptação ecológica para ser usada em ciclos de seleção recorrente. Para tal, inicialmente, a proposta de Lonnquist et al. (1979), constituiu-se no cruzamento via esquema topcross de 30 populações provenientes de distintos locais de interesse, em um único lote, caracterizando a fase convergente do processo de seleção. Após a etapa de recombinação aleatória, as sementes resultantes dessa população foram redistribuídas aos locais de onde foram derivados para avaliação e seleção de plantas, indicando a fase divergente do processo de seleção. Após a etapa de seleção massal de plantas nos distintos locais de avaliação, foram conduzidos os lotes isolados de recombinação parcial (fase convergente). Nesse momento, para tal efeito, cada lote recebeu as sementes selecionadas provenientes dos demais locais de avaliação, as quais não continham suas próprias sementes selecionadas. Na fase sequente à recombinação parcial (fase divergente), para a avaliação e seleção de plantas, cada local recebeu uma amostra de sementes recombinadas dos outros locais de avaliação, as quais não continham as próprias sementes. A consecutiva repetição dessa metodologia, até que todas as plantas fossem avaliadas e selecionadas e as sementes recombinadas em todos os locais caracterizaram o método como seleção recorrente convergente-divergente.

O programa de melhoramento genético participativo desenvolvido a partir da população composta local MPA1 utilizando o esquema convergente-divergente teve como o principal objetivo desenvolver uma variedade de polinização aberta mais produtiva e adaptada ao Oeste catarinense e ao sistema de manejo da agricultura familiar da região (Ogliari et al, 2007; Kist et al., 2010; Ogliari et al., 2013). De fato, a proposta modificada descrita em Kist et al. (2010),

aplicada na população composta local MPA1, conserva os fundamentos da seleção recorrente convergente-divergente (Lonnquist et al., 1979). No entanto, difere-se da proposta original por tratar de um programa de seleção recorrente intrapopulacional. O método SRCDFMI utiliza amostras independentes de FMI, como unidade de seleção, avaliadas em distintos ambientes agrícolas de uma região de interesse. Cada amostra independente é avaliada em um ambiente diferente (fase divergente) e as melhores famílias de cada amostra e local são, posteriormente, reunidas para serem recombinadas em um único lote isolado de despendoamento (fase convergente).

A seleção entre e dentro famílias de meio-irmãos é um método de melhoramento muito utilizado em alógamias. Dentre as grandes vantagens do uso dessa metodologia, pode-se destacar: a facilidade de condução dos experimentos, o maior número efetivo populacional mantido e, principalmente, possibilidade de estimar e fazer uso da variância genética aditiva (Carvalho et al., 2000a; Viana & Soriano, 2010). Deve-se salientar que a seleção recorrente de FMI no esquema convergente-divergente possibilita a seleção de plantas em condições específicas, as quais podem ser favorecidas em apenas um local, mas não nos outros, como por exemplo, tolerância ao estresse hídrico, resistência a doenças, acamamento de plantas, etc. A seleção de plantas em locais com distintas condições ambientais pode trazer benefícios sobre o ponto de vista agrônomo, principalmente, aqueles relacionados à adaptabilidade e à estabilidade no desempenho dos genótipos entre locais e anos (Kist et al. 2010).

Os trabalhos de melhoramento genético participativo pelo esquema SRCDFMI com a população composta local MPA1 tiveram início na safra agrícola 2004/2005. Para a obtenção da população MPA1-C1, assim denominada, resultante do primeiro ciclo de seleção recorrente, foram avaliados 186 FMI obtidos da população MPA1-C0, as quais foram distribuídas em três conjuntos independentes, cada um contendo 62 famílias. A avaliação de cada amostra de FMI ocorreu em ambientes agrícolas distintos, relativamente à altitude e tipo de solo, em três estabelecimentos rurais de pequenos agricultores do município de Anchieta (fase divergente). Na safra agrícola 2006/2007, por meio do uso de sementes remanescentes das melhores FMI de cada uma das três amostras independentes, foi efetuada a recombinação em um único lote isolado, no município de Iporã do Oeste (fase convergente), seguindo o esquema topcross. A partir das melhores plantas selecionadas dentro dessas FMI, foram constituídas as 192 FMI que foram avaliadas nos experimentos do segundo ciclo, bem como a população MPA1-C1, após

a mistura equitativa das sementes de cada planta selecionada (Kist et al., 2010; Ogliari et al., 2013).

A população MPA1-C2 foi resultante do segundo ciclo de seleção, cuja etapa experimental ocorreu na safra agrícola 2007/2008. Para a etapa divergente, as 192 FMI que constituíram a base genética da população MPA1-C1, foram divididas em duas amostras independentes, cada uma contendo 96 FMI. Diferentemente do primeiro ciclo, onde cada conjunto de FMI foi avaliado e selecionado em apenas um local, o segundo ciclo avaliou cada uma das amostras independentes em condições experimentais, em dois locais. Os ambientes de avaliação dos dois conjuntos de tratamentos foram Iporã D'Oeste-Anchieta para as 96 FMI do conjunto 01 e Guaraciaba-Novo Horizonte para as 96 FMI do conjunto 02 (fase divergente). A fase convergente ocorreu com a recombinação das melhores famílias selecionadas em um único lote pelo mesmo esquema praticado anteriormente, nos municípios de Guaraciaba e Florianópolis, nas safras agrícolas 2008/2009 e 2009/2010 (Kist, 2010). O detalhamento dos procedimentos de formação da população composta MPA1-C0, assim como, dos dois ciclos de SRCDFMI, que resultaram nas populações MPA1-C1 (ciclo 1) e MPA1-C2 (ciclo 2), estão descritos em Kist et al (2010) e Ogliari et al (2013), respectivamente.

Nesses dois ciclos de SRCDFMI, a seleção das FMI superiores foi realizada sob intensidade de seleção branda para aumento do rendimento de grãos. Todavia, nos dois ciclos foram avaliados diversos caracteres definidos por meio de estratégias participativas envolvendo pesquisadores do NEABio e agricultores familiares do Oeste de Santa Catarina, com a finalidade de estimar os coeficientes de correlação e as respostas correlacionadas com a seleção indireta (Kist, 2006; 2010). Os critérios de seleção priorizados nessas etapas foram: rendimento de grãos entre FMI e altura de planta dentro de FMI (Kist et al., 2010; Ogliari et al., 2013).

Diante desse contexto, o objetivo geral desse trabalho foi analisar a eficiência de um programa de melhoramento intrapopulacional pelo esquema SRCDFMI. Para tanto, a presente pesquisa propôs-se aos seguintes objetivos específicos: (i) avaliar e caracterizar a população composta local MPA1-C0 e as populações desenvolvidas a partir de dois ciclos de SRCDFMI (MPA1-C1 e MPA1-C2) quanto aos atributos fenológicos, morfológicos, agronômicos pré-colheita, agronômicos pós-colheita e adaptativo, em quatro municípios de Santa Catarina, bem como quanto à amplitude de adaptação nesse estado; (ii) comparar as populações melhoradas MPA1-C1 (ciclo 1) e MPA1-C2 (ciclo 2) com a

população original MPA1-C0, quanto aos mesmos caracteres e nos mesmos locais, tomando como base para a presente análise as estimativas do progresso genético esperado com a seleção, nos dois ciclos; e, (iii) avaliar as mudanças indiretas ocorridas nas populações melhoradas MPA1-C1 e MPA1-C2, em dois ciclos de seleção recorrente pelo esquema SRCDFMI para aqueles caracteres que estejam geneticamente correlacionados com o rendimento de grãos.

2. Material e métodos

2.1. Material Vegetal

O material vegetal utilizado nessa pesquisa foi derivado da população composta local MPA1 original (MPA1-C0), desenvolvida na unidade de produção familiar de Névio Alceu Folgiarini, em Anchieta, SC. Portanto, os tratamentos utilizados foram constituídos pela população MPA1-C0 e pelas populações MPA1-C1 e MPA1-C2, desenvolvidas no primeiro e segundo ciclos de seleção recorrente pelo esquema convergente-divergente de famílias de meio-irmão, respectivamente. Como testemunha foi utilizada a variedade melhorada de polinização aberta SCS155 Catarina, recomendada pela EPAGRI para cultivo nesse Estado.

2.2. Técnicas experimentais e tratamentos culturais

Na safra 2012/2013, foram conduzidos os experimentos em unidades de produção familiares dos municípios de Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4), no Oeste de SC e, na Fazenda Experimental da UFSC, em Florianópolis, no litoral desse mesmo estado da Federação (L1). O clima das quatro regiões, de acordo com a classificação de Köppen, é o mesotérmico úmido (Cfa). As médias mensais de precipitação total (PT), temperatura máxima (TM), temperatura mínima (Tm), temperatura compensada (TC) e umidade relativa do ar (UR), em Florianópolis, e na região Oeste catarinense, para os meses relativos ao período de condução dos experimentos, na safra 2012/2013, encontram-se nas Tabelas 2 e 3.

A implantação do experimento ocorreu na primeira quinzena de novembro, em L1, L2 e L3, e na primeira quinzena de dezembro, em L4. O delineamento experimental foi de blocos completos casualizados com quatro repetições e parcelas com quatro fileiras de 5 m lineares, espaçadas 1 m entre si e 0,20 m entre plantas. Após o desbaste, realizado 30 dias depois da emergência, foi estabelecida uma densidade final de 50.000 plantas ha⁻¹. A área útil da parcela foi constituída pelos 2 m lineares da parte central das duas fileiras internas da parcela (4 m²). Na

unidade experimental situada em L2, decorrente de falhas no estande de plantas em um bloco, optou-se por sua eliminação. Em razão disso, todos os dados experimentais coletados e as análises estatísticas desse local foram realizados a partir dos outros três blocos completos restantes.

Nas unidades de produção familiar, a adubação de base foi realizada com 2.400 kg ha^{-1} de adubo orgânico de cama de aviário. Esta primeira adubação disponibilizou para essas propriedades, em média, 45 kg ha^{-1} de N, 57 kg ha^{-1} de P_2O_5 e 63 kg ha^{-1} de K_2O . A Fazenda experimental da UFSC recebeu adubação química á base de N, P e K separadamente, na forma de uréia (45% N), superfosfato triplo (42% P_2O_5) e cloreto de potássio (57% K_2O), respectivamente. As quantidades aplicadas correspondem a 50 kg ha^{-1} de N, 75 kg ha^{-1} de P_2O_5 e 60 kg ha^{-1} de K_2O . Em todos os experimentos (fertilização química e orgânica), a adubação de base foi distribuída e incorporada no sulco de cultivo, no momento da semeadura, segundo as necessidades indicadas pela análise de solo e seguindo as recomendações de adubação da cultura para o estado de SC (SBSC, 2004). Seguindo as mesmas recomendações, a adubação de cobertura das áreas experimentais ocorreu aos 40 dias após a semeadura e foi realizada com base de 30 kg ha^{-1} de N sob a forma de uréia.

A implantação dos experimentos ocorreu sob a forma de cultivo mínimo e o controle de plantas espontâneas foi realizado sempre quando necessário, de forma manual.

2.3. Caracteres avaliados

As variáveis analisadas foram reunidas em quatro grupos de caracteres, sendo eles: fenológicos, morfológicos, agrônômicos pré-colheita e agrônômicos pós-colheita. A Tabela 1 refere-se à relação de abreviaturas das variáveis dentro de seu grupo de caráter, com suas respectivas denominações e unidades.

Tabela 1- Relação de abreviaturas das variáveis e suas denominações e unidades.

Abreviatura	Variável	Unidade
Caracteres Fenológicos*		
FM	Florescimento Masculino	Dias
FF	Florescimento Feminino	Dias
MF	Maturação Fisiológica	Dias
Caracteres Morfológicos		

AME	Altura média de espiga**	m
AMP	Altura média de planta**	m
PRE	Posição relativa média da espiga**	Quociente (AME/AMP)
CPR	Comprimento médio do pendão**	m
DMC	Diâmetro médio de colmo**	cm
NRP	Número médio de ramificações do pendão**	Unid.
QRA	Quantidade média de raízes adventícias**	Unid.
IME	Inclinação média da espiga**	Nota
Caracteres Agronômicos Pré-colheita		
PR	Prolificidade média	%
PT	Porcentagem de plantas tombadas	%
Caracteres Agronômicos Pós-colheita		
NFG	Número médio de fileiras de grãos por espiga**	Unid.
NGF	Número médio de grãos por fileira**	Unid.
PMG	Peso de mil grãos	g
GEN	Grau médio de empalhamento**	Nota
EPN	Empalhamento médio**	Nota
DME	Diâmetro médio de espiga**	cm
CME	Comprimento médio de espiga	cm
PROD	Produtividade de grãos a 13% de umidade	t ha ⁻¹

(*) FM, FF e MF, foram expressas em dias após a emergência; (**) Variáveis obtidas com base na média de 10 plantas da parcela.

Os caracteres fenológicos florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e maturação fisiológica (MF) foram expressos em dias, quando 50% ou mais das plantas da área útil da parcela encontravam-se nas etapas correspondentes. A emergência de plantas foi estimada em número de dias a partir da data da semeadura. As datas do FM, FF e MF foram expressas em número de dias a partir da data da emergência das plântulas. Na unidade experimental localizada em L2, não foi possível realizar a avaliação das variáveis fenológicas.

A avaliação dos caracteres morfológicos ocorreu no estágio fenológico de enchimento de grãos. Os caracteres morfológicos comprimento médio do pendão (CPR), altura média da espiga principal (AME) e altura média de planta (AMP) foram expressos em metros (m),

enquanto diâmetro médio de colmo (DMC), em centímetros (m). O CPR foi medido do nó da ráquis até a sua extremidade; AME, medido do solo até a inserção da espiga principal; AMP, medido do solo até a folha bandeira e; DMC, medido na parte mediana do internódio abaixo da espiga principal. A variável posição relativa média da espiga (PRE) foi definida pelo quociente entre a altura média da espiga principal e a altura média da planta. A quantidade média de raízes adventícias (QRA) e o número médio de ramificações do pendão (NRP) foram determinados pela sua contagem e expressos em valores médios a partir de uma amostra de 10 plantas da parcela útil. A variável inclinação média da espiga (IME), cujo valor foi expresso por meio da atribuição de notas, atendeu às seguintes descrições: as notas 01, 02 e 03 representaram, respectivamente, posição de espiga ereta, posição de espiga oblíqua e posição de espiga pendente.

Os caracteres agronômicos pré-colheita plantas tombadas (PT) foram avaliados antes da colheita e expressos em percentagem (%), em relação ao número total de plantas da parcela útil. Foram consideradas plantas tombadas aquelas plantas cujo ângulo entre a base do colmo e o solo foi inferior a 45° e aquelas cujos colmos apresentaram ruptura abaixo da espiga. O caráter agronômico prolificidade média (PR) foi determinado por meio de contagem e expresso em valores médios por meio do quociente entre o número de espigas colhidas e o número total de plantas da parcela útil.

Os caracteres agronômicos pós-colheita número médio de fileiras por espiga (NFG) e número médio de grãos por fileira (NGF) foram determinados pela sua contagem. As variáveis diâmetro médio da espiga (DME) e comprimento médio de espiga (CME) foram medidas com auxílio de paquímetro e expressas em cm. As variáveis grau médio de empalhamento (GEN) e empalhamento médio (EPN), cujos valores foram expressos por meio da atribuição de notas, atenderam às seguintes descrições: para GEN, as notas 01, 02 e 03 representaram o grau de empalhamento baixo (pode ver a espiga), médio (cobre a espiga parcialmente) e alto (cobre a espiga completamente), respectivamente, e para EPN, as notas 01 e 02 representavam, respectivamente, empalhamento frouxo e compacto, nessa ordem. O peso de mil grãos foi determinado a partir da pesagem de oito subamostras de 100 sementes cada uma, conforme estabelecido pelas Regras de Análises de Sementes (Brasil, 1992). Seu valor foi expresso em g, estimado com base na média das oito subamostras e transformado para peso de 1000 grãos. A produtividade de grãos foi corrigida a 13 % de umidade e expressa em t

ha⁻¹. Os caracteres agronômicos pós-colheita foram avaliados nessa etapa.

As avaliações dos caracteres morfológicos e agronômicos pós-colheita foram realizadas a partir de uma amostra de 10 plantas da área útil da parcela, exceto PMG e PROD. Aquelas variáveis foram expressas em valores médios obtidos a partir das 10 plantas da área útil da parcela, conforme suas respectivas unidades (Tabela 1). As variáveis expressas por notas (IME, GEN e EPN), ainda nesses dois grupos, foram avaliadas de acordo com os Descritores Mínimos do Milho (*Zea mays L.*), publicado pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares – (SNPC) do Ministério da Agricultura e do Abastecimento (Publicado no Diário Oficial da União em 05/11/1997). Também nesses casos, os valores analisados foram obtidos com base na média de 10 plantas da área útil da parcela. As variáveis agronômicas pós-colheita produtividade de grãos (PROD) e peso de mil grãos (PMG), bem como os caracteres morfológicos pré-colheita percentagem de plantas tombadas (PT), prolificidade média (PR) e todas as variáveis fenológicas, foram mensuradas com base em todas as plantas da área útil da parcela e expressas segundo a natureza de cada variável (Tabela 1).

2.4. Análises estatísticas

2.4.1. Análise de variância

Para cada local, os dados de todas as variáveis foram submetidos à verificação dos pressupostos da análise de variância, ou seja, normalidade pelo teste de aderência de Shapiro Wilks, independência dos resíduos e homogeneidade de variâncias pelo teste de Levene's. As análises de variância por local e conjunta dos quatro experimentos foram realizadas pelo software STATISTICA 7®, considerando modelo fixo. Nesse caso, o modelo estatístico-matemático usado para a análise de variância por local foi: $Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij}$, onde Y_{ij} é a observação do i -ésimo tratamento, do j -ésimo bloco; μ é a média geral; t_i é o efeito de tratamento; b_j é o efeito de bloco e e_{ij} é o erro experimental. O modelo estatístico-matemático da análise conjunta foi: $Y_{ijk} = \mu + t_i + l_j + t_{ij} + b_{k(j)} + e_{ijk}$, onde Y_{ijk} é a observação do i -ésimo tratamento, do j -ésimo local e do k -ésimo bloco; μ é a média geral dos locais; t_i é o efeito de tratamento; l_j é o efeito de local; t_{ij} é o efeito da interação genótipo e local; $b_{k(j)}$ é o efeito de blocos dentro de local; e_{ijk} é o erro médio experimental (Vencovsky & Barriga, 1992). As médias de tratamentos nos quatro locais foram separadas pelo teste de Tukey, quando o efeito correspondente foi significativo pelo teste F ao nível de 5% de

probabilidade. O coeficiente de variação experimental foi estimado por $CV(\%) = [(QME^{1/2} / \mu) \cdot 100]$.

3. Resultados e discussão

3.1. Análises Básicas

A maioria das variáveis, com exceção de PT, atendeu aos pressupostos na análise de variâncias (normalidade, independência dos resíduos e homogeneidade de variâncias), em todos os locais de estudo.

O teste de aderência de Shapiro Wilks revelou não normalidade dos dados para a variável PT, em L1, L2 e L3. Nesses mesmos locais, também foram detectadas heterogeneidade de variâncias pelo teste de Levene's. Em razão disso, a variável PT foi submetida à transformação arco seno da raiz quadrada. Contudo, os dados obtidos dessa variável em L2, ainda não atingiram os pressupostos da análise de variâncias e, por isso, foram excluídos das análises. Nos demais locais, após a transformação realizada, os pressupostos da análise de variância foram atendidos, tornando-se possível a submissão dos dados às análises de variâncias individuais e conjuntas.

3.2. Aspectos gerais dos experimentos

As médias dos tratamentos, os coeficientes de variação (CV%) e as probabilidades do teste F das análises de variância realizadas por local e conjunta estão apresentados nas Tabelas 04 a 24.

De modo geral, os valores de CV(%) encontrados nos experimentos variaram de 0,65 a 4,13 % para os caracteres fenológicos, 2,93 a 20,41% para os caracteres morfológicos, 7,65 a 20,83 % para os caracteres agrônômicos pré-colheita (com exceção de PT) e 2,79 a 23,93 % para os caracteres agrônômicos pós-colheita. Esses valores de CV(%) são considerados baixos a medianos por Scapim et al. (1995) e, por isso, as estimativas efetuadas a partir desses experimentos podem ser consideradas de precisão boa a razoável.

Deve-se destacar que os experimentos em L2, L3 e L4 foram conduzidos em unidades de produção familiar onde, normalmente, o controle de condições ambientais é menor quando comparado com estações experimentais.

3.3. Avaliação e caracterização das populações derivadas de MPA1

3.3.1. Caracteres fenológicos

Florescimento masculino

Para variável FM, o teste F foi significativo ($p < 0,05$) para detectar diferenças entre tratamentos, nos locais L3 e L4 (Tabela 04). Em L3, a população MPA1-C2 apresentou maiores médias expressas em dias, diferenciando-se dos demais tratamentos. Em L4, as médias dos tratamentos foram separadas em dois grupos, sendo que a variedade Catarina apresentou a menor média para FM e a população MPA1-C1, a maior. Em L1, a média geral do experimento foi de 58,56 dias, sem apresentar diferenças significativas entre tratamentos.

As correlações genéticas entre os caracteres PROD e FM, nas populações MPA1-C0 e MPA1-C1, foram estudadas por Kist (2006) e Kist (2010), respectivamente. No primeiro estudo, onde foram analisadas três amostras independentes de FMI obtidas da população MPA1-C0 foi encontrado um coeficiente negativo (-0,65) e significativo ($p < 0,01$), em uma das amostras (Kist, 2006). Coeficientes similares entre os dois caracteres (PROD e FM) foram relatados por Silva (2002) e Barros et al (2010). Esta constatação averiguada por Kist (2006) é desejável e revela que, a partir da seleção favorável ao aumento da produtividade de grãos, a variável florescimento masculino pode ser reduzida indiretamente. Os ganhos indiretos esperados e estimados a partir da seleção para rendimento de grãos, sob intensidade de seleção de 25%, equivalem à redução de 0,68% (dias) de FM, na população MPA1-C1 (Kist, 2006). No segundo estudo de correlação entre caracteres FM e PROD, realizado no segundo ciclo de seleção, Kist (2010) avaliou duas amostras de FMI obtidas da população MPA1-C1, detectando coeficientes de correlação genética não significativos. Esse resultado indicou que por meio da seleção para produtividade de grãos, a FM não deve ser afetada de maneira consistente na população MPA1-C2 resultante do segundo ciclo de seleção. Correlações não significativas entre esses caracteres também foram relatadas por Câmara (2006).

Na análise conjunta dos experimentos, as médias estimadas dos tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina foram 60,17, 60,08, 61,50 e 57,92 dias, respectivamente (Tabela 04). O CV foi de 2,93%. Foram detectadas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre os tratamentos pelo teste F (Figura 1). A média de dias para o florescimento masculino das populações derivadas de MPA1, ou seja, C0, C1 e C2, foi superior (60,58) a média geral da variável (59,92), enquanto a variedade Catarina apresentou média inferior (57,92) (Tabela 4).

Apesar dos valores esperados e estimados por Kist (2006 e 2010) mostrarem mudanças de FM a partir da seleção para incrementos em

PROD, as populações derivadas de MPA1 do presente trabalho não diferenciaram estatisticamente entre si. No entanto, com os resultados encontrados, observou-se uma tendência de diminuição no número de dias do ciclo para a liberação do pólen, na população MPA1-C1, com a seleção praticada para aumento de rendimentos de grãos. Além disso, a proximidade entre as médias observadas nas populações derivadas de MPA1 deve estar associada à elevada similaridade genética dessas populações e, assim, divergindo-se da variedade Catarina.

As estimativas das médias dos locais foram 58,56, 58,31 e 62,88 dias em L1, L3 e L4, respectivamente (Tabela 04). Foram detectadas diferenças significativas entre locais pelo teste F ($p < 0,01$) (Figura 01). As médias observadas nos diferentes locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 04), sendo que L1 e L3 apresentaram as menores médias expressa em dias para o FM e L4, a maior. Apesar de serem encontradas diferenças estatísticas pelo teste F entre tratamentos e locais, na análise conjunta, o efeito de IGA não foi significativo (Figura 01). Considerando que a fenologia das plantas é influenciada por variações de temperatura, disponibilidade hídrica e de radiação (Costa, 1994; Lozada & Angelocci, 1999; Stone et al., 1999; Gadiolo et al., 2010) e que os experimentos foram conduzidos em diferentes locais e épocas de plantio, as diferenças em níveis de temperatura, precipitação e de radiação podem ter influenciado nas diferentes médias encontradas para os diferentes locais (Tabela 4; Figura 01).

Em L1, L2 e L3, como mencionado anteriormente, a implantação ocorreu na primeira quinzena de novembro, enquanto que em L4, ocorreu um mês mais tarde. As tabelas 02 e 03 mostram que a região de Florianópolis apresentou maiores médias de temperaturas em todos os meses de condução do experimento, o que favorece a diminuição no número de dias da emergência ao FM. Não ocorreu déficit hídrico para o período, em nenhuma das regiões (EPAGRI-CIRAM, 2013). O experimento conduzido em L4, mesmo implantado em época mais tardia e, por isso, exposto a maiores médias de temperaturas e precipitações, apresentou maiores médias gerais para esse estágio fenológico. No entanto, deveria ser estimada a somatória calórica obtida pelos tratamentos nos diferentes locais de estudos para as comparações serem precisas (Gadiolo et al., 2010).

Forsthofer e colaboradores (2006) avaliaram o desempenho agrônomo da cultura sob diferentes níveis de manejo e três épocas de semeadura para a região Sul do Brasil. O autor classificou a época de semeadura como precoce, intermediária e tardia para os meses de agosto, outubro e dezembro, respectivamente, e o nível de manejo

diferenciou quanto adubação, irrigação e densidade de plantas. A VPA estudada nesse trabalho apresentou maiores rendimentos de grãos, quando semeada em época intermediária (outubro) independente do nível de manejo.

Florescimento feminino

Para variável FF, a análise individual por local detectou diferenças significativas pelo teste F ($p < 0,05$) entre tratamentos em L3 e L4 (Tabela 05). Em L3, as médias dos tratamentos foram separadas em dois grupos, sendo que a população MPA1-C1 e a variedade Catarina apresentaram as menores médias expressas em dias e a população MPA1-C2, as maiores. Em L4, a variedade Catarina e a população MPA1-C2 apresentaram as menores médias em dias para FF e as populações MPA1-C0 e MPA1-C1, as maiores. Em L1, a média geral obtida pelos tratamentos foi 62,31 dias, sem apresentar significância entre tratamentos pelo teste F.

Na análise conjunta dos experimentos realizados nos quatro locais, as médias alcançadas pelos tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina foram 64,92, 64,50, 65,58 e 62,25 dias, respectivamente (Tabela 05). O CV foi de 2,45%. Foram detectadas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre tratamentos pelo teste F. Do mesmo modo que ocorreu para a variável FM, a média do florescimento feminino expressa em dias das populações derivadas de MPA1, ou seja, C0, C1 e C2, foi superior (65,00) à média geral da variável (64,31), enquanto a variedade Catarina apresentou média inferior (62,25). Observa-se que a seleção a favor do aumento do rendimento de grãos praticada nesses dois ciclos não afetou a média do FF das populações melhoradas MPA1-C1 e MPA1-C2.

As estimativas das médias dos locais da análise conjunta foram 62,31, 64,06 e 66,56 dias em L1, L3 e L4, respectivamente (Tabela 05). Foram detectadas diferenças significativas pelo teste F ($p < 0,01$) (Figura 02). As médias de locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 05), de modo que todas elas diferiram entre si. Apesar de serem encontradas diferenças estatísticas pelo teste F entre tratamentos e locais, o efeito de IGA não foi significativo (Figura 02).

A protandria, período que abrange o intervalo de dias entre o florescimento masculino e o feminino, foi mais expressiva em L3. Neste local, a média atingida foi de 5,75 dias, enquanto que em L1 e L3, foram observadas médias de 3,75 e 3,69 dias, respectivamente. Araujo et al (2013) avaliou o sincronismo entre FM e FF de duas variedades crioulas e dois híbridos em diferentes tipos de manejo. Como resultados os

autores encontraram médias menores de sincronismo para as variedades crioulas (4,74 dias) do que para os híbridos (1,41 dias), ou seja, as primeiras apresentaram maior amplitude para a protandria. No presente trabalho, a média de sincronização de dias entre FM e FF atingidas pelas populações derivadas de MPA1 foi de 4,42 dias e da variedade Catarina, 4,33 dias. Os dois trabalhos aqui relacionados mostraram que as variedades crioulas apresentam amplitudes levemente superiores de dias associados à protandria.

A maior sincronização entre antese masculina e espigamento é relatada em diversos trabalhos possibilitando o aumento do número de grãos produzidos por espiga e, conseqüentemente, garantindo maiores rendimentos (Bolagños & Edmeades, 1996; Cárcova et al., 2000; Araujo et al, 2013). Os autores citados anteriormente observaram uma tendência ao decréscimo do número de grãos por espiga em populações que apresentaram menor sincronismo entre os florescimentos. Em contrapartida, outros autores relatam prejuízos expressivos na produtividade em decorrência de estresse hídrico nesse período. Variedades que apresentam maior sincronismo, tais como cultivares híbridas, são as mais afetadas (Santos et al, 2003). Os efeitos adversos por falta de água por um ou dois dias na etapa do florescimento masculino pode causar redução de 22% na produtividade (Robins & Domingo, 1953). Na literatura, são encontrados trabalhos que relatam que a sincronia entre os florescimentos é uma característica que apresenta elevada correlação positiva com a produção sob estresse de água (Bolagnos & Edmeades, 1993; Chapman et al., 1997).

Maturação fisiológica

Para variável MF, a análise individual dos locais detectou diferenças significativas pelo teste F ($p < 0,05$) entre tratamentos apenas em L4 (Tabela 06). Nesse local (Novo Horizonte), as médias dos tratamentos foram separadas pelo teste de Tukey em três grupos, onde a variedade Catarina apresentou a menor média de dias para MF, a população MPA1-C1, a maior, e a população MPA1-C0, intermediária a elas. Em L1 e L3, a média geral obtida pelos tratamentos foi de 122,88 e 123,75 dias, respectivamente.

Na análise conjunta dos experimentos realizados nos quatro locais, as médias dos tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina foram 124,58, 125,33, 125,75 e 124,33 dias, respectivamente (Tabela 06), sem apresentar significância pelo teste F. O CV foi de 1,56 %.

Borba et al. (1994) investigaram a maturação fisiológica de sementes de milho. Nesse estudo, utilizaram espigas do híbrido simples BR 201 para avaliar em intervalos de sete dias, a começar pelo 35° dia após a floração até o 84° dia, as mudanças fisiológicas ocorridas nas sementes nesse período. Os autores concluíram, nas condições em que o trabalho foi realizado, que a maturidade de sementes ocorreu aos 65 dias após a floração e foi fundamentado no acúmulo de matéria seca. Com base na presença da camada preta, tal como foi avaliação nesse trabalho, ao 55° dia após a floração, 95% apresentavam essa característica.

As estimativas das médias dos tratamentos do intervalo entre a floração e a maturação fisiológica para cada local foi 60,57, 59,69 e 61,82 dias em L1, L3 e L4, respectivamente. A média geral dos tratamentos obtida para esse intervalo foi de 60,69 dias. Importante destacar que, conforme citado em material e métodos, a MF foi determinada quando 50 % das plantas da fileira útil apresentavam a camada preta nas sementes. Diante disso, observa-se que as populações derivadas MPA1 e a variedade Catarina apresentam maiores médias de dias para MF, quando comparada ao híbrido BR 201 estudado no trabalho de Borba (1994). No entanto, a comparação deveria ser realizada com base na soma térmica obtida pelos tratamentos nos seus respectivos locais de estudos, em ambos os trabalhos.

As estimativas das médias dos locais foram 122,88, 123,75 e 128,38 dias em L1, L3 e L4, respectivamente (Tabela 06). Foram detectadas diferenças significativas entre locais pelo teste F ($p < 0,01$) realizado a partir da análise conjunta (Figura 03). As médias estimadas para os distintos locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 06), de modo que L1 e L3, experimentos que tiveram a mesma data de implantação, obtivessem médias iguais e inferiores e L4, experimento implantado em época mais tardia, média superior. Em virtude das diferenças climáticas e de época de plantio em que os tratamentos foram expostos, a soma calórica alcançada nos diferentes locais de estudo pode ter ocasionado a diferença observada nas médias por local. A previsão dos estágios fenológicos da cultura pode ser calculada por meio do conhecimento prévio da série histórica de temperatura da localidade e da soma calórica requerida para o ponto de maturidade fisiológica da variedade (Gadioli et al., 2010). O efeito de IGA foi significativo ($p < 0,01$) (Figura 03) para a variável MF.

3.3.2. Caracteres morfológicos

Altura média de espiga, de planta e posição relativa da espiga

Para as variáveis AME e AMP, analisadas individualmente por local, o teste F detectou diferenças significativas entre tratamentos ($p < 0,05$), em L3 e L4 (Tabela 07 e 08). Em L3, as médias dos tratamentos para ambas as variáveis foram maiores para a população MPA1-C2 e menores para a variedade Catarina e as populações MPA1-C0 e MPA1-C1. Em L4, a população MPA1-C0, em ambas as variáveis, apresentou as maiores médias de altura, enquanto a variedade Catarina, as menores. Em L1 e L2, as médias dos tratamentos para AME foram de 1,31 e 1,14 m, respectivamente, e para AMP, foram de 2,27 e 2,18 m, nessa ordem, sem apresentar significância pelo teste F (Tabelas 07 e 08). Para a variável PRE, obtida pelo quociente entre AME/AMP, a análise individual por local detectou diferenças significativas entre tratamentos pelo teste F ($p < 0,05$) apenas em L4 (Tabela 09). Nesse local (Novo Horizonte), as médias dos tratamentos foram separadas pelo teste de Tukey, de modo que as populações MPA1-C0 e MPA1-C1 apresentaram as maiores médias e a variedade Catarina, a menor. Em L1, L2 e L3, as médias gerais dos tratamentos foram 0,57, 0,52 e 0,54, respectivamente (Tabela 09).

Os coeficientes de correlação genética entre PROD e AMP foram estimados por Kist (2006; 2010) a partir de famílias de meio-irmãos obtidas de MPA1-C0 e MPA1-C1, durante o primeiro e segundo ciclos de SRCDFMI, respectivamente. No primeiro ciclo de seleção, por meio da avaliação de três amostras independentes de FMI da população MPA1-C0, observou-se coeficientes de magnitudes significativas ($p < 0,05$) e positivas (0,28) entre PROD e AMP, em uma das amostras (Kist, 2006). No segundo ciclo de seleção, por meio de duas amostras de FMI obtidas da população MPA1-C1, foram observados coeficientes de correlação genética similares, em significância ($p < 0,01$ e $p < 0,05$, respectivamente) e magnitude (0,45 e 0,26, nessa ordem), entre as duas variáveis (PROD e AMP) para as duas amostras. Correlação genética significativa e de sentido positivo são observadas em diversos trabalhos (Santos et al., 2002; Santos et al., 2005; Andrade & Miranda Filho, 2008; Candido & Andrade, 2008; Lima Neto & Souza Jr, 2009). É de interesse de o melhorista estimar coeficientes de correlação genética entre os caracteres AMP e PROD de natureza significativa e de sentido negativo. Dessa forma, por meio da seleção de entidades genéticas mais produtivas é possível obter, por resposta correlacionada, redução na estatura de plantas. Do ponto de vista agrônomo, plantas com elevada estatura estão mais propícias ao tombamento (Cepeda et al., 2000; Silva et al., 2001; Gama et al., 2003; Barros et al., 2010). As correlações genéticas significativas e positivas entre as variáveis verificadas por Kist

(2006; 2010) são indesejadas e por meio da seleção praticada para aumento de rendimento de grãos, a altura de planta será indiretamente elevada.

Com base na avaliação das duas amostras independentes de FMI da população MPA1-C1, no segundo ciclo de seleção, foi encontrado coeficiente de correlação genética significativa ($p < 0,01$) e negativa (-0,35) entre os caracteres PROD e PRE, em uma das amostras (Kist, 2010). Essa constatação é desejada, uma vez que a seleção praticada para aumento da produtividade de grãos pode reduzir os índices de PRE. Segundo Li et al. (2007), a posição relativa da espiga é uma fator de grande contribuição para que ocorra o acamamento e quanto mais elevada estiver essa relação, mais suscetível a planta está ao tombamento.

Na análise conjunta efetuada com base nos quatro locais, as médias dos tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina foram 1,33, 1,25, 1,28 e 1,15 m para variável AME, respectivamente (Tabela 07), e 2,32, 2,24, 2,27 e 2,12 m para a variável AMP, nessa ordem (Tabela 08). O CV da análise conjunta foi de 7,98 e 4,98% para AME e AMP, respectivamente. A diferença entre tratamentos foi significativa pelo teste F, separando as populações derivadas de MPA1 (C0, C1 e C2) com as maiores médias da variedade Catarina ($p < 0,01$) pelo teste de Tukey para ambas as variáveis (estatura de espiga e planta). Kist (2006; 2010), por meio das estimativas dos parâmetros estático-genéticos da mesma população, preditaram ganhos indiretos para o aumento da estatura de planta, a partir da seleção para rendimentos de grãos. Essa condição não foi observada no presente trabalho, uma vez que as populações derivadas de MPA1 não diferenciaram significativamente entre si para variável AMP (Tabela 08).

A população MPA1-C0 foi constituída por 12 variedades de porte elevado do Oeste de Santa Catarina (Kist et al. 2010), o que explica, em parte, as médias mais elevadas para a estatura de planta observadas nesse trabalho. Araujo & Nass (2002) avaliaram e caracterizaram 25 populações de milho crioulo mantidas pelo Instituto Agrônômico do Paraná. Esses autores observaram médias de 1,55 e 2,60 m para AME e AMP, respectivamente. Esses valores encontrados mostram-se superiores aos apresentados pelas populações derivadas de MPA1.

Para a variável PRE, na análise conjunta dos quatro experimentos, as estimativas das médias de tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina foram 0,57, 0,55, 0,57 e 0,54, respectivamente (Tabela 09). O CV obtido na análise conjunta

para essa variável foi de 4,20%. O teste F detectou diferenças ($p < 0,01$) entre os tratamentos avaliados (Figura 6). As médias de tratamentos foram separadas pelo teste de Tukey, sendo que a variedade Catarina teve a menor média de PRE e as populações MPA1-C0 e MPA1-C2, as maiores (Tabela 9). Kist (2010) observou que poderia ocorrer uma redução desejável na posição relativa das espigas da população MPA1-C2, por meio da seleção para aumento na produtividade de grãos. Apesar dessas constatações favoráveis estimadas por Kist (2010), no presente trabalho as populações derivadas de MPA1 (C0, C1 e C2), que apresentaram médias muito similares, não diferiram significativamente entre si no presente estudo, evidenciando que não houve ganho real sobre essa variável.

As estimativas das médias de locais, na análise conjunta, para a variável AME, foram 1,31, 1,14, 1,15, e 1,37 m (Tabela 07) e, para a variável PRE, 0,57, 0,52, 0,54 e 0,58 (Tabela 09), em L1, L2, L3 e L4, respectivamente. Para ambas as variáveis, foram detectadas diferenças significativas pelo teste F ($p < 0,01$) entre locais (Figura 04 e 06). As médias de locais para AME e PRE, foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 07 e 09), sendo que L1 e L4 apresentaram as maiores médias e, L2 e L3, as menores, para ambas as variáveis.

Para variável AMP, as estimativas das médias de locais na análise conjunta foram 2,27, 2,18, 2,13 e 2,34, em L1, L2, L3 e L4, nessa ordem (Tabela 8). Foram encontradas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as médias de locais (Figura 05); no entanto, a separação das médias foi ligeiramente diferente daquela encontrada com as variáveis anteriores. As médias de tratamentos por local para AMP, em L3, foram às menores, em L4, as maiores, e em L1 e L2, intermediárias. O aumento na estatura de planta observado em L4, ou seja, cerca de 9,6%, provavelmente esteja relacionado à época de implantação dos experimentos. Como já mencionado anteriormente, esse experimento teve sua implantação mais tardia e, possivelmente, as maiores variações de temperatura e radiação solar favoreceram o crescimento das plantas de milho. Temperaturas médias próximas de 30°C, acompanhadas de elevadas taxas de radiação solar, promovem o desenvolvimento das plantas da cultura (Garcia et al., 2009).

Apesar de terem sido encontradas diferenças significativas pelo teste F entre tratamentos e locais para as três variáveis (AMP, AME e PRE), o efeito de IGA não foi significativo para nenhuma delas (Figura 04, 05 e 06).

Comprimento médio de pendão e número médio de ramificações

Inicialmente, o CPR foi avaliado em cada local de estudo individualmente. Os resultados revelaram diferenças significativas pelo teste F ($p < 0,05$) entre os tratamentos apenas em L1 (Tabela 10). Nesse local (Florianópolis), as médias obtidas pelos tratamentos foram separadas pelo teste de Tukey, sendo que a variedade Catarina obteve a menor média de comprimento e as populações MPA1-C0 e MPA1-C1, as maiores. Nos locais, a média geral de cada experimento foi 0,39, 0,41, 0,38 e 0,36 m em L1, L2, L3 e L4, respectivamente (Tabela 10). Na análise de variância individual por local, não foram identificadas diferenças significativas entre tratamentos para variável NRP, nos quatro locais, pelo teste F. Dessa forma, L1, L2, L3 e L4 obtiveram médias gerais correspondentes a 17,72, 17,90, 16,14 e 18,04 ramificações de pendão.

Kist (2006; 2010) estudaram as correlações genéticas entre as variáveis PROD e CRP e PROD e NRP a partir de amostras de FMI obtidas da população MPA1-C0 e MPA1-C1. O caráter CRP, em nenhum dos estudos, apresentou coeficiente de correlação genética significativo com PROD. No entanto, para NRP, uma das amostras de FMI obtida da população MPA1-C1, correlacionou-se significativamente ($p < 0,01$) e positivamente (0,53) com PROD (Kist, 2010). Esse resultado encontrando por Kist (2010) prediz que poderá ocorrer um aumento indireto no número de ramificações de pendão, em consequência do aumento de produtividade via seleção direta para o aumento de PROD. A estimativa de ganhos indiretos esperados em NRP com a seleção para PROD, a uma intensidade de seleção de 34 %, seria um aumento na ordem de 1,44 %. Além disso, é importante mencionar que nos anos de avaliação para seleção das FMI da população MPA1 foram registrados déficit hídricos no estado de Santa Catarina (Kist, 2010). A correlação genética entre CPR e PROD, e/ou NRP e PROD tende a ser positiva, principalmente, naqueles ambientes em condições desfavoráveis (Soares Filho, 1987; Câmara et al., 2007).

Em geral, são encontradas correlações significativas e negativas entre as duas variáveis (Geraldí et al., 1985; Sabadin, 2008), ou seja, o maior número de ramificações de pendão afeta negativamente a produtividade. Segundo alguns autores, a quantidade elevada de ramificações de pendão deve competir por fotoassimilados, restringindo o desenvolvimentos das espigas (Souza Jr et al, 1985; Mickelson et al., 2002) e também reduzir a incidência luminosa sobre a área fotossintética ativa das plantas (Geraldí et al., 1985; Mickelson et al., 2002). Por essa

razão, para esses autores são desejáveis correlações genéticas significativas e negativas entre os dois caracteres. Quanto às correlações genéticas entre CPR e PROD, são encontradas tanto associações negativas (Lordelo & Miranda Filho, 1981; Geraldi et al, 1985), assim como positivas (Sampaio, 1986; Soares Filho, 1987). No entanto, a correlação genética entre CPR e PROD tende a ser positiva, principalmente, naqueles ambientes em condições desfavoráveis (Soares Filho, 1987; Câmara et al., 2007).

Na análise conjunta dos quatro experimentos, as médias dos tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina para a variável CPR foram 0,39, 0,40, 0,39 e 0,36 m, respectivamente (Tabela 10). O CV foi de 6,69%. Foram detectadas diferenças significativas entre tratamentos ($p < 0,01$) pelo teste F. A média de CPR da população MPA1-C1 foi a mais elevada (0,40m) e a variedade Catarina, a menor (0,36 m). Kist (2006; 2010) não registram coeficientes de correlação genética significativos entre as variáveis PROD e CPR a partir de FMI obtidas de MPA1-C0 e MPA1-C1. No entanto, a seleção praticada para aumento do rendimento de grãos ocasionou um leve acréscimo no comprimento dos pendões das populações resultantes do primeiro (MPA-C1) e segundo ciclos (MPA-C2) de seleção por meio do esquema de SRCDFMI. Uma explicação para essa observação pode estar relacionada ao período de avaliação para seleção das FMI da população MPA1, onde foram registrados déficit hídricos no estado de Santa Catarina (Kist, 2010). Em consequência dessa condição, as FMI mais produtivas foram aquelas que apresentaram maior comprimento de pendão e, assim, garantiram a polinização e maior rendimento de grãos. Em ambientes com adversidades climáticas, tal como aquelas decorrentes do estresse hídrico, o aumento do CPR pode ser uma condição desejável (Soares Filho, 1987).

Na análise conjunta dos locais, as médias de tratamentos estimadas para NRP foram 17,10, 19,05, 16,62 e 16,91 ramificações por pendão para os tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina, respectivamente (Tabela 12). Os tratamentos apresentaram diferenças significativas ($p < 0,05$) pelo teste F. A média de ramificações de pendão estimada para a população MPA1-C1 foi a maior entre os tratamentos avaliados e a população MPA1-C2, apresentou a menor. Em decorrência da seleção para o aumento da produtividade de grãos praticada nesses dois ciclos, eram esperadas distintas respostas indiretas para o caráter NRP. Para a população MPA1-C1, não era esperada resposta indireta para NRP (Kist, 2006) e

para a população MPA1-C2, por outro lado, Kist (2010) preditou, em pequena magnitude, incremento do NRP. Ambas as condições não foram observadas no presente trabalho.

As estimativas das médias de locais da variável CRP na análise conjunta foram 0,39, 0,41, 0,38, e 0,36 m, em L1, L2, L3 e L4, nessa ordem (Tabela 10). Foram detectadas diferenças significativas entre as médias de locais ($p < 0,01$) pelo teste F (Figura 07). O teste de Tukey separou as médias em três grupos, sendo que em L4 foi a menor, em L2, a maior e, em L1 e L3, intermediárias a elas (Tabela 10). As médias de locais para a variável NRP não apresentaram diferenças significativas pelo teste F (Figura 09). As médias de locais obtidas pelos tratamentos encontram-se na Tabela 12. Para ambas as variáveis apresentadas nessa seção, o efeito de IGA não foi significativo para nenhuma delas (Figura 07 e 09).

Diâmetro médio de colmo

Para a variável DMC, analisada individualmente em cada local, foram detectadas diferenças significativas pelo teste F entre tratamentos em L3 ($p < 0,01$) e L4 ($p < 0,05$) (Tabela 11). O teste de separação de médias, em ambos os locais (Guaraciaba e Novo Horizonte), separou a população MPA1-C1 dos demais tratamentos em L3, e MPA1-C0 de MPA1-C1, em L4. Em L1 e L2, locais onde não foram encontradas diferenças significativas, a média geral obtida pelos tratamentos foi 1,26 e 1,73 cm, respectivamente.

As correlações genéticas entre os caracteres PROD e DMC estimadas por Kist (2006; 2010), em dois ciclos de seleção pelo esquema SRCDFMI a partir de MPA1-C0, foram discrepantes em sentido e magnitude. No primeiro ciclo de seleção, por meio da estimativa em três amostras independentes de FMI da população MPA1-C0, foram encontrados coeficientes de magnitude significativa ($p < 0,01$) de sentido positivo (0,61) e negativo (-0,76), bem como não significativa (Kist, 2006). No segundo ciclo de seleção, foram estimados coeficientes de magnitude significativa ($p < 0,01$) e positiva (0,35) e não significativa por meio de duas amostras de FMI obtidas da população MPA1-C1. Nesse último ciclo de seleção para incremento na produtividade de grãos praticado sob intensidade de 33 %, com base na análise conjunta dos dois experimentos, a resposta correlacionada esperada foi de 0,43% na espessura de colmo (Kist, 2010). Apesar da inconsistência observada para os coeficientes de correlação genética entre os dois caracteres, nesses dois ciclos de seleção, é desejável aumentar a média de DMC por resposta indireta ao aumento de PROD.

DMC é uma variável estrutural que possui estreita ligação com os índices de quebra de plantas e, por essa razão, justifica-se aumentá-la (Sangoi et al., 2001), especialmente para populações de milho de maior estatura. É importante destacar que o colmo também possui função de reserva de fotoassimilados. No período posterior à floração, prioritariamente, esses compostos armazenados são direcionados ao enchimento de grãos. Existem trabalhos relatando que podem ocorrer lesões nos tecidos basais dessa estrutura, quando o aparato fotossintético não produz fotoassimilados em quantidade suficiente para atender à demanda dos tecidos e do enchimento de grãos (Sangoi et al., 2001; Fontoura et al., 2006).

Na análise conjunta realizada a partir dos experimentos conduzidos nos quatro locais, as médias dos tratamentos foram 1,44, 1,54, 1,46 e 1,46 cm para MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e Catarina, respectivamente (Tabela 11). O CV foi de 4,60 %. Foram detectadas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre os tratamentos pelo teste F. A média geral estimada para essa variável estrutural foi 1,47 cm e a população MPA1-C1 diferenciou-se dos demais tratamentos por apresentar os maiores valores (1,54 cm) (Tabela 11). Esses resultados sugerem que os efeitos indiretos sobre DMC a partir da seleção em PROD foram mais expressivos na população MPA1-C1. Apesar da inconsistência obtida no estudo de correlação genética entre PROD e DMC (Kist, 2006), o presente estudo mostra que houve um leve aumento na espessura do colmo por meio a seleção favorável para o incremento da produtividade. No entanto, ressalta-se que a seleção dentro de FMI mais produtivas deve ter sido responsável pelo incremento observado nessa estrutura. Essa variável apresentou elevados valores de coeficientes herdabilidade restrita (0,53, 0,68 e 0,79) no primeiro ciclo de seleção, por meio da estimativa em três amostras independentes de FMI da população MPA1-C0.

As estimativas das médias de locais para DMC foram 1,26, 1,73, 1,53 e 1,44 cm, em L1, L2, L3 e L4, nessa ordem (Tabela 11). Foram encontradas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as médias locais pelo teste F (Figura 08). O teste de Tukey separou as médias locais de modo que todas elas se diferenciaram entre si (Tabela 11). O efeito de IGA foi significativo para DMC ($p < 0,01$) (Figura 08).

Quantidade de raízes adventícias

Inicialmente, a QRA foi avaliada, individualmente, em cada local. Foram detectadas diferenças significativas entre os tratamentos pelo teste F ($p < 0,05$) apenas em L1 (Tabela 13) e, por isso, as médias

obtidas pelos tratamentos nesse local (Florianópolis) foram separadas pelo teste de Tukey. A variedade Catarina apresentou às menores quantidades médias de raízes e a população MPA1-C1, as maiores. Nos demais locais, a média geral alcançada pelos tratamentos foi 18,93, 21,57 e 13,46 raízes adventícias em L2, L3 e L4 (Tabela 13).

No primeiro ciclo de seleção da população MPA1, por meio da estimativa em três amostras aleatórias de FMI obtidas da população MPA1-C0, foram estimadas as correlações genéticas entre PROD e QRA (Kist, 2006). As estimativas dos coeficientes de correlação genética entre ambos os caracteres de duas amostras de FMI foram de magnitudes significativas ($p < 0,01$) e sentidos negativos (-0,77 e -0,67), enquanto da outra amostra, o coeficiente foi não significativo e sentido positivo (0,05). As estimativas desses parâmetros obtidas no trabalho conduzido por Kist (2006) sugerem que as FMI mais produtivas tenderam a apresentar médias relativamente mais baixas para QRA, em duas das amostras de FMI analisadas. Segundo Magalhães & Silva (1987), as raízes adventícias representam um importante caráter estrutural que confere suporte às plantas, principalmente, para populações de estatura elevada. Elevadas QRA, aliadas a colmos de maiores espessuras, são variáveis que podem conferir resistência ao acamamento e a quebra dos colmos. No entanto, especificamente para a população MPA1-C1, mediante seleção favorável para aumento médio na produtividade de grãos, podem ser promovidas indiretamente, a partir de respostas correlacionadas, reduções na média do caractere QRA.

Na análise conjunta dos quatro locais, as médias dos tratamentos para QRA corresponderam a 16,13, 19,22, 17,43 e 14,63 raízes adventícias para MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e Catarina, respectivamente (Tabela 13). O CV foi de 17,99 %. Foram detectadas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre os tratamentos pelo teste F. O teste de Tukey separou MPA1-C1 com a maior média dos demais tratamentos (Tabela 13). Apesar das estimativas das correlações genéticas entre PROD e QRA predizerem a redução do número de raízes adventícias a partir da seleção para rendimento de grãos (Kist, 2006), essa condição não foi averiguada no presente estudo. Dentre as populações derivadas de MPA1, MPA1-C1 foi aquela cujo aumento indireto de QRA foi mais expressivo, em decorrência da seleção direta para o incremento de PROD. No entanto, ressalta-se que a seleção dentro de FMI mais produtivas deve ter sido responsável pelo incremento no número observado dessas estruturas. Essa variável apresentou elevados valores de coeficientes herdabilidade restrita (0,68, 0,48 e 0,63) no primeiro ciclo de seleção, por meio da estimativa em três

amostras independentes de FMI da população MPA1-C0. A obtenção de uma variedade melhorada mais produtiva com elevada QRA, é uma combinação favorável, pois os índices de acamamento podem ser minimizados (Magalhães & Silva, 1987).

As estimativas das médias de locais foram 13,96, 18,93, 21,57 e 13,46 raízes adventícias em L1, L2, L3 e L4, nessa ordem (Tabela 13). Foram detectadas diferenças significativas entre as médias de locais ($p < 0,01$) na análise conjunta pelo teste F (Figura 10). O teste de Tukey separou as médias de locais em dois grupos. As médias estimadas em L2 e L3 foram as maiores e em L1 e L4, as menores (Tabela 13). O efeito de IGA não foi significativo para esta variável (Figura 10).

Inclinação média das espiga

As diferenças entre médias de tratamentos foram significativas ($p < 0,05$) em L3 e L4 pelo teste F para a variável IME, nas análises efetuadas individualmente em cada local (Tabela 14). Em L3, a inclinação média da espiga da população MPA1-C1 revelou-se mais decumbente (2,75) e a população MPA1-C2 (2,35) e a variedade Catarina (2,40) apresentaram espigas mais eretas. Em L4, a variedade Catarina apresentou espigas com maior decumbência (2,65) e a população MPA1-C0 (1,83), espigas mais eretas. Em L1 e L2, locais onde não foram encontradas diferenças significativas, a média geral dos experimentos individuais foram 1,58 e 2,42 para L1 e L2, respectivamente (Tabela 14).

A inclinação média da espiga é um caráter de importância para cultura de acordo com a percepção dos pequenos agricultores do Oeste catarinense. Possuem preferência aquelas plantas de milho cujas espigas apresentam-se mais decumbentes no momento da colheita, ou seja, inclinadas para baixo (Kist, 2006; Ogliari et al., 2013). Aumentar a média da variável IME pode representar um aumento na qualidade de grãos, uma vez que espigas que tendem a ficar em posição ereta, após a maturação fisiológica, estão mais propensas a infiltrações de água das chuvas (Silva & Silva, 1997; Kist, 2006) e, conseqüentemente, a incidência de doenças.

A correlação genética entre os caracteres PROD e IME foi estudada no primeiro ciclo de seleção realizado na população MPA1 (Kist, 2006). A partir de três amostras de FMI obtidas da população MPA1-C0, foi constatado em duas delas coeficientes de correlação genética significativos ($p < 0,05$, em ambos os casos) e negativos (-0,28 e -0,27). Esses coeficientes sugerem que mediante a seleção para aumento da média de PROD, indiretamente a média de IME pode ser

reduzida, ou seja, as FMI mais produtivas tendem apresentar espigas com disposição mais eretas.

Na análise conjunta dos quatro locais, as estimativas das médias dos tratamentos corresponderam a 2,12, 2,24, 2,09 e 2,24 para MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e Catarina, respectivamente e, não diferiram significativamente entre si pelo teste F (Figura 11; Tabela 14). O CV foi de 11,91%. Ainda que o estudo de correlação genética entre PROD e IME, realizado por Kist (2006), revelasse coeficientes de correlação genética significativos e negativos, indicando que a população MPA1-C1 tende a possuir espigas mais eretas por meio da seleção para aumento no rendimento de grãos, essa condição não foi observada no presente estudo. Essa averiguação, em parte, é desejável, pois selecionando para incremento na produtividade de grãos, a variável IME não foi alterada nas populações resultantes do primeiro e segundo ciclos e as espigas, em sua maioria, permaneceram decumbentes.

As estimativas das médias de locais foram 1,58, 2,42, 2,51 e 2,24, em L1, L2, L3 e L4, nessa ordem (Tabela 14). Foram encontradas diferenças significativas entre as médias de locais ($p < 0,01$) pelo teste F (Figura 10). O teste de Tukey separou as médias de locais de modo que L1 apresentasse as menores médias de inclinação de espiga, L3, as maiores, e L2 e L4, intermediárias a elas (Tabela 14). A diferença encontrada entre as médias de locais pode ser explicada, em parte, pelas diferentes datas de colheita. Os experimentos conduzidos em L1, L2, L3 e L4 foram colhidos em 130, 162, 162 e 172 dias, respectivamente, após emergência de plântulas. Silva & Silva (1997) descrevem que à medida que as plantas atingem a maturidade fisiológica, a extremidade superior das espigas naturalmente inclina-se para baixo, no entanto, esse efeito é manifestado ao longo dos dias de forma crescente. O efeito de IGA foi significativo ($p < 0,01$) para IME (Figura 10).

3.3.3. Caracteres agronômicos pré-colheita

Prolificidade

A análise efetuada individualmente em cada local para a variável PR não resultou em diferenças significativas entre tratamentos pelo teste F (Tabela 15). As médias gerais dos experimentos foram 0,96, 1,10, 0,93 e 0,97 espigas plantas⁻¹, em L1, L2, L3 e L4, respectivamente.

Muitos trabalhos relatam correlações genéticas significativas e positivas entre prolificidade e a produtividade de grãos na cultura do milho (Lima Neto & Souza Jr, 2009; Arias et al., 1999). Provavelmente, esse componente de rendimento de grãos deve ser o caráter que possui a maior correlação genética com a produtividade (Souza Jr et al., 1985).

Especificamente para a população MPA1, em seu primeiro ciclo de seleção, as amostras independentes de FMI obtidas da população MPA1-C0 não apresentaram diferenças significativas entre si e, por isso, não foram estimados os parâmetros estático-genéticos associados a essa variável (Kist, 2006). Todavia, no segundo ciclo de seleção, as variáveis PROD e PR apresentaram correlações genéticas significativas ($p < 0,01$ e $p < 0,05$, respectivamente) e positivas (0,75 e 0,22, nessa ordem) para as duas amostras aleatórias de FMI obtidas de MPA1-C1 (Kist, 2010). Por meio da seleção a favor do aumento do rendimento de grãos sob intensidade de 33 %, são esperados ganhos indiretos de 0,54% em PR. A prolificidade de plantas é um caráter de fácil observação (Alves et al, 2002) e correlações significativas e positivas são desejáveis com o rendimento de grãos. Por isso, é possível obter resposta correlacionada à produtividade de grãos, por meio da seleção de plantas com maior número de espigas e vice versa nas populações derivadas de MPA1.

Na análise conjunta efetuada com base nos quatro locais, o valor do CV foi de 13,67% e os tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e Catarina não diferiram significativamente entre si pelo teste F (Figura 12). As estimativas das médias foram de 0,91, 0,99, 1,01 e 0,94 espigas plantas⁻¹, respectivamente (Tabela 15). A partir da pesquisa realizada por Kist (2010), ganhos indiretos de pequena magnitude (0,54 % espigas plantas⁻¹) eram esperados para PR na população MPA1-C2 a partir da seleção visando o incremento da produtividade de grãos. No entanto, a partir da análise conjunta, o presente estudo não constatou tais efeitos preditos. Apesar da ausência de diferenças significativas entre os tratamentos, foi observado uma leve tendência para o aumento do número de espigas plantas⁻¹ nas populações melhoradas MPA1-C1 e MPA1-C2. Balbinot Jr et al (2005) avaliaram a produtividade de grãos e seus componentes em 24 variedades de polinização aberta conservadas por agricultores do Oeste catarinense e, nesse estudo, foram observados valores de prolificidade com amplitudes de variação de 0,90 a 1,22 espigas plantas⁻¹. A variedade MPA1-C0, em particular, obteve média correspondente a 1,02 espigas plantas⁻¹. Esses resultados são semelhantes aos encontrados no presente estudo para as populações MPA1 original (MPA1-C0) e resultantes do primeiro (MPA1-C1) e segundo ciclos (MPA1-C2) de seleção pelo esquema SRCDFMI.

As estimativas das médias de locais foram 0,96, 1,10, 0,93 e 0,93 espigas plantas⁻¹, em L1, L2, L3 e L4, respectivamente. Foram encontradas diferenças significativas entre as médias de locais ($p < 0,01$) pelo teste F (Figura 12). O teste de Tukey separou as médias de locais em dois grupos, sendo que as menores médias foram estimadas para L1,

L3 e L4 e para L2, a maior (Tabela 15). O efeito da IGA não foi significativo para esta variável (Figura 12).

Plantas tombadas

Para a variável PT, analisada individualmente em cada local, foram detectadas diferenças significativas entre tratamentos pelo teste F ($p < 0,01$), em L3 e L4 (Tabela 16). Em ambos os locais, a população MPA1-C0 obteve as maiores médias de tombamentos. Perdas de rendimento e na qualidade de grãos e sementes são ocasionadas em plantas que apresentem essa condição. Os efeitos do tombamento sobre o rendimento de grãos dependem da resistência dos genótipos, da severidade das lesões nos colmos e da fase de desenvolvimento da cultura em que elas se manifestam (Federizzi et al., 1994; Gomes et al., 2010).

O tombamento de plantas possui estreita ligação com os caracteres morfológicos altura de planta, posição relativa da espiga, quantidade de raízes adventícias e diâmetro médio de colmo. Plantas que apresentam menores estaturas, posição relativa de espiga próximos a 0,50 (Li et al, 2007), maiores quantidades de raízes adventícias (Magalhães & Silva, 1987) e elevados diâmetros de colmo (Sangoi et al., 2001) tendem a possuir maior resistência a essa condição. Cruz et al. (2003) explicam que o tombamento é um acontecimento complexo resultantes da interação entre fatores genéticos e ambientais. A chuva e o vento são apontados como os principais agentes causadores (Easson et al., 1993; Cruz et al., 2003).

Na análise conjunta efetuada com base nos experimentos dos quatro locais, as médias dos tratamentos corresponderam a 22,44, 10,49, 9,40 e 8,37% de plantas tombadas para os tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina, respectivamente. Foram detectadas diferenças significativas pelo teste F ($p < 0,01$) entre os tratamentos (Tabela 16). O teste de Tukey separou as médias obtidas pelos tratamentos e, assim, a população MPA1-C0 apresentou as maiores médias percentuais. O CV foi de 37,48%, indicando que essa variável foi fortemente influenciada pelo ambiente. No entanto, apesar da grande dispersão entre as médias dos tratamentos, aparentemente, as populações melhoradas derivadas de MPA1-C0 apresentaram menores médias percentuais. Essa é uma condição favorável e esperada, principalmente, pelo registro de maiores médias de diâmetro de colmo e quantidades de raízes adventícias e menores índices de posição relativa das espigas, sobretudo, observadas na população MPA1-C1.

As estimativas das médias dos locais foram 10,77, 11,97 e 21,66% de plantas tombadas, em L1, L3 e L4, nessa ordem (Tabela 16). Foram encontradas diferenças significativas entre as médias locais ($p < 0,01$) pelo teste F (Figura 13). O teste de Tukey separou as médias de locais, sendo que L1 e L3 apresentaram as menores médias e L4, as maiores (Tabela 16). Esse resultado pode ser explicado, em parte, pela implantação tardia do experimento em L4. Neste caso, as maiores temperaturas médias desse local promoveram uma maior desenvolvimento na estatura das plantas (Garcia et al., 2009), em torno de 10% (Tabela 08), o que, possivelmente, propiciou maiores condições ao tombamento. Apesar da presença de diferenças significativas entre tratamentos e locais, o efeito de IGA não foi significativo para esta variável (Figura 13).

3.3.4. Caracteres agronômicos pós-colheita

Número médio de fileiras de grãos por espiga e número médio de grãos por fileira

Para as variáveis NFG e NGF, analisadas individualmente em cada local, não foram detectadas diferenças significativas pelo teste F entre tratamentos, exceto em uma localidade (Tabelas 17 e 18). A exceção mencionada foi observada em L4, para a variável NFG. Nesse local (Novo Horizonte), as médias estimadas para a população MPA1-C1 (14,50 fileiras de grão espigas⁻¹) foram superiores quando comparadas com aquelas obtidas para os demais tratamentos (13,33 fileiras de grão espigas⁻¹) (Tabela 17). Nos demais locais, todos sem apresentar diferenças significativas entre tratamentos para a variável NFG, as médias gerais obtidas foram 13,58, 14,20 e 13,83 fileiras de grão espigas⁻¹, em L1, L2 e L3, respectivamente, e para a variável NGF, 35,50, 36,98, 32,56 e 29,94 grãos fileiras⁻¹, em L1, L2, L3 e L4, nessa ordem.

As correlações genéticas entre PROD e seus componentes de rendimento são estudadas em diversas pesquisas (Ottaviano & Camussi, 1981; Bolaños & Edmeades, 1996; Carvalho et al., 2001; Silva, 2002; Mohammadi et al., 2003; Sababin, 2008; Nemati et al., 2009; Bello et al., 2010; Kist, 2010). Em muitas delas, as variáveis NFG e NGF apresentam correlações genéticas significativas e positivas com PROD. As estimativas desses parâmetros indicam que é possível obter ganhos indiretos na produtividade média, por meio da seleção de entidade genética portadora de maiores números de grãos fileiras⁻¹ e fileiras espigas⁻¹ e vice versa. Para a população MPA1, em seus dois ciclos de seleção, também foram estimados os coeficientes de correlação genética

entre PROD e NFG e PROD e NGF (Kist, 2006; 2010). No primeiro ciclo de seleção, a partir de três amostras independentes de FMI obtidas da população MPA1-C0, foram revelados coeficientes de correlação genética de magnitudes não significativa e significativa e positiva (0,34) entre PROD e NFG e, somente coeficientes significativos ($p > 0,01$) e positivos entre PROD e NGF (0,61, 0,57 e 0,70) (Kist, 2006). Os elevados valores de coeficientes de correlação genética, sobretudo observado entre PROD e NGF, sugerem que de forma indireta é possível obter aumentos médios simultâneos para essas variáveis, a partir da seleção para o aumento de PROD. No segundo ciclo de seleção da população MPA1, coeficientes de mesmas magnitudes e sentidos foram observados por Kist (2010) em duas amostras independentes FMI obtidas da população MPA1-C1. No entanto, para aqueles de sentido positivos, em menor magnitude (0,30 para NFG e PROD e 0,31 para NGF e PROD). Para esse segundo ciclo de seleção foram estimados ganhos esperados e indiretos médios para NFG e NGF, via seleção para aumento de PROD, sob intensidade de 33%, da ordem de 0,28 e 0,40 %, respectivamente (Kist, 2010).

Para a variável NFG, analisada conjuntamente a partir dos dados dos quatro locais, as estimativas das médias dos tratamentos corresponderam a 13,89, 14,08, 13,52 e 13,61 fileiras espigas⁻¹ para MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina, respectivamente (Tabela 17). O CV encontrado foi de 3,91 %, indicando que as técnicas experimentais praticadas permitiram um bom controle das fontes de variação não controláveis dos experimentos para essa variável. Foram detectadas diferenças significativas entre tratamentos ($p < 0,04$) pelo teste F (Figura 14). Desse modo, a população MPA1-C1 apresentou a maior estimativa média de fileiras espigas⁻¹, a população MPA1-C2, a menor, e a população MPA1-C0 e a variedade Catarina, intermediária a elas. Para a variável NGF, na análise conjunta dos quatro locais, na mesma ordem anterior, os tratamentos obtiveram médias correspondentes a 32,91, 34,91, 33,59 e 32,73 grãos fileira⁻¹, respectivamente (Tabela 18). O CV foi um pouco mais elevado (7,68%) em relação à variável NFG. Embora o valor de CV tenha sido relativamente baixo, o teste F não detectou diferenças significativas entre os tratamentos para NGF (Figura 15). Os parâmetros estatístico-genéticos da população MPA1, nos dois ciclos de seleção praticados para aumento de PROD, preditavam ganhos indiretos na variável NFG e, principalmente, em NGF (Kist 2006 e 2010) por meio da seleção para o aumento de PROD. No entanto, os resultados observados no presente trabalho mostraram que a seleção para o aumento médio de PROD, nas

intensidades praticadas, não resultaram em incrementos no número de grãos fileira⁻¹, mas afetaram mais expressivamente o número de fileiras espigas⁻¹ na população MPA1-C1.

As estimativas médias dos locais para NFG foram 13,58, 14,20, 13,83 e 13,63 fileiras espigas⁻¹ em L1, L2, L3 e L4, respectivamente (Tabela 17). Para NGF, as médias locais, na mesma ordem anterior, foram 35,50, 36,98, 32,56 e 29,94 grãos fileiras⁻¹, respectivamente (Tabela 18). Em ambas as variáveis, o teste F detectou diferenças significativas ($p < 0,02$ e $0,01$) entre locais (Figuras 14 e 15). Tanto para NFG como para NGF, L4 apresentou a menor média e L2, a maior. O efeito de IGA não foi significativo para nenhuma das variáveis analisadas nessa seção (Figura 14 e 15).

Peso de mil grãos

Para a variável PMG, analisada individualmente em cada local, foi detectada diferença significativa ($p < 0,01$) entre tratamentos pelo teste F apenas em L1 (Tabela 19). Nesse local (Florianópolis), as médias de tratamentos foram separadas pelo teste de Tukey, sendo que as populações MPA1-C0 e MPA1-C1 apresentaram as menores médias de peso para mil grãos (g), a variedade Catarina, as maiores, e a população MPA1-C2, intermediárias a elas. Em L2, L3 e L4, locais onde não foram detectadas diferenças significativas entre tratamentos, a média geral dos quatro tratamentos foi 351,77, 305,09 e 325,17 g, respectivamente (Tabela 19).

A massa dos grãos é um dos importantes componentes de rendimento para a produtividade da cultura. Muitos trabalhos apontam correlações genéticas significativas e positivas entre os caracteres PROD e PMG (Ottaviano & Camussi, 1981; Carvalho et al., 2001; Mohammadi et al., 2003). Especificamente para as três amostras independentes de FMI obtidas da população MPA1-C0, em seu primeiro ciclo de seleção, não foram detectadas diferenças significativas entre FMI e, por isso, os parâmetros estático-genéticos não foram estimados para essa variável (Kist, 2006). No segundo ciclo de seleção, essa característica não esteve presente no escopo das variáveis analisadas por Kist (2010) e, portanto, se desconhece a resposta correlacionada em PMG, por meio da seleção para aumento de PROD.

Na análise conjunta dos quatro locais, as estimativas das médias dos tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e Catarina foram 316,21, 317,99, 322,54 e 343,94 g, respectivamente (Tabela 19). O CV foi de 7,36 % e, nessas condições, o teste F detectou diferença significativa entre os tratamentos ($p < 0,01$) (Figura 16). Portanto, os

menores valores estimados para as médias foram obtidos pelas populações MPA1-C0, MPA1-C1, as maiores, pela variedade Catarina e intermediária a elas, a população MPA1-C2. Esses resultados demonstram um ligeiro aumento no peso de mil grãos, principalmente, observados na população MPA1-C2. Isso sugere que a seleção praticada para o aumento de PROD nas intensidades praticadas, apresentou respostas correlacionadas em PMG e, assim, proporcionou um incremento em massa dos grãos nas populações MPA1-C1 e MPA1-C2. Balbinot et al. (2005), estimaram o peso médio de mil grãos de 312 g para 24 variedades de polinização aberta do Oeste de Santa Catarina e, em particular, para variedade MPA1 original, esse valor foi de 338 g. Marchão et al. (2005) encontraram peso de mil grãos de 319 g na avaliação de características agronômicas de híbridos. Os resultados encontrados por esses autores são semelhantes aos observados para as populações derivadas de MPA1 do presente estudo.

As estimativas médias dos locais foram 346,24, 351,77, 305,09 e 325,17 g em L1, L2, L3 e L4, respectivamente. Foram detectadas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as médias de locais pelo teste F (Figura 16). O teste de Tukey separou as médias de locais em dois grupos. As médias estimadas em L3 e L4 foram as menores e em L2, a maior (Tabela 19). Apesar das diferenças significativas entre tratamentos e locais, o efeito de IGA não foi significativo para esta variável (Figura 16).

Grau médio de empalhamento e empalhamento médio de espigas

As variáveis GEN e EPN, analisadas individualmente em cada local, não revelaram diferenças significativas pelo teste F entre tratamentos (Tabelas 20 e 21), exceto para GEN em L4. As médias gerais dos experimentos em L1, L2, L3 e L4, foram, para a variável GEN, 2,74, 2,67, 2,56 e 2,72, respectivamente e, para a variável EPN, 1,66, 1,19, 1,76 e 1,43, nessa ordem. Os valores médios obtidos pelas populações derivadas de MPA1, de maneira geral, indicam que as espigas possuem empalhamento parcialmente fechado e bem compacto.

Na percepção dos pequenos agricultores do Oeste catarinense, o grau de empalhamento e o empalhamento das espigas são caracteres de elevada importância para cultura. No processo de seleção de plantas, os agricultores preferem aquelas espigas de milho que apresentam empalhamento cobrindo-as por completo e bem firme (Kist, 2006; Ogliari et al., 2013). As espigas que apresentam empalhamento incompleto e frouxo estão mais propensas ao ataque de pragas e animais

e intempéries climáticas, resultando em perdas na qualidade e quantidade de grãos (Silva & Silva, 1997). Dentre os critérios priorizados na seleção de plantas para aumento da produtividade da população MPA1, o grau de empalhamento de espigas esteve presente nesses dois ciclos praticados (Kist, 2010), na fase de recombinação, cuja seleção é efetuada em plantas individuais dentro de FMI (Kist et al., 2010). No entanto, se desconhecem as estimativas dos parâmetros estatístico-genéticos envolvendo esses dois caracteres (Kist, 2006 e 2010).

As variáveis GEN e EPN, uma por vez, analisadas conjuntamente a partir dos dados gerados nos experimentos dos quatro locais, não apresentaram diferenças significativas entre tratamentos pelo teste F (Figuras 17 e 18). Dessa forma, as médias estimadas dos tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina para o grau médio de empalhamento foram 2,74, 2,67, 2,56 e 2,72, respectivamente, e para o empalhamento médio foram 1,57, 1,39, 1,53 e 1,64, nessa ordem. As estimativas do CV nas análises conjuntas foram 9,78 e 19,65 para GEN e EPN, respectivamente. Esses resultados indicam que não houveram respostas correlacionadas a partir da seleção para incremento na produtividade de grãos sobre o grau de empalhamento e empalhamento das espigas. Contudo, observa-se que a população MPA1-C0, assim como as populações resultantes dos dois ciclos de seleção (MPA1-C1, MPA1-C2) apresentam espigas com empalhamento fechado e bastante compacto.

As estimativas das médias dos locais são apresentadas no início dessa seção (Tabela 20 e 21). Em ambas variáveis foram observadas diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as médias de locais pelo teste F (Figuras 17 e 18). L2 e L4 foram os locais que apresentaram as maiores médias para GEN (Tabela 20) e L3, o melhor EPN. As variáveis GEN e EPN tiveram seus valores expressos por meio da atribuição de notas e, por isso, a diferença de médias entre locais constatadas pode ter relação com a avaliação do pesquisador em datas distintas. Não foram detectadas diferenças significativas para o efeito de IGA, em ambos os caracteres (Figuras 17 e 18).

Diâmetro e comprimento médio de espiga

As variáveis DME e CME, analisadas individualmente em cada local, não revelaram diferenças entre tratamentos pelo teste F (Tabelas 22 e 23). Dessa forma, as médias gerais de tratamentos para a variável DME, em L1, L2, L3 e L4, foram 4,73, 4,91, 4,55 e 4,80 cm,

respectivamente, e para a variável CME, 16,00, 16,85, 16,34 e 17,07 cm, nessa ordem.

A correlação genética entre PROD e CME foi estimada apenas no primeiro ciclo de seleção da população MPA1 (Kist, 2006 e 2010). Por meio de três amostras aleatórias de FMI da população MPA1-C0, foram estimados dois coeficientes de correlação genética significativos ($p < 0,05$) e positivos (0,09 e 0,53) e um coeficiente não significativo entre PROD e CME. De maneira geral, esses valores indicam que é possível a obtenção de aumentos médios simultâneos para CME de forma indireta, a partir da seleção para o aumento de PROD. Arias et al. (1999) e Aguiar (2003) também encontram correlações genéticas significativas e positivas entre PROD e CME. Kist (2006) devido ao resultado da elaboração participativa dos critérios de seleção dessa população desconsiderou o caráter DME nas estimativas dos parâmetros estatísticos genéticos nesses dois ciclos de seleção. Por isso, se desconhece as possíveis respostas correlacionadas sobre essa variável, via seleção para aumento médio de PROD.

As estimativas das médias dos tratamentos MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina para a variável DME, na análise conjunta dos quatro locais, corresponderam a 4,71, 4,81, 4,71 e 4,72 cm, respectivamente (Tabela 22). O CV estimado foi de 3,81% e o teste F não detectou diferenças significativas entre tratamentos para essa variável (Figura 19). As estimativas das médias de tratamentos para CME, na mesma ordem anterior, foram de 16,00, 16,85, 16,34 e 17,07 cm, respectivamente, com CV de 5,34 % (Tabela 23). O teste F detectou diferenças significativas entre os tratamentos ($p < 0,05$) para CME (Figura 20). Assim, a média do tratamento MPA1-C0 foi a menor, da variedade Catarina, a maior, e das populações MPA1-C1 e MPA1-C2, intermediárias a elas. Esses resultados demonstram que, a partir da seleção para incremento de PROD sob as intensidades praticadas no primeiro e segundo ciclo de seleção, não foram observados respostas correlacionadas em DME e, por outro lado, obteve-se rápido aumento no comprimento de espigas das populações melhoradas por resposta indireta da seleção. Devido aos coeficientes de correlação genética significativos e positivos entre os dois caracteres (PROD e DME), no primeiro ciclo de seleção (Kist, 2006), essa constatação já era esperada.

As estimativas médias dos locais são apresentadas no início dessa seção (Tabelas 22 e 23). Em ambas variáveis, foram observadas diferenças estatísticas entre as médias de locais ($p < 0,01$) pelo teste F (Figuras 19 e 20). L3 foi o local que apresentou a menor média para a variável diâmetro médio de espiga (Tabela 22) e L4, seguido por L1 e

L3, obtiveram as menores médias para comprimento médio de espiga (Tabela 23). Não foram detectadas diferenças significativas para o efeito de IGA considerando essas duas variáveis (Figuras 19 e 20).

Produtividade

A variável PROD, analisada individualmente em cada local, não revelou diferenças significativas entre tratamentos pelo teste F (Tabela 24). Portanto, a média geral dos experimentos em L1, L2, L3 e L4 foram 6,46, 7,40, 5,13 e 4,32 t ha⁻¹, respectivamente. A maior parte dos programas de melhoramento genético de milho requer aumento na produtividade de grãos. No entanto, a seleção ao seu favor pode proporcionar respostas correlacionadas em outros caracteres de interesse agrônomico. São raros os trabalhos de melhoramento, que visam mudanças favoráveis de uma única característica, descuidando-se das demais. Por isso, nos dois ciclos de seleção recorrente pelo esquema convergente-divergente, foram efetuadas as estimativas dos parâmetros estatístico-genéticos da população MPA1 para vários caracteres (Kist, 2006; 2010). Essa prática dos melhoristas de milho busca conhecer as possíveis respostas indiretas das variáveis de interesse dos agricultores que estejam correlacionadas com a variável-alvo de seleção do programa.

No primeiro ciclo de seleção da população MPA1, devido à presença de coeficientes de correlação genética em sentido inverso ao interesse dos agricultores, sobretudo, observados para os caracteres QRA (-0,77 e -0,67), AMP (0,28), DCO (-0,76) e IME (-0,28), foram aplicadas intensidades de seleção brandas, nas três amostras independentes de FMI obtidas de MPA1-C0, para assim promover o melhoramento simultâneo dos principais atributos destacados como prioritários pelos agricultores (Kist, 2006). Todavia, por meio da avaliação de três amostras de FMI, o ganho direto de seleção estimado, sob a intensidade 25% de seleção das melhores famílias, foram de 3,65%, 5,95% e 5,48% para a produtividade de grãos (Kist, 2006). Estimativas de ganhos diretos em PROD semelhantes àquelas estimadas para a população MPA1, foram observados por Carvalho et al (2000a), sob intensidade de 8% de seleção, em famílias de meios-irmãos. No segundo ciclo de seleção dessa população, o estudo de correlações genéticas dos caracteres com PROD revelou-se favorável para as principais características de interesse dos agricultores, via seleção para incremento de rendimento de grãos, com exceção de AMP (0,45 e 0,26). Sob intensidade de seleção de 33%, foram estimados ganhos diretos médios da ordem de 1,90 % para PROD (Kist, 2010).

Kist et al (2010), no primeiro ciclo de seleção, avaliaram três amostras independentes de 64 FMI da população MPA1-C0 em distintos locais, no município de Anchieta. Esse esquema de seleção não permite estimar a parte fenotípica da variação contínua associada ao efeito da interação entre famílias e locais e, assim, as estimativas de progresso genético esperado com a seleção ficam superestimadas. Por outro lado, esta prática apresenta a possibilidade de seleção de plantas em condições específicas, as quais podem ser favorecidas em apenas um local, mas não nos outros, como por exemplo, tolerância ao estresse hídrico, resistência a doenças, acamamento de plantas, etc (Kist et al., 2010). Por isso, para melhorar a eficiência do segundo ciclo de seleção, sem perder as vantagens advindas da estratégia convergente-divergente, cada uma das amostras independentes de 96 famílias de meio-irmãos da população MPA1-C1 foram duplicadas e avaliadas em dois locais. Essa abordagem visa, sobretudo, aumentar a precisão das estimativas de progresso esperado com a seleção e, ao mesmo tempo, permitir o desenvolvimento de uma população com ampla adaptação para a região de abrangência do programa de melhoramento genético participativo desenvolvido pelo NEABio.

Na análise conjunta dos quatro locais, as estimativas das médias dos tratamentos corresponderam a 5,69, 5,67, 5,70 e 6,07 t ha⁻¹ para MPA1-C0, MPA1-C1, MPA1-C2 e a variedade Catarina, respectivamente (Tabela 24). A produtividade média das populações derivadas de MPA1, ou seja, C0, C1 e C2, nos quatro locais, variaram de 5,67 a 5,70 t ha⁻¹ e, em relação à testemunha SCS155 Catarina (VPA recomendada pela EPAGRI para cultivo no estado de Santa Catarina), a média das três populações MPA1 em processo cíclico de seleção recorrente, foi apenas 6,26 % inferior. Essa é uma condição esperada, tendo em vista que a população MPA1 está no início de um programa de melhoramento genético e que ainda existe muita variabilidade genética dentro dessa população para ser explorada em ciclos de seleção recorrente (Kist et al, 2010).

Embora as estimativas das médias dos tratamentos da análise conjunta estejam variando em torno de 2% abaixo e 5% acima da média do experimento (5,78 t ha⁻¹), não foram detectadas diferenças significativas pelo teste F. Os ganhos médios estimados a partir da seleção direta para o aumento de PROD foram de 5,25% no primeiro ciclo (de MPA1-C0 para MPA1-C1) e de 1,90% no segundo ciclo (de MPA1-C0 para MPA1-C1). Ganhos de tais magnitudes contribuem com diferenças entre tratamentos dificilmente detectadas em testes estatísticos, cujo CV estimado foi de 17,99 % (Tabela 24). A ausência

de significativos incrementos do rendimento de grãos pode ser explicada, em parte, pela intensidade de seleção branda aplicada nos primeiros dois ciclos pelo esquema convergente-divergente, os quais corresponderam a 25 % e 33%, no primeiro e segundo ciclos, respectivamente (Kist et al., 2010; Ogliari et al., 2013) e pelo número de ciclos praticados até o momento.

Bonomo et al (2000) realizaram comparações entre os ganhos preditos e realizados na produtividade de grãos da população de milho Palha Roxa. Nesse estudo, os autores realizaram um ciclo de seleção entre FMI para o incremento na produção de grãos, utilizando diferentes intensidades de seleção. As percentagens de seleção utilizadas foram 6,25, 10,20, 14,28 e 20,41 %. Como resultado, todas as populações resultantes desse primeiro ciclo de seleção obtiveram médias superiores à população original, evidenciando que ganhos genéticos foram realizados. Todavia, dentre as populações selecionadas, não foram observadas diferenças significativas entre si, o que parece indicar que as distintas intensidades de seleção tiveram a mesma eficiência nesse primeiro ciclo de seleção na população Palha Roxa. Comparando o maior com o menor índice de seleção praticado por Bonomo et al (2000), nota-se que para os ganhos predito e realizado a 6,25% de intensidade de seleção foram obtidos ganhos de 23,05% e 12,24% em produtividade, respectivamente, e a 20,41% de intensidade de seleção, os ganhos foram de 16,58% e 10,80%, nessa ordem. De maneira geral, os progressos realizados sob as diferentes intensidades de seleção foram inferiores aos valores preditos e a amplitude dessas discrepâncias foram mais acentuadas sob intensidades de seleção menores. As respostas esperadas e observadas foram concordantes apenas em sentido, mas diferiram em magnitudes. As estimativas de ganhos em PROD realizadas por Kist (2006; 2010) e Kist et al. (2010), de forma similar ao trabalho realizado por Bonomo et al (2000), foram concordantes em sentido. Os modelos nos quais se baseiam as estimativas do ganho genético não identificam a totalidade dos efeitos envolvidos no processo de avaliação de plantas e, por essa razão, a maior dificuldade normalmente ocorre devido aos efeitos de interação genótipo x ambiente serem incluídos nas estimativas de ganhos genéticos (Vencovsky & BARRIGA, 1992). Possivelmente, no primeiro ciclo de seleção, a inclusão dos efeitos de IGA nas estimativas de ganhos de seleção em PROD, pode ter sido responsável pelas estimadas em magnitudes mais elevadas àquelas observadas no segundo ciclo de seleção.

Ainda nesses dois ciclos de seleção recorrente convergente-divergente para aumento de PROD na população MPA1, eram esperadas

respostas indiretas, em sentido oposto aos interesses dos agricultores do Oeste de SC para as variáveis AMP, DMC, QRA e IME (Kist, 2006; 2010). Essas respostas correlacionadas indesejáveis a partir da seleção para incremento de PROD tenderiam a diminuir a espessura média de colmo e do número médio de raízes adventícias, assim como aumentar a estatura média de planta e posicionar as espigas mais ereta, em relação ao colmo. No entanto, essas predições, em parte, não foram observadas. Particularmente para as variáveis AMP e IME, não foram detectadas diferenças significativas entre tratamentos (Tabelas 08 e 14), e para DMC e QRA, aumentaram suas respectivas médias observadas nas populações melhoradas, sobretudo, em MPA1-C1 (Tabelas 11 e 13). Os incrementos observado nas variáveis DMC e QRA possivelmente devem estar relacionados a seleção praticada dentro de FMI.

O elevado potencial produtivo das populações derivadas de MPA1, que vem sendo registrado em diversos experimentos e safras, merece destaque. Ogliari et al. (2013) determinaram valores de rendimento de grãos da população MPA1 original (MPA1-C0) de $6,9 \text{ t ha}^{-1}$ e $7,5 \text{ t ha}^{-1}$, em experimentos realizados no Planalto Norte de SC, nas safras 2002/2003 e 2003/2004, respectivamente. Nas mesmas safras, as produtividades médias do Estado foram de $4,99$ e $4,16 \text{ t ha}^{-1}$, respectivamente. Na safra correspondente á presente pesquisa (2012/2013), a média de rendimento de grãos do Estado de Santa Catarina foi de $6,85 \text{ t ha}^{-1}$ (CONAB, 2013) e a média observada das populações derivadas de MPA1 foi de $5,68 \text{ t ha}^{-1}$. A produtividade de grãos estimada para MPA1-C0, MPA1-C1 e MPA1-C2 mostra o elevado potencial destas populações para programas cíclicos de seleção recorrente.

As estimativas das médias de locais são apresentadas no início dessa seção (Tabela 24). O teste F detectou diferença significativa ($p < 0,01$) entre as médias de locais (Figura 21). Dessa forma, as médias estimadas em L3 ($4,32 \text{ t ha}^{-1}$) e L4 ($4,32 \text{ t ha}^{-1}$) foram as menores, em L2 ($7,70 \text{ t ha}^{-1}$), as maiores, e em L1 ($6,46 \text{ t ha}^{-1}$), intermediária a elas. O efeito de IGA não foi significativo para esta variável (Figura 21). Em estudo investigativo sobre o desempenho quanto à adaptação e estabilidade de cultivares de milho de diferentes bases genéticas, Cardoso et al. (2007) demonstraram que as variedades de polinização aberta apresentam maior amplitude de adaptação, quando comparada às cultivares híbridas.

3.4. Interação genótipo x ambiente

A maioria das variáveis avaliadas não apresentou diferenças significativas para o efeito da IGA, com exceção de DMC e IME.

A interação genótipos x ambientes ocorre quando há respostas diferenciadas dos genótipos avaliados em diferentes ambientes. São descritas interações genótipos x ambiente de natureza simples e complexa. As IGA de caracteres simples são observadas quando os genótipos apresentam distintos desempenhos nos locais em que foram avaliados, ou seja, é proporcionado pela diferença entre os genótipos. No entanto, nesse tipo de interação, não ocorre à inversão na ordem relativa de classificação entre eles. As IGA complexas são observadas quando os genótipos avaliados obtêm diferentes desempenhos nos distintos ambientes avaliados, alternando a ordem de classificação entre si e, portanto, é dada pela ausência de correlação entre os genótipos (Cruz & Regazzi, 2004; Vencovsky & Barriga, 1992). Do ponto de vista agrônomo e para o melhoramento de plantas, IGA simples não interferem na recomendação de cultivares pelo melhorista e no processo de seleção de plantas. Porém, nas IGA complexas, os ganhos de seleção podem ser influenciados e a recomendação de cultivares deve ser específica para cada região (Vencovsky & Barriga, 1992; Alves et al., 2006). Os ambientes dinâmicos em que os genótipos se desenvolvem, sujeitos a constantes variações climáticas que ocorrem durante o todo o ciclo da cultura, podem causar, geralmente, um comportamento diferenciado dos mesmos em resposta a essas alterações (Zhakote et al., 1989; Cruz & Regazzi, 1994). Possivelmente, fatores fisiológicos e biológicos do próprio genótipo devem estar relacionados às distintas respostas ao meio em que são avaliados (Cruz & Carneiro, 2003; Cruz & Regazzi, 2004).

Em pesquisas de melhoramento genético, estimar as magnitudes das IGA é uma questão fundamental. Muitos estudos têm procurado relacionar a base genética das cultivares de milho com a estabilidade de produção (Carvalho et al., 2000b; Alves et al., 2006; Cardoso et al., 2007). Alguns autores relatam que cultivares de ampla base genética, tais como as VPA, são mais estáveis do que aquelas de estreita base genética. O elevado número de genótipos que constituem as VPA heterogêneas é apontado como a razão da estabilidade encontrada nesses estudos (Ruschel, 1968; Lemos, 1976).

Na presente pesquisa, um importante resultado foi observado na ausência de efeitos significativos de IGA para rendimento de grãos e seus componentes. Na literatura, são escassos os trabalhos que mensuram os efeitos de IGA entre os componentes de rendimento de

forma individual. No entanto, a produtividade é alvo de muitos estudos (Alves et., 2006; Cardoso et al., 2007; Carvalho et al., 2000b). Nesses estudos, em comum, os autores descrevem que as VPA, as quais não apresentam efeitos significativos de IGA, podem melhorar substancialmente a produtividade média dos sistemas de produção dos pequenos e médios produtores rurais (Kist et al., 2010). Nesse sentido, as populações derivadas de MPA1 podem ser importantes alternativas para os sistemas familiares de produção de baixo consumo de insumos. A boa adaptabilidade alcançada por essas populações, nesses quatro agroecossistemas e, o potencial produtivo comparável à variedade testemunha, indica que novos ciclos de seleção recorrente pelo esquema convergente-divergente a pressões de seleção mais elevadas podem resultar no desenvolvimento de variedade melhorada de milho mais promissora para diferentes agroecossistemas da região Oeste de Santa Catarina.

3.5. A população composta local MPA1 e o melhoramento genético participativo pelo esquema SRCDFMI

No Oeste catarinense, o programa de melhoramento genético participativo de milho realizado no Oeste catarinense pelo NEABio foi decorrente da necessidade de desenvolver variedade de polinização aberta mais produtiva e adaptada às demandas dos agroecossistemas das unidades de produção agrícola da região. O método de seleção recorrente convergente-divergente de famílias de meio-irmãos praticados na população composta local MPA1-C0 considerou, principalmente, três estratégias: (i) avaliação e seleção de amostras independentes de famílias de meio-irmãos em locais distintos, associada a (ii) recombinação das melhores famílias em um único bloco isolado de despendoamento e a (iii) aplicação de intensidades de seleção branda, nos dois primeiros ciclos (Kist et al., 2010; Ogliari et al., 2013).

O método SRCDFMI utilizou amostras independentes de FMI como unidade de seleção, avaliadas em distintos ambientes agrícolas de uma região de interesse. Cada amostra foi avaliada em diferentes ambientes (fase divergente) e as melhores famílias de cada amostra e local foram, posteriormente, reunidas e recombinadas em um único lote isolado de despendoamento (fase convergente). Essa metodologia possibilita a seleção de plantas em condições específicas, as quais podem ser favorecidas em apenas um local, mas não nos outros, como por exemplo, tolerância ao estresse hídrico, resistência a doenças, acamamento de plantas, etc. A seleção de plantas em locais com distintas condições ambientais pode trazer benefícios sobre o ponto de

visto agronômico, principalmente aqueles relacionados à adaptabilidade e a estabilidade no desempenho dos genótipos entre locais e anos (Kist et al. 2010). O uso dessa estratégia nos dois ciclos de seleção da população MPA1 foi fundamental para manter ampla variabilidade genética e proporcionar ampla adaptação ecológica às populações melhoradas.

Os dois ciclos de SRCDFMI não afetaram a amplitude de adaptação das populações derivadas de MPA1-C0, ou seja, C1 e C2. Esses resultados são reforçados pela ausência de efeitos de IGA significativos para rendimento de grãos e seus principais componentes. As populações derivadas de MPA1 mostraram-se adaptadas em todos os locais em que foram avaliadas, inclusive em L1, município fora da área de recomendação para a cultura. Souza (2012) avaliou as mesmas populações derivadas de MPA1, nas safras de 2010/2011 e 2011/2012, em quatro agroecossistemas distintos de SC e, do mesmo modo que o presente trabalho, a autora encontrou adaptabilidade em todos os locais avaliados, assim como ausência de IGA para produtividade de grãos e seus componentes. Nas safras de implantação dos experimentos de Souza (2012), foi observada ocorrência de déficit hídrico no estado de SC. No entanto, mesmo com o estresse deparado, as populações derivadas de MPA1 mostraram desempenho quanto a produtividade de grãos semelhante à testemunha testada. Possivelmente, a variabilidade genética mantida nas populações derivadas de MPA1 pode ter contribuído para a conservação de características que conferem resistência ao estresse hídrico, entre outras.

No presente trabalho, não foram detectadas diferenças significativas para produtividade de grãos pelo teste F entre as populações derivadas de MPA1. Esse mesmo resultado também foi observado por Souza (2012). Possivelmente, a ausência de incremento na produtividade de grãos pode ser explicada, parcialmente, pela intensidade de seleção branda aplicada nos primeiros dois ciclos e pelo reduzido número de ciclos praticado até o momento. Especificamente, no primeiro e segundo ciclos, foram aplicadas intensidades de 25 % e 33 %, respectivamente (Kist et al., 2010; Ogliari et al., 2013).

No processo de melhoramento pelo esquema SRCDFMI da população MPA1 procurou-se manter tamanhos efetivos populacionais relativamente elevados, em cada população melhorada (Kist et al., 2010). A adoção dessa estratégia garante que a variabilidade genética presente na população permaneça e, assim, se explore suas vantagens, como a ampla adaptação ecológica (Cardoso et al., 2007; Alves et al., 2006; Carvalho et al., 2000b). Apesar da diferença considerável nas

intensidades de seleção, Kist (2010) estima que os tamanhos efetivos populacionais conservados nas populações foram relativamente similares, na ordem de 176 para o primeiro ciclo e 200 para o segundo ciclo. Hallauer & Miranda Filho (1988) descrevem que tamanhos efetivos populacionais próximos a 200 são apropriados em programas de seleção recorrente.

Nos primeiros ciclos de seleção, o uso de intensidade de seleção branda e quantidade de progênies que representam maior tamanho efetivo populacional são indicados para populações que possuem elevada variabilidade genética. A aplicação dessa metodologia impede a redução da variabilidade genética existente (Hartl, 1988) e reduz a fixação de alelos, tanto aqueles desejados como os indesejados, ocasionadas por efeitos de deriva genética (Paterniani & Vencovsky, 1978; Araújo & Paterniani, 1999; Kist et al., 2010). No entanto, os ganhos de seleção são de menores magnitudes sob elevados tamanhos populacionais (Paterniani & Vencovsky, 1978; Crossa & Gardner, 1989). Kist et al (2010), utilizando o esquema de SRCDFMI a brandas intensidades, estimaram ganhos médios de seleção variando de 2 a 5 % para rendimento médio de grãos e altura média de plantas em cada ciclo praticado.

A intensidade de seleção adotada pelo melhorista é um fator de grande importância na eficiência de um programa de melhoramento. Na dedução das fórmulas para o cálculo do progresso genético, maiores intensidade de seleção estimam maiores progressos (Bonomo et al., 2000). A literatura apresenta, utilizando FMI, as mais distintas intensidades de seleção e as mais diversas estimativas de ganhos de seleção. Carvalho et al (2000c), em três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, praticados na população de milho CMS-52, estimaram um ganho médio esperado de 12,3% por ciclo, aplicando uma intensidade de seleção de 8 %. Carvalho et al (2000a) , praticaram com a população de milho CMS-453 três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos a intensidade de 8 % e esperaram ganhos médio de seleção de 11,62% e 3,0% para o primeiro e segundo ciclo, respectivamente. Carvalho et al (2000d) estimaram, por ciclo de seleção, ganhos médios de 12,68%, aplicando intensidade de seleção de 10%, nos cinco ciclos desenvolvidos entre e dentro de progênies de meios-irmãos da cultivar de milho BR 5011-Sertanejo. Muitos outros trabalhos que utilizam menores intensidades de seleção estão disponíveis na literatura, evidenciando maiores estimativas de ganhos por seleção (Carvalho et al., 1998; Carvalho & Souza, 2007; Candido & Andrade, 2008).

O uso de intensidades brandas de seleção e o número de ciclos praticados pelo esquema SRCDFMI, possivelmente, podem ter sido responsáveis pela ausência de incrementos significantes na produtividade de grãos verificada nas populações melhoradas MPA1-C1 e MPA1-C2. De qualquer forma, mesmo a brandas intensidades de seleção, as populações melhoradas alcançaram elevado potencial produtivo, quando comparada com a testemunha testada e isso indica a possibilidade promissora na continuidade do programa de melhoramento, visando desenvolver uma população melhorada mais produtiva e adaptada às unidades de produção agrícola dos pequenos agricultores do Oeste catarinense. No entanto, recomenda-se que maior pressão de seleção seja praticada nos próximos ciclos de seleção recorrente, para a obtenção de ganhos genéticos significativos para o aumento no rendimento de grãos.

Outro importante ponto que deve ser mencionado no melhoramento genético da população MPA1 é a correlação genética observada entre PROD e AMP, nesses dois ciclos de seleção (Kist, 2006; 2010). No caso especial dessa população, foram revelados coeficientes de correlação genética significativos e positivos entre esses caracteres (Kist et al., 2010), assim como também tem sido observado em outros estudos (Santos et al., 2002; Santos et al., 2005; Andrade & Miranda Filho, 2008; Candido & Andrade, 2008; Lima Neto & Souza Jr, 2009). Essa condição indica, possivelmente, que não serão alcançados avanços na tentativa de reduzir indiretamente a altura média de planta na população a partir de seleção para produtividade de grãos. Em programas de melhoramento de milho é de interesse do melhorista encontrar coeficientes de correlações genéticas significativas e negativas entre produtividade de grãos e altura média de plantas. Dessa forma, quando se alcança incremento na produtividade de grãos também são obtidos ganhos para redução de altura de plantas.

A introgressão do gene *br2* de Piranão VD2 na população MPA1-C1 foi a estratégia adotada por esse programa para reduzir a altura média de planta. Zanette e Paterniani (1992) realizaram experimentos avaliando características de plantas homozigóticas para o gene *br2*, em dezenas de populações de milho. Os autores encontraram nesse estudo altura média de planta de 1,63 m e posição relativa da espiga de 0,51. A introgressão de genes do braquitismo de grande efeito fenotípico, tal como o gene *br2*, pode ser uma alternativa a ser investigada para reduzir a altura média de planta da população em foco no presente estudo.

4. Conclusões

a) A condução dos experimentos em condições heterogêneas das unidades de produção familiar do Oeste catarinense (L2, L3 e L4) não comprometeu a precisão dos resultados;

b) Os efeitos indiretos da seleção recorrente sobre PROD pelo esquema de SRCDFMI foram mais expressivos para as variáveis PRE, DMC, QRA e NFG, na população MPA1-C1, resultante do primeiro ciclo de seleção, e para a variável PMG, na população MPA1-C2, resultante do segundo ciclo de seleção;

c) A população MPA1-C0, assim como as populações derivadas dos dois ciclos de seleção (MPA1-C1 e MPA1-C2) não apresentaram efeitos significativos de interação genótipo X ambiente para a produtividade de grãos (PROD) e seus principais componentes de rendimento e, por meio de seus desempenhos para essas variáveis em relação à testemunha melhorada, é possível inferir o elevado potencial adaptativo da série MPA1 aos distintos locais em que foram avaliadas;

d) Embora os incrementos observados em PROD não tivessem sido significativos para as populações resultantes dos dois ciclos de seleção (MPA1-C1 e MPA1-C2) pelo esquema SRCDFMI, as estimativas de ganhos esperados com a seleção em PROD foram concordantes, sobretudo, em sentido e, com base nisso, maiores pressões de seleção poderiam ser praticadas nos próximos ciclos para a obtenção de incrementos mais contundentes para o rendimento de grãos;

e) O elevado potencial produtivo associado à ampla adaptação das populações MPA1-C1 e MPA1-C2, em Santa Catarina indica condição promissora para a continuidade do programa de melhoramento pelo esquema SRCDFMI, visando o desenvolvimento de população melhorada produtiva e adaptada às unidades de produção agrícola dos pequenos agricultores do Oeste catarinense.

5. Referências bibliográficas

AGUIAR, A.M. Uso de delineamento III com marcadores moleculares para análise genética da produção de grãos e seus componentes em milho. Piracicaba, 145p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo. 2003.

ALVES, G. F.; RAMALHO, M. A.; SOUZA, J. C. Alterações nas propriedades genéticas da população cms-39 submetida à seleção massal para prolificidade. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.1, n.3, p.89-101, 2002.

ALVES, S.J.; TOLEDO, J. F.F.; ARAUJO, P.M. GARBUGLIO, D.D. Comportamento de diferentes classes genéticas de milho com relação à estabilidade e adaptabilidade. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.5, n.2, p.291-303, 2006.

ANDRADE, J.A.C. & MIRANDA FILHO J.B. Quantitative variation in the tropical maize population ESALQ-PB1. **Scientia Agricola**, v.65, p.174-182, 2008.

ARAÚJO A.V.; BRANDÃO JR, D.S. FERREIRA, I.C.P.V.; COSTA, C.A.; PORTO, B.B.A. Desempenho agrônômico de variedades crioulas e híbridos de milho cultivados em diferentes sistemas de manejo. **Revista Ciência Agronômica**, v. 44, n. 4, p. 885-892, out-dez, 2013.

ARAÚJO, P.M. & NASS, L. L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agricola**, v.59, n.3, p.589-593, 2002.

ARAÚJO, P.M. & PATERNIANI, E. Aspectos Gerais de Plantas Alógamas. In: **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: Ed.UEL, p. 820. 1999.

ARIAS, C.A.A.; SOUZA JR, C.L.; TAKEDA, C. Path coefficient analyses of ear weight in different types of progeny in maize. **Maydica**, v.44, p.251-262, 1999.

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

BALBINOT JR, A.A.; BACKES, R.L.; ALVES, A.C.; OGLIARI, J.B.; FONSECA, J.A. Contribuição de componentes de rendimento na produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.11, p.161-166, 2005.

BALBINOT JR, A.A.; ALVES, A.C.; FONSECA, A.C.; OGLIARI, J.B. Densidade de plantas em variedades de polinização aberta de milho. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v.6, p.114-124, 2007.

BARROS, L.B.; MOREIRA, R.M.P.; FERREIRA, J.M. Phenotypic, additive genetic and environment correlations of maize landraces populations in family farm systems. **Scientia Agricola**, v.67, p.685-691, 2010.

BELLO, O.B.; ABDULMALIQ, S.Y.; AFOLABI, M.S.; IGE, S.A. Correlation and path coefficient analysis of yield and agronomic characters among open pollinated maize varieties and their F₁ hybrids in a diallel cross. **African Journal of Biotechnology**, v.9, p.2633-2639, 2010.

BELLON, M.R.; BRUSCH, S.B. Keepers of maize in Chiapas. **Economic Botany**, v.48, p.196-209, 1994.

BISOGNIN, D.A.; CIPRANDI, O.; COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F. Potencial de variedades de polinização aberta de milho em diferentes condições adversas de ambiente. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha** v. 3 p. 29–34. 1997.

BOLAÑOS, J. & EDMEADES, G. Eight cycles of selection for drought tolerance in lowland tropical maize. I. Responses in grain yield, biomass and radiation utilization. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.31, p.233-252, 1993

BOLAÑOS, J. & EDMEADES, G. The importance of the anthesis-silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize. **Field Crops Research**, Amsterdam, v.31, n.2, p.233-252, 1996.

BONOMO, P.; SAMPAIO, N.F.; VIANA, J.M.S.; OLIVEIRA, A.B. Comparação entre ganhos preditos e realizados na produção de grãos da

população de milho Palha Roxa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 47, n. 272, p. 383-392, 2000.

BORBA, C. S.; ANDRADE, R. V.; AZEVEDO, J. T.; OLIVEIRA, A. C. Maturidade fisiológica de sementes do híbrido simples BR 201 de milho (*Zea mays* L.). **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, v. 16, n. 1, p. 63-67, 1994.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 547p. 1997.

BRASIL, **LEI Nº 8.629, DE 25 DE FEVEREIRO DE 1993**. Dispõe sobre a regulamentação dos dispositivos constitucionais relativos à reforma agrária, previstos no Capítulo III, Título VII, da Constituição Federal. Diário Oficial [da República Federativa do Brasil], Brasília, 1993.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Descritores Mínimos do Milho (*Zea mays* L.)**, Secretaria de Desenvolvimento Agropecuário e Cooperativismo Defesa Agropecuária. – Publicado no Diário Oficial da União em 1997.

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

CÂMARA, T.M.M. Mapeamento de QTLs de caracteres relacionados à tolerância ao estresse hídrico em milho tropical. 177f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo. Piracicaba, SP. 2006.

CÂMARA, T.M.M.; BENTO, D.A.V.; ALVES, G.F.; SANTOS, M.F.; MOREIRA, J.U.V.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. **Bragantia**, V.66, p. 595-603, 2007.

CANDIDO, L.S & ANDRADE, J.A.C. Breeding potential of maize composite Isanão VFI in small spacing in the second growing season. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.8, p.56-64, 2008.

CÁRCOVA, J. URIBELARREA, M; BORRA’S, L; OTEGUI M.E.; WESTGATE M.E. Synchronous pollination within and between ears

improves kernel set in maize. **Crop Science**, v. 40, n. 4, p. 1056-1061, 2000.

CARDOSO, M.J.; CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; GUIMARÃES, P.E.O. SOUZA, E. M. Performance fenotípica de cultivares de milho no meio-norte Brasileiro. **Agrotrópica** 17: 39 - 46. 2007.

CARPENTIERI-PIPOLO, V.; SOUZA, A.; SILVA, D. A.; BARRETO, T.P.; GARBUGLIO, D.D.; FERREIRA, J.M. Avaliação de cultivares de milho crioulo em sistema de baixo nível tecnológico. **Acta Scientiarum Agronomy**. Maringá, v. 32, n. 2, p. 229-233, 2010.

CARVALHO, H.W.L.; SANTOS, M. X.; LEAL, M.D.S.; PACHECO, C.A.P. Melhoramento genético da variedade de milho BR 5028-São Francisco no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n. 4, p.441-448, 1998.

CARVALHO, H.W L.; GUIMARÃES, P.E.O.; LEAL, M.L.S.; CARVALHO, P.C.L.; SANTOS, M.X. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-453 no Nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** Brasília, DF, v. 35, n. 8, p. 1577-1584, 2000a.

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; SANTOS, M.X.; CARDOSO, M.J.; MONTEIRO, A.A.T.; TABOSA, J.N. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.6, p.1115-1123, 2000b.

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; GUIMARÃES, P.E.O.; SANTOS, M. X. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população de milho CMS-52. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 8, p.1621-1628, 2000c.

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.D.S.; SANTOS, M. X. Potencial genético da cultivar de milho BR 5011-Sertanejo nos tabuleiros costeiros do nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v. 35, n. 6, 2000d.

CARVALHO, C.G.P.; BORSATO, R.; CRUZ, C.D. Path analysis under multicollinearity in $S_0 \times S_0$ maize hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.1, n.3, p.263-270, 2001.

CARVALHO, H.W.L. & SOUZA, E.M. Ciclos de seleção de progênies de meios-irmãos do milho BR 5011 Sertanejo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.803-809, 2007.

CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; SINGH, M.; MICHAEL, M.; SHIKHO, A.; AL ISSA, M.; AL SALEH, A.; KALEONJY, G.; AL GHANEM, S.M.; AL HASAN, A.L.; DALLA, H.; BASHA S.; BASHA T. A methodological study on participatory barley breeding: II. Response to selection. **Euphytica**, n.133, p.185–200, 2003.

CECCARELLI, S., & GRANDO, S. Decentralized-participatory plant breeding: an example of demand driven research. **Euphytica**, 155(3), 349-360. 2007.

CEPEDA, M.C.; SOUZA JR, C.L.; PANDEY, S.; LEON, L.N. Efeitos gênicos e oscilação genética associados à seleção recorrente intrapopulacional na população de milho SA3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, p.1585-1593, 2000.

CHAPMAN, S.C.; CROSSA, J.; EDMEADES, G.O. Genotype by environment effects and selection for drought tolerance in tropical maize. II. Two mode pattern analysis of yield. **Euphytica**, Wagening, v.95, p. 1-9, 1997.

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

CORREA, C.; WEID, J.M. von der. Variedades crioulas na Lei de Sementes: avanços e impasses. **Revistas Agrícolas, experiências em agroecologia**, Rio de Janeiro, v. 3, n.1 2006.

COSTA, A.F.S. Influência das condições climáticas no crescimento e desenvolvimento de plantas de milho (*Zea mays* L.), avaliadas em

diferentes épocas de plantio. Viçosa, 1994. 109p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

CRUZ, P.J.; CARVALHO, F.I.F. de; SILVA, S.A.; KUREK, A.J.; BARBIERI, R.L.; CARGNIN, A. Influência do acamamento sobre o rendimento de grãos e outros caracteres em trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.9, p.5-8, 2003.

CROSSA, J. & GARDNER, C.O. Predicted and realized grain yield responses to full-sib family selection in CIMMYT maize (*Zea mays*L.) populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v.77, p.33-38, 1989.

CRUZ, J.C.; PACHECO, C.A.P.; FILHO, I A.P.; OLIVEIRA, A.C.; QUEIROZ, L.R.; MATRANGOLO, W.J.R.; MOREIRA, J.A.A. **Variedades de milho em sistema orgânico de produção. Comunicado Técnico 158**, Embrapa. Sete Lagoas, MG. 2008.

CRUZ, C.D. & CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 585p. 2003.

CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2a Ed., 390p. 2004.

EASSON, D.L.; WHITE, E.M.; PICKLES, S.J. The effects of weather, seed rate and cultivar on lodging and yield in winter wheat. **Journal of Agricultural Science**, v.121, p.145-156, 1993.

FIDELIS, R.R.; MIRANDA, G.V.; SANTOS, I.C.; GALVÃO, I.C.C.; PELUZIO, M.; LIMA, S.O. Fontes de germoplasma de milho para estresse de baixo nitrogênio **Pesquisa Agropecuária Tropical**. 37(3): 147- 153, set. 2007.

FEDERIZZI, L.C.; FANTINI, A.C.; CARVALHO, F.I.F. de. Efeito do acamamento artificial em alguns genótipos de trigo de porte alto e baixo. **Ciência Rural**, v.24, p.465-469, 1994.

FONTOURA, D.; STANGARLIN, J.R.; TRAUTMANN, R.R.; SCHIRMER, R.; SCHWANTES, D.O.; ANDREOTTI, M. Influência da população de plantas na incidência de doenças de colmo em híbridos de milho na safrinha. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.28, p.545-551, 2006.

FORSTHOFER, E.L.; SILVA, P.R.F.; STRIEDER, M.L.; MINETTO, T.; RAMBO, L.; ARGENTA G.; SANGOI, L.; SUHRE, E.; SILVA, A. A. Desempenho agrônômico e econômico do milho em diferentes níveis de manejo e épocas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p. 399-407, 2006.

GADIOLI, J.L.; DOURADO-NETO, D.; GARCÍA, A.; BASANTA, M. V. Temperatura do ar, rendimento de grãos de milho e caracterização fenológica associada à soma calórica. **Scientia Agricola**, v.57, n.3, p.377-383. 2000.

GAMA, E.E.G.; SANTOS, M.X.; FERRÃO, R.G; MEIRELES, W.F.; PACHECO, C.A.P.; PARENTONI, S.N.; GUIMARÃES, P.E.O. Potencial genético de um sintético de milho de grãos duros para a formação de híbridos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.33, n.4, p.615-619, 2003.

GARCIA, A.G.; GUERRA, L.C.; HOOGENBOOM, G. Impact of planting date and hybrid on early growth of sweet corn. **Agronomy Journal**, v.101, p.193-200, 2009.

GARDNER, C.O. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Science**. V. 1 p. 241-245, 1961.

GERALDI, I.O.; MIRANDA FILHO, J.B.; VENCOSKY, R. Estimates of genetic parameters for tassel characters in maize and breeding perspectives. **Maydica**, v.30, p.1-14, 1985.

GOMES, L. S.; BRANDÃO, A.F.; BRITO, C. H.; MORAES, D. F.; LOPES, M. T.G. Resistência ao acamamento de plantas e ao quebraamento do colmo em milho tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.2, p.140-145, fev. 2010.

HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 468 p. 1988.

HARTL, D.L. **A primer of population genetics**. Sunderland, Massachusetts: 2ed. P. 297, 1988.

ICEPA - Instituto de planejamento e economia agrícola de Santa Catarina. **Síntese anual da agricultura de Santa Catarina (2010/2011)**. Disponível em: <<http://cepa.epagri.sc.gov.br/>>. Acesso em Jun. 2013.

IMEA - Instituto Mato-Grossense de Economia Aplicada. **Custo de produção de milho, safra 2013/2014**. Disponível em: http://www.imea.com.br/upload/publicacoes/arquivos/R410_2013_03_CPMilho.pdf. Acesso em Nov. de 2013.

INMET- Instituto Nacional de Meteorologia. **BDMEP - Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa**. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=bdmep/bdmep>. Acesso em Jan 2014.

KIST, V. Seleção Recorrente de Famílias de Meio-Irmãos em População Composta de Milho (*Zea mays* L.) Procedente de Anchieta – SC. 162p. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis, SC. 2006.

KIST, V. Análise do potencial genético de população composta de milho mediante esquema modificado de seleção recorrente de famílias de meios-irmãos. 241p. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis, SC. 2010.

KIST, V.; OGLIARI, J.B.; ALVES, A.C.; MIRANDA FILHO J.B. Genetic potential analysis of a maize population from Southern Brazil by modified convergent-divergent selection scheme. **Euphytica**, v.176, p.25-36, 2010.

KUNHEN, S.; OGLIARI, J.B.; DIAS, P.F.; BOFFO, E.F.; CORREIA, I.; FERREIRA, A.G.; DELGADILLO, I.; MARASCHIN, M. ATR-FTIR spectroscopy and chemometric analysis applied to discrimination of landrace maize flours produced in southern Brazil. **International Journal of Food Science and Technology**, 1673-1681, 2010.

LEMOS, M.A. Variabilidade fenotípica em híbridos simples, variedade e compostos de milho. Piracicaba: ESALQ, 62p. Dissertação de Mestrado. 1976.

LI, Y.; DONG, Y.; NIU, S.; CUI, D. The genetics relationships among plant-height traits found using multiple trait QTL mapping of a dent corn and popcorn cross. **Genome**, v.50, n.4, p.357-364, 2007.

LIMA NETO, F.P. & SOUZA Jr, C.L. Number of recombination's and genetic properties of a maize population undergoing recurrent selection. **Scientia Agricola**, v.66, p.52-58, 2009.

LONNQUIST, J.H.; COMPTON, W.A.; GEADELMANN, J.L.; LOEFFEL, F.A.; SHANK, B.; TROYER, A.F. Convergent-Divergent selection for area improvement in maize. **Crop Science**, v.19, p.602-604, 1979.

LORDELO, J.A.C.; MIRANDA FILHO, J.B. Correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres em duas populações de milho braquítico. **Relatório Científico do Departamento de Genética, ESALQ/USP**, v.15, p.104-108, 1981.

LOZADA, B.I.; ANGELOCCI, L.R. Efeito da temperatura do ar e da disponibilidade hídrica do solo na duração de subperíodos e na produtividade de um híbrido de milho (*Zea mays*). **Revista Brasileira de Agrometeorologia**, v.7, p.37-43, 1999.

MACHADO, A.T. & FERNANDES, M.S. Participatory maize breeding for low nitrogen tolerance. **Euphytica**, v.122, p.567-573, 2001.

MACHADO, A.T. & MACHADO, C.D.T. Melhoramento vegetal participativo com ênfase na eficiência nutricional. Embrapa Cerrados. Documentos, 104, 2003.

MACHADO, A.T. Manejo dos recursos vegetais em comunidades agrícolas: enfoque sobre segurança alimentar e agrobiodiversidade. In: NASS, L.L. (Ed.). **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, p717-744, 2007.

MACHADO, A.T.; SANTILLI, J.; ROGÉRIO M. **A agrobiodiversidade com enfoque agroecológico: implicações conceituais e jurídicas**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 105p. 2008.

MACHADO, A.T.; MACHADO, C.T. T. NASS, L. L. Manejo da diversidade genética e melhoramento participativo de milho em sistemas agroecológicos. **Revista Brasileira de Agroecologia**. V. 6(1): 127-136, 2011.

MAGALHÃES, A.C.; SILVA, W.J. Determinantes genético-fisiológicos do milho. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 452 p. 1987.

MARCHÃO, R.L.; BRASIL, E.M.; DUARTE, J.B.; GUIMARÃES, C.M.; GOMES, J.A. Densidade de plantas e características agrônômicas de híbridos de milho sob espaçamento reduzido entre linhas. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 35, n. 2, p. 93-101, 2005.

MICKELSON, S.M.; STUBER, C.S.; SENIOR, L., KAEPLER, S.M. Quantitative trait loci controlling leaf and tassel traits in a B73 × Mo17 population of maize. **Crop Science**, v.42(6), 1902-1909, 2002.

MOHAMMADI, S.A.; PRASANNA, B.M.; SINGH, N.N. Sequential path model for determining interrelationship among grain yield related characters in maize. **Crop Science**, Madison, v.43, n.5, p.1690-1697, 2003.

NEMATI, A.; SEDGHI, M.; SHARIFI, R.S.; SEIEDI, M.N. Investigation of correlation between traits and path analysis of corn (*Zea mays* L.) grain yield at the climate of ardabil region (Northwest Iran). **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, v. 37. 2009.

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

OGLIARI, J.B.; KIST, V.; CANCI, A. The participatory genetic enhancement of a local maize variety in Brazil. In: **Community Biodiversity Management – Promoting resilience and the conservation of plant genetic resources**. Ed. Earthscan from Routledge, 2013.

OGLIARI, J.B.; SOUZA, R.; KAMPHORST, S. H. GONÇALVES, G. M. B. CANCI, A.; LAZZARI, L. Manejo e uso participativo de variedade crioula de milho como estratégia de conservação: experiência do Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade no Oeste de Santa Catarina. **Cadernos de Agroecologia**. V. 8, n. 2, 2013.

OTTAVIANO, E. & CAMUSSI, A. Phenotypic and genetic relationships between yield components in maize. **Euphytica**, v.30, p.601-609, 1981.

PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; CRUZ, C.D.; PARENTONI, S.N.; GUIMARÃES, P.E.O.; GAMA, E.E.G.; SILVA, A.E.; CARVALHO, H.W.L.; VIEIRA, P.A. Inbreeding depression of 28 maize elite open pollinated varieties. **Genetic Molecular Biology** 25:441-448, 2002.

PATERNIANI, E. & VENCOVSKY, R. Reciprocal recurrent selection based on half-sib progenies and prolific plants in maize. **Maydica**, v.23, p.209-219, 1978.

ROBINS, J.S.; DOMINGO, L.E. Some effects on severe soil moisture deficits at specific stages in corn. **Agronomy Journal**, Madison, v.45, p.618-621, 1953

ROMANO, M.R.; VERBURG, N.; ANDRADE, J.M.; ROCHA, C.H. Desempenho de cinco variedades de milho crioulo em diferentes sistemas de produção. Resumos do V CBA - Manejo de Agroecossistemas Sustentáveis. **Revista Brasileira de Agroecologia**. Vol.: 2(2) 808-811, 2007.

RUSCHEL, R. Interação genótipo x localidade na região Centro-Sul em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ, 1968. 60p. Dissertação de Mestrado.

SABADIN, P.K. Mapeamento de QTL's e base genética da correlação entre caracteres em uma população de milho tropical. 89f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba, SP. 2008.

SAMPAIO, N.F. Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (*Zea mays* L) ESALQ-PB4 e

ESALQ-PB5. Piracicaba, 1986. 105p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.

SANGOI, L.; ALMEIDA, L.A.; LECH, V.A.; GRACIETTI, L.C.; RAMPAZZO, C. Desempenho de híbridos de milho com ciclos contrastantes em função da desfolha e da população de plantas. **Scientia Agricola**, v.58, p.271-276, 2001.

SANTOS, M.X.; ANDRADE, C.L.T.; OLIVEIRA, A.C.; LEITE, C.E.P.; CARVALHO, H.W.L.; GAMA, E.E.G.; PACHECO, C.A.P.; GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONI, S.N. Comportamento de híbridos de milho selecionados e não selecionados para ASI sob estresse de água no florescimento e enchimento de grãos. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.2, n.2, p.71-81, 2003.

SANTOS, P.G.; JULIATTI, F.C.; BUIATTI, A.L.; HAMAWAKI, O.T. Avaliação do desempenho agrônômico de híbridos do milho em Uberlândia, MG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.27, p.597- 602, 2002.

SANTOS, M.F.; MORO, G.V.; AGUIAR, A.M.; SOUZA Jr, C.L. Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. **Genetics and Molecular Biology**, v.28, p.781-788, 2005.

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

SBCS - Manual de adubação e de calagem para os Estados do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina. **Sociedade Brasileira de Ciência do Solo**. Comissão de Química e Fertilidade do Solo. Porto Alegre - 10. ed. 400 p., 2004.

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.

SILVA, E.S.; LIMA E SILVA, P.S.; NUNES, G.H. DE S.; BARBOSA E SILVA, K.M. Estimação de parâmetros genéticos no composto de milho ESAM-1. **Caatinga**, v.12(1/2), p.43-52, 2001.

SILVA, A.R. Análise genética de variáveis quantitativas em milho com o delineamento III e marcadores moleculares. 143f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba, SP. 2002.

SILVA, F.C.A.; HEIDEN, F.C.; AGUIAR, V.V.P.; PAUL, J.M. Migração rural e estrutura agrária no oeste catarinense. **Instituto CEPA/SC**, Florianópolis, 99 p. 2003

SILVA, N.C.A. Diversidade de Milho Crioulo e Distribuição de Parentes Silvestres no Oeste de Santa Catarina: impactos potenciais do milho geneticamente modificado na conservação *in situ-on farm*. Qualificação de Doutorado - Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis, SC. *no prelo*.

SILVA, P.S.L. & SILVA, K.M.B. Dobramento da planta, época de colheita e rendimento de grãos do milho **Agropecuária técnica**. Vol. 18 n. 1, 1997.

SOARES FILHO, W.S. Características fenotípicas e genéticas das populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico Piranão-VD2B e Piranão-VF1B. Piracicaba, 185p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 1987.

SOUZA, R. Avaliação da eficiência de uma nova abordagem de melhoramento de milho pelo esquema de seleção recorrente convergente-divergente de famílias de meio-irmãos. Trabalho de Conclusão de Curso (Agronomia) - Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis, SC. 2112.

SOUZA Jr, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Influence of tassel size on the expression of prolificacy in maize. **Maydica**, v.30, p.321-328, 1985.

SMITH, M.E.; CASTILLO, G.F.; GÓMEZ, F. Participatory plant breeding with maize in México and Honduras. **Euphytica** 122:551-564, 2001.

SPERLING, L.; ASHBY, J.A.; SMITH, M. E.; WELTZIEN, E.; MCGUIRE, S. A framework for analyzing participatory plant breeding approaches and results. **Euphytica**, 122(3), 439-450, 2001.

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**, v.63, p.169-178, 1999.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto – SP. Revista Brasileira de Genética, p.486, 1992.

VIANA, J. & SORIANO, M. Melhoramento intrapopulacional recorrente de milho-pipoca com famílias de meios-irmãos. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.6 n. 02, 2010.

ZANETTE V.A.; PATERNIANI, E. Efeito do gene braquítico-2 em populações melhoradas de milho porte baixo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 27, n. 8, p. 1173-1181, 1992.

ZHAKOTE, A.G.; POLESSKAYA, L.M.; GAUGASH, M.V. Resistance to a combination of abiotic factors in maize genotypes differing in potential yield. **Biologicheskie i Khimi-cheskie Nauki**, Kishinev, V. 21-26, n. 2, p. 1124-1132, 1989.

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

TABELAS E FIGURAS

Tabela 2 - Médias mensais de precipitação total (PT), temperatura máxima (TM), temperatura mínima (Tm), temperatura compensada (TC) e umidade relativa do ar (UR) em Florianópolis para os meses relativos ao período de condução dos experimentos na safra 2012/2013.

Florianópolis (Estação Florianópolis/São José)					
Período Mensal	PT (mm)	TM (°C)	Tm (°C)	TC (°C)	UR (%)
Novembro	103,40	27,08	19,46	23,05	75,87
Dezembro	86,80	29,74	22,14	25,36	79,15
Janeiro	92,60	28,74	20,04	24,38	73,86
Fevereiro	197,20	29,79	21,59	25,22	79,10
Março	324,90	27,10	19,18	23,14	79,58
Abril	167,20	27,13	17,52	22,00	77,25
Maió	54,00	24,10	15,04	19,33	77,45

Fonte: Inmet, 2014.

Tabela 3 - Médias mensais de precipitação total (PT), temperatura máxima (TM), temperatura mínima (Tm), temperatura compensada (TC) e umidade relativa do ar (UR) na região Oeste Catarinense para os meses relativos ao período de condução dos experimentos na safra 2012/2013.

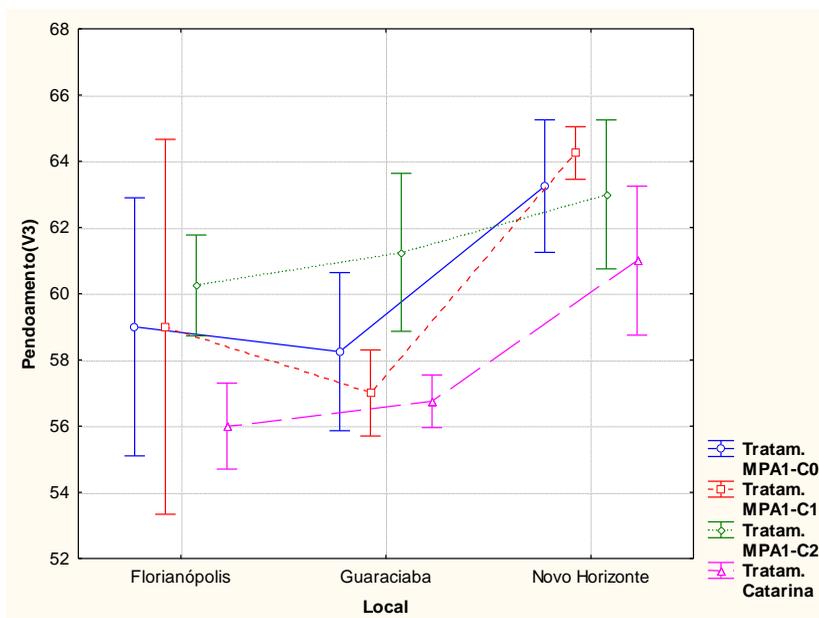
Oeste Catarinense (Estação Chapecó)					
Período Mensal	PT (mm)	TM (°C)	Tm (°C)	TC (°C)	UR (%)
Novembro	73,60	28,50	17,14	22,64	65,39
Dezembro	289,90	28,80	19,68	23,74	79,24
Janeiro	133,60	27,80	17,51	22,46	69,62
Fevereiro	138,30	27,50	18,79	22,29	79,39
Março	307,40	24,50	16,29	19,46	81,17
Abril	181,70	25,06	14,15	18,71	72,31
Maió	87,90	21,31	12,19	15,98	79,93

Fonte: Inmet, 2014.

Tabela 4 - Florescimento médio masculino (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ¹ *	Guaraciaba ¹ *	Novo Horizonte ¹ *	Média ² **
MPA1-C0	59,00	58,25 a	63,25 a b	60,17 B
MPA1-C1	59,00	57,00 a	64,25 b	60,08 B
MPA1-C2	60,25	61,25 b	63,00 a b	61,50 B
Catarina	56,00	56,75 a	61,00 a	57,92 A
Média ³ **	58,56 A	58,31 A	62,88 B	59,92
CV(%) ⁵	4,13	2,26	2,07	2,93
Prob. F-Teste ⁴	0,15	< 0,01	0,04	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, medidas em dias após a emergência. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: 0,13; CV: 2,45. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

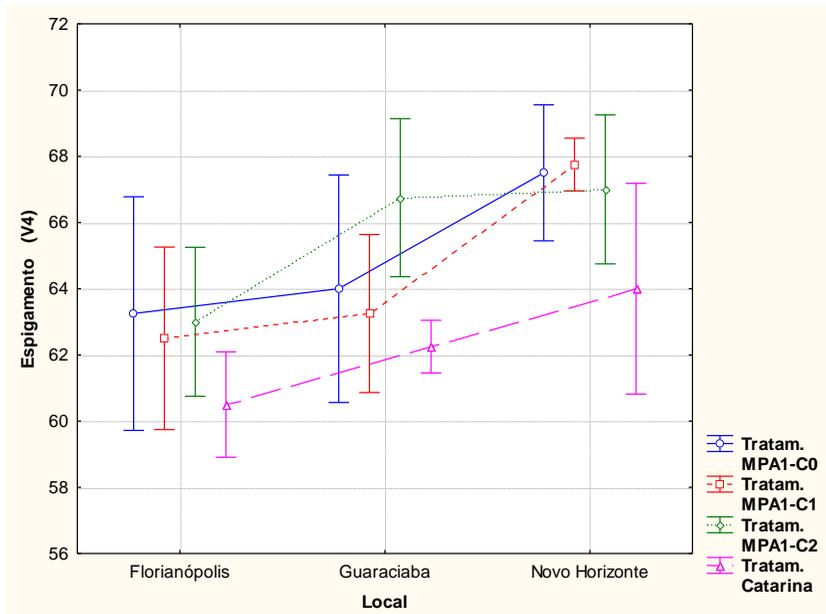
Figura 1 - Florescimento médio masculino (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 5 - Florescimento médio feminino (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C0	63,25	64,00 a b	67,50 b	64,92 B
MPA1-C1	62,50	63,25 a	67,75 b	64,50 B
MPA1-C2	63,00	66,75 b	67,00 a b	65,58 B
Catarina	60,50	62,25 a	64,00 a	62,25 A
Média ^{3**}	62,31 A	64,06 B	66,56 C	64,31
CV(%) ⁵	2,65	2,46	2,27	2,45
Prob. F-Teste ⁴	0,15	0,02	0,02	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, medidas em dias após a emergência. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local.

(5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



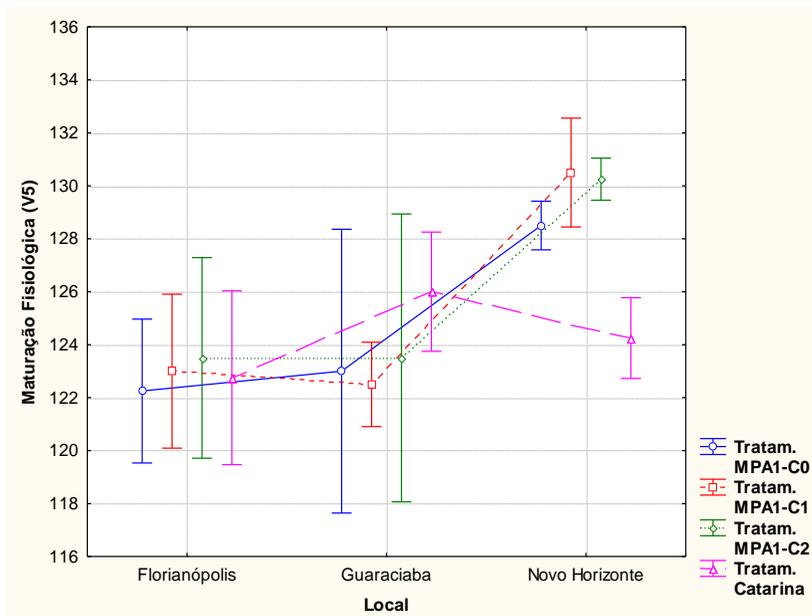
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: 0,18; CV: 2,93. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 2 - Florescimento médio feminino (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 6 - Maturação fisiológica média (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}			
MPA1-C0	122,25	123,00	128,50	b	124,58		
MPA1-C1	123,00	122,50	130,50	c	125,33		
MPA1-C2	123,50	123,50	130,25	b c	125,75		
Catarina	122,75	126,00	124,25	a	124,33		
Média ^{3**}	122,88	A	123,75	A	128,38	B	125,00
CV(%) ⁵	1,67	2,33	0,65		1,56		
Prob. F-Teste ⁴	0,85	0,38	< 0,01				

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, medidas em dias após a emergência. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



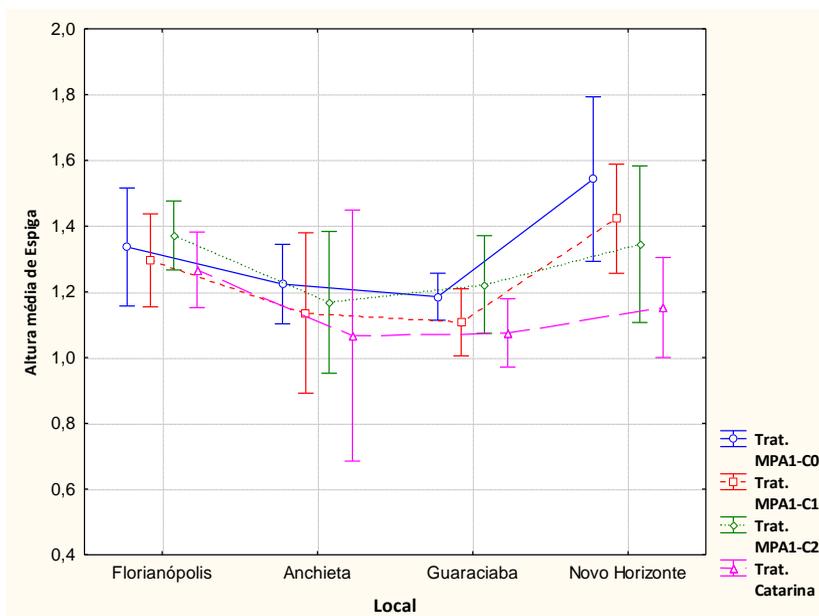
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: 0,27; Local X Tratamento: $< 0,01$; CV: 1,56. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 3 - Maturação fisiológica média (dias) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 7 - Altura média de espigas (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C0	1,33	1,22	1,19 a b	1,54 b	1,33 B
MPA1-C1	1,29	1,13	1,11 a b	1,42 b	1,25 B
MPA1-C2	1,37	1,16	1,22 b	1,35 a b	1,28 B
Catarina	1,26	1,06	1,08 a	1,15 a	1,15 A
Média ^{3**}	1,31 B	1,14 A	1,15 A	1,37 B	1,25
CV(%) ⁵	5,83	10,07	5,69	8,38	7,48
Prob. F-Teste ⁴	0,29	0,46	0,04	0,01	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



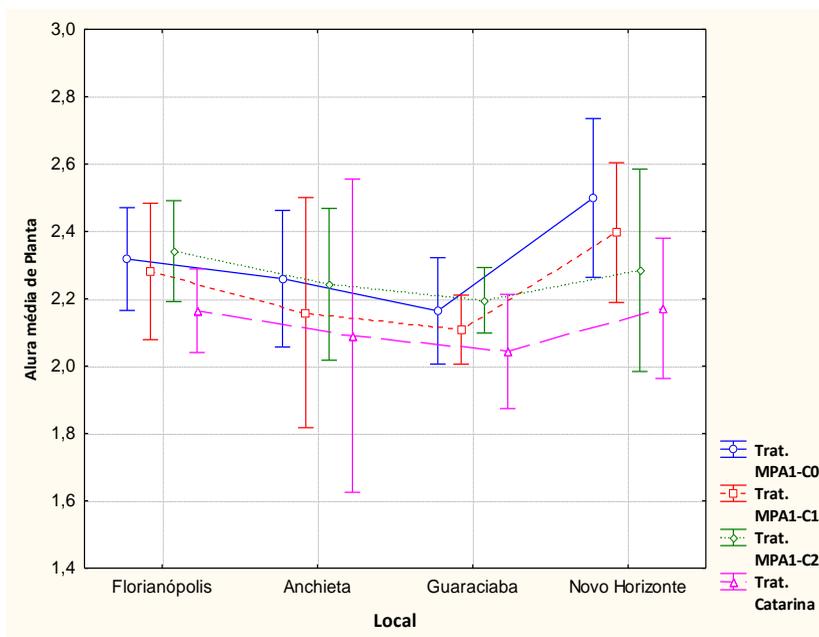
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: $0,06$; CV: $7,48$. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95% .

Figura 4 - Altura média de espigas (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 8 - Altura média de planta (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}		Anchieta ^{1*}		Guaraciaba ^{1*}		Novo Horizonte ^{1*}		Média ^{2**}	
MPA1-C0	2,31		2,25		2,16	a b	2,50	b	2,31	B
MPA1-C1	2,28		2,15		2,11	a b	2,40	a b	2,24	B
MPA1-C2	2,34		2,24		2,20	b	2,28	a b	2,27	B
Catarina	2,16		2,09		2,04	a	2,17	a	2,12	A
Média ^{3***}	2,27	B C	2,18	A B	2,13	A	2,34	C	2,24	
CV(%) ⁵	4,45		6,48		2,93		5,76		4,98	
Prob.F-Teste ⁴	0,13		0,48		0,04		0,04			

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



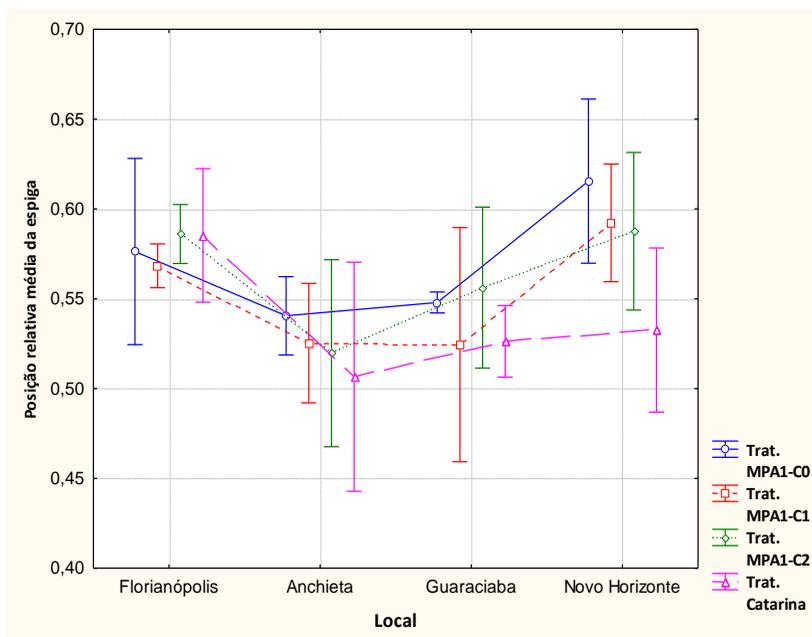
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: 0,45; CV: 4,98. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 5 - Altura média de planta (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 9 - Posição relativa média de espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}	
MPA1-C0	0,57	0,54	0,55	0,62	b	B
MPA1-C1	0,56	0,53	0,52	0,59	b	A B
MPA1-C2	0,58	0,52	0,56	0,59	a b	B
Catarina	0,58	0,51	0,53	0,53	a	A
Média ^{3**}	0,57	B	0,52	A	0,54	A
CV(%) ⁵	3,07		3,99		5,08	
Prob.F-Teste ⁴	0,47		0,34		0,33	
					0,58	B
					4,51	
					0,01	
					0,56	
					4,20	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



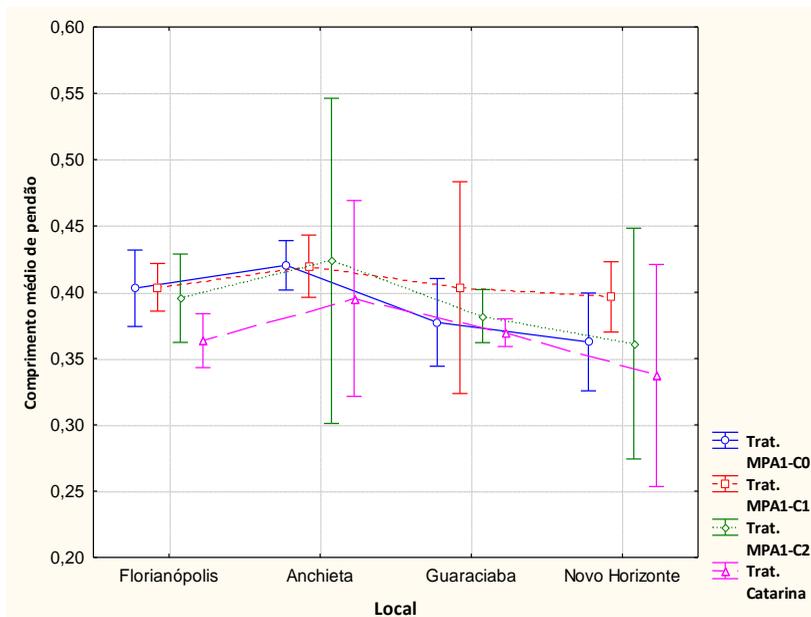
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: $0,06$; CV: $4,20$. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 6 - Posição relativa média de espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 10 - Comprimento médio de pendão (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C0	0,40 b	0,42	0,38	0,36	0,39 A B
MPA1-C1	0,40 b	0,42	0,40	0,40	0,40 B
MPA1-C2	0,39 a b	0,42	0,38	0,36	0,39 A B
Catarina	0,36 a	0,40	0,37	0,34	0,36 A
Média ^{3**}	0,39 B C	0,41 C	0,38 A B	0,36 A	0,39
CV(%) ⁵	3,86	6,47	7,93	8,30	6,69
Prob.F-Teste ⁴	0,01	0,57	0,46	0,11	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



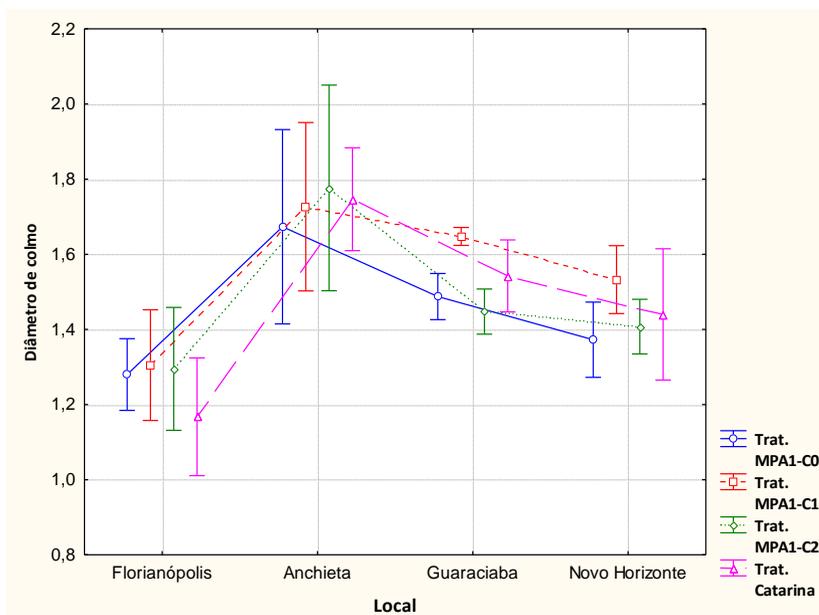
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: 0,86; CV: 6,69. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 7 - Comprimento médio de pendão (m) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 11 - Diâmetro médio de colmo (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C0	1,28	1,67	1,49 a	1,37 a	1,44 A
MPA1-C1	1,30	1,73	1,65 b	1,53 b	1,54 B
MPA1-C2	1,29	1,78	1,45 a	1,41 a b	1,46 A
Catarina	1,16	1,75	1,54 a	1,44 a b	1,46 A
Média ^{3**}	1,26 A	1,73 B	1,53 C	1,44 D	1,47
CV(%) ⁵	6,08	5,30	2,99	3,95	4,60
Prob.F-Teste ⁴	0,10	0,60	< 0,01	0,02	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



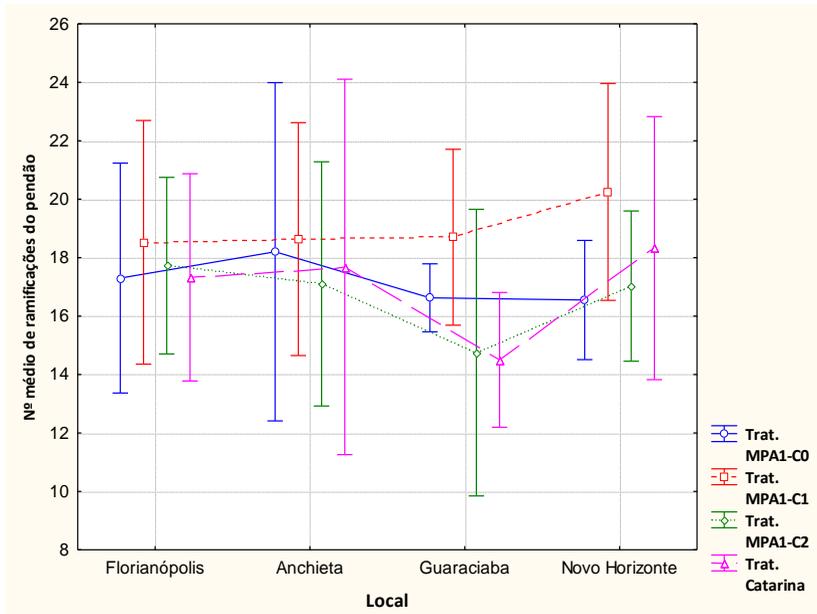
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: $< 0,01$; CV: 4,60. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 8 - Diâmetro médio de colmo (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 12 - Número médio de ramificações de pendão das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}		
MPA1-C0	17,30	18,20	16,62	16,55	17,10	A	B
MPA1-C1	18,52	18,63	18,70	20,25	19,05		B
MPA1-C2	17,72	17,10	14,75	17,02	16,62	A	
Catarina	17,32	17,68	14,50	18,32	16,91	A	B
Média ^{3**}	17,72	17,90	16,14	18,04	17,42		
CV(%) ⁵	14,29	13,04	11,72	12,76	13,08		
Prob. F-Teste ⁴	0,89	0,86	0,05	0,17			

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



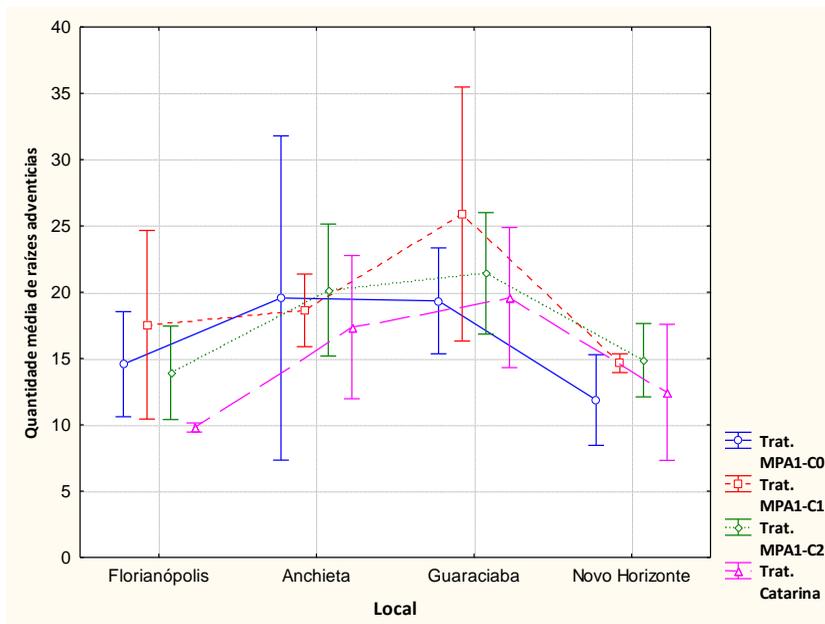
Prob. F-teste: Local: 0,09; Tratamento: 0,03; Local X Tratamento: 0,73; CV: 13,08. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 9 - Número médio de ramificações de pendão das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 13 - Quantidade média de raízes adventícias das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}	
MPA1-C0	14,57 a b	19,57	19,35	11,87	16,13	A
MPA1-C1	17,55 b	18,63	25,90	14,65	19,22	B
MPA1-C2	13,92 a b	20,17	21,43	14,87	17,43	A B
Catarina	9,80 a	17,37	19,60	12,45	14,63	A
Média ^{3**}	13,96 A	18,93 B	21,57 B	13,46 A	16,85	
CV(%) ⁵	17,63	14,91	20,41	12,79	17,99	
Prob. F-Teste ⁴	0,01	0,66	0,20	0,08		

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



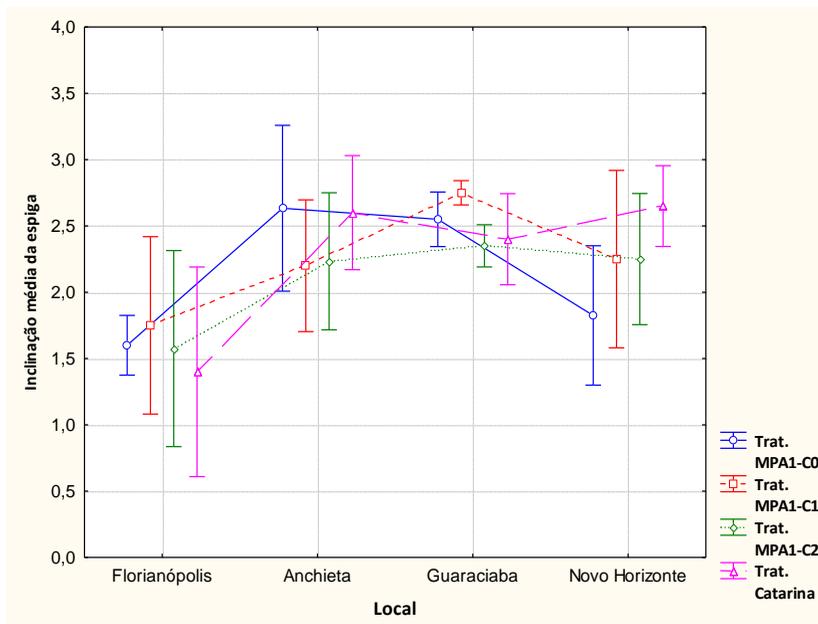
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: 0,30; CV: 17,99. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 10 - Quantidade média de raízes adventícias das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 14 - Inclinação média de espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C0	1,60	2,63	2,55 a b	1,83 a	2,12
MPA1-C1	1,75	2,20	2,75 b	2,25 a b	2,24
MPA1-C2	1,58	2,23	2,35 a	2,25 a b	2,09
Catarina	1,40	2,60	2,40 a	2,65 b	2,24
Média ^{3**}	1,58 A	2,42 B C	2,51 C	2,24 B	2,17
CV(%) ⁵	18,76	8,03	5,10	15,18	11,91
Prob.F-Teste ⁴	0,46	0,06	0,01	0,04	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



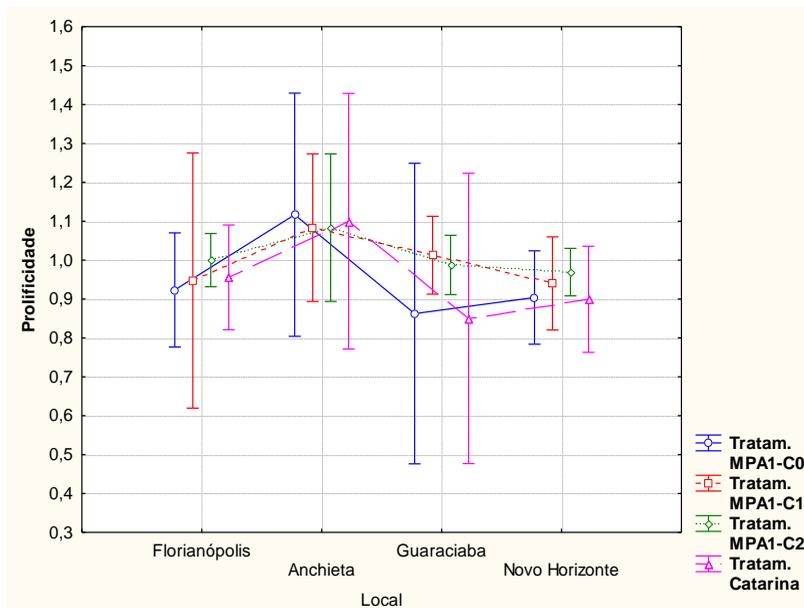
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: 0,32; Local X Tratamento: $< 0,01$; CV: 11,91. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 11 – Inclinação média de espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 15 - Prolifidade média das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C0	0,92	1,12	0,86	0,90	0,94
MPA1-C1	0,95	1,08	0,99	0,94	0,99
MPA1-C2	1,00	1,08	1,01	0,97	1,01
Catarina	0,96	1,10	0,85	0,90	0,94
Média ^{3**}	0,96 A	1,10 B	0,93 A	0,93 A	0,97
CV(%) ⁵	11,51	10,95	20,83	7,65	13,67
Prob.F-Teste ⁴	0,80	0,98	0,55	0,50	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



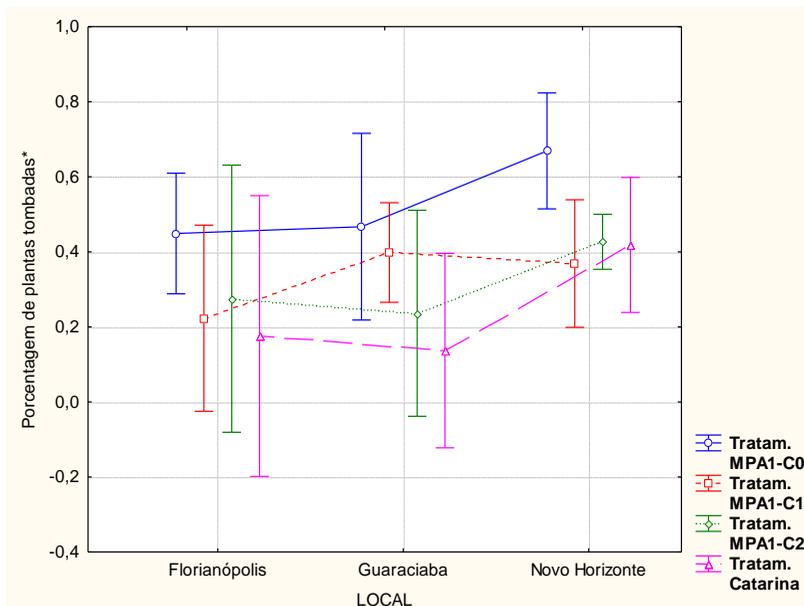
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $0,52$; Local X Tratamento: $0,93$; CV: $13,67$. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 12 - Prolifricidade média das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 16 - Percentagem média de plantas tombadas (%) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}		Guaraciaba ^{1*}		Novo Horizonte ^{1*}		Média ^{2**}	
MPA1-C0	19,27		21,25	b	38,62	b	22,44	B
MPA1-C1	6,58		15,39	a b	13,63	a	10,49	A
MPA1-C2	10,53		7,50	a b	17,23	a	9,40	A
Catarina	6,72		3,75	a	17,18	a	8,37	A
Média ^{3**}	10,77	A	11,97	A	21,66	B	12,68	
CV(%) ^{5#}	55,01		48,70		17,39		37,48	
Prob.F-Teste ^{4#}	0,14		0,04		<0,01			

(1) Médias reais de tratamentos de quatro repetições, expressas em percentagem. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. # Valores correspondentes aos obtidos após a transformação arco seno na raiz quadrada.



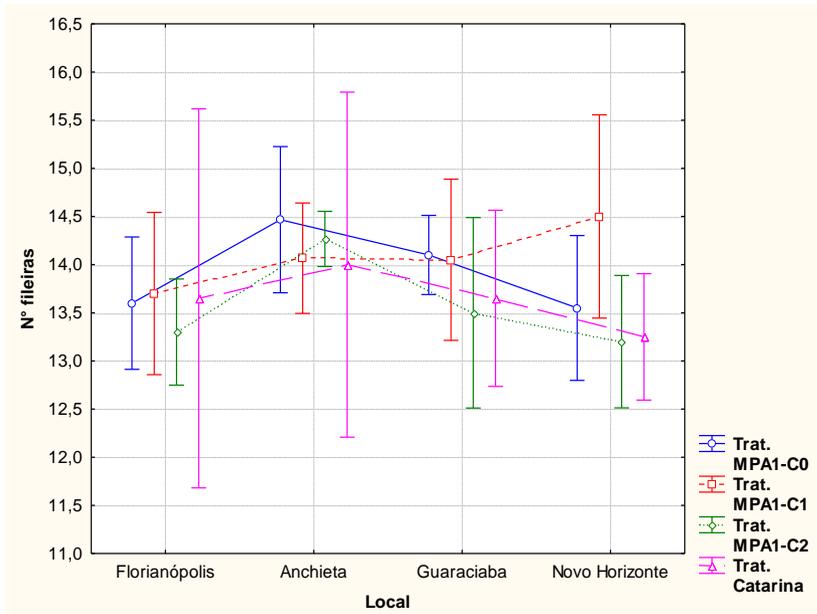
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: $0,36$; CV: $37,48$. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95%. *Média obtidas após a transformação arco seno da raiz quadrada.

Figura 13 - Percentagem média de plantas tombadas (%) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 17 - Número médio de fileiras por espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}				
MPA1-C0	13,60	14,47	14,10	13,55	a	13,89	A B		
MPA1-C1	13,70	14,07	14,05	14,50	b	14,08	B		
MPA1-C2	13,30	14,27	13,50	13,20	a	13,52	A		
Catarina	13,70	14,00	13,65	13,25	a	13,61	A B		
Média ^{3**}	13,58	A	14,20	B	13,83	A B	13,63	A	13,78
CV(%)	3,91	2,79	4,29	4,20	3,91				
Prob.F-Teste ⁴	0,72	0,51	0,44	0,04					

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



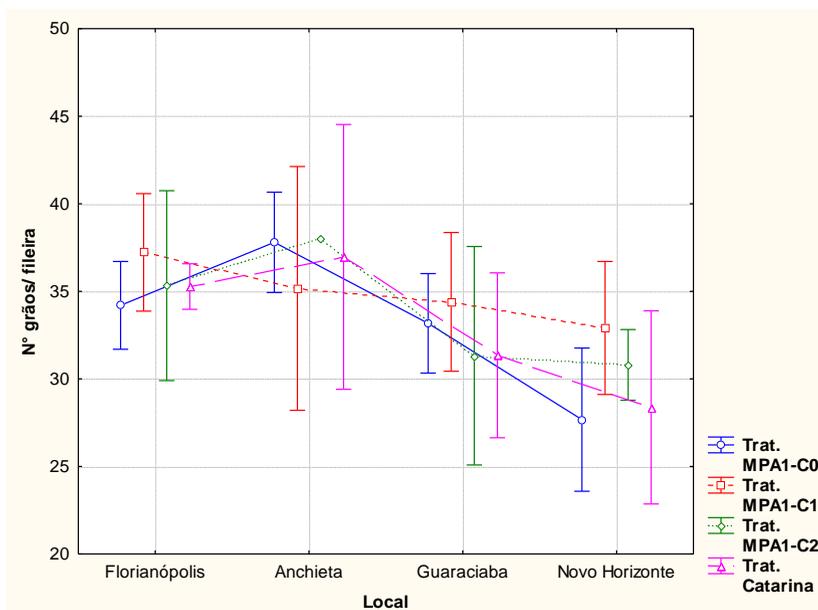
Prob. F-teste: Local: 0,02; Tratamento: 0,04; Local X Tratamento: 0,30; CV: 3,91. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 14 - Número médio de fileiras por espiga das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 18 - Número médio de grãos por fileira das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}				
MPA1-C0	34,20	37,80	33,18	27,68	32,91				
MPA1-C1	37,22	35,17	34,40	32,91	34,91				
MPA1-C2	35,32	38,00	31,33	30,80	33,59				
Catarina	35,27	36,97	31,35	28,37	32,73				
Média ^{3**}	35,50	C	36,98	C	32,56	B	29,94	A	33,53
CV(%) ⁵	6,05		6,12		9,96		8,03		7,68
Prob.F-Teste ⁴	0,31		0,46		0,50		0,05		

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



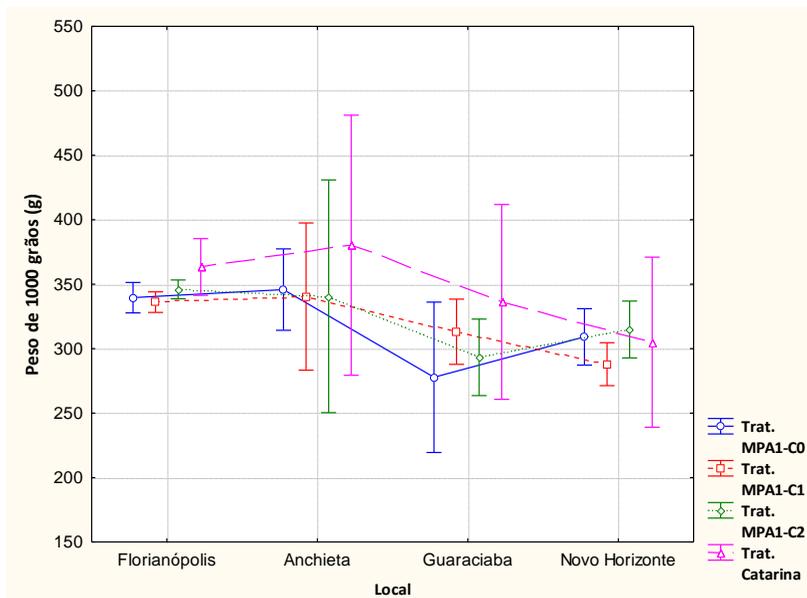
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: 0,19; Local X Tratamento: 0,21; CV: 7,68. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 15 - Número médio de grãos por fileira das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 19 - Peso médio de mil grãos (g) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C0	339,55 a	345,80	277,76	309,12	316,21 A
MPA1-C1	336,06 a	340,41	313,13	287,96	317,99 A
MPA1-C2	345,98 a b	340,63	293,21	314,85	322,54 A B
Catarina	363,35 b	380,23	336,25	305,01	343,94 B
Média ^{3**}	346,24 B	351,77 B	305,09 A	304,23 A	325,17
CV(%) ⁵	2,69	6,33	10,98	7,80	7,36
Prob. F-Teste ⁴	0,01	0,19	0,15	0,46	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



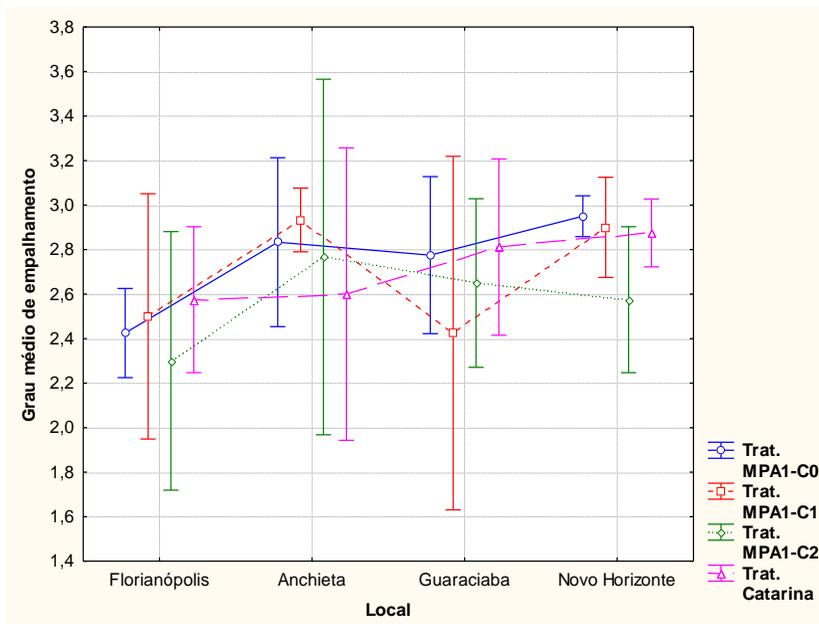
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: 0,25; CV: 7,68 %. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 16 - Peso médio de mil grãos (g) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 20 - Grau médio de empalhamento das espigas (nota) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}				
MPA1-C0	2,43	2,83	2,78	2,90	b	2,74			
MPA1-C1	2,50	2,93	2,43	2,95	b	2,67			
MPA1-C2	2,30	2,77	2,65	2,58	a	2,56			
Catarina	2,58	2,60	2,81	2,88	b	2,72			
Média ^{3**}	2,45	A	2,78	B	2,67	A B	2,83	B	2,67
CV(%) ⁵	12,36	6,37	13,26	4,25	9,78				
Prob.F-Teste ⁴	0,63	0,23	0,45	0,01					

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



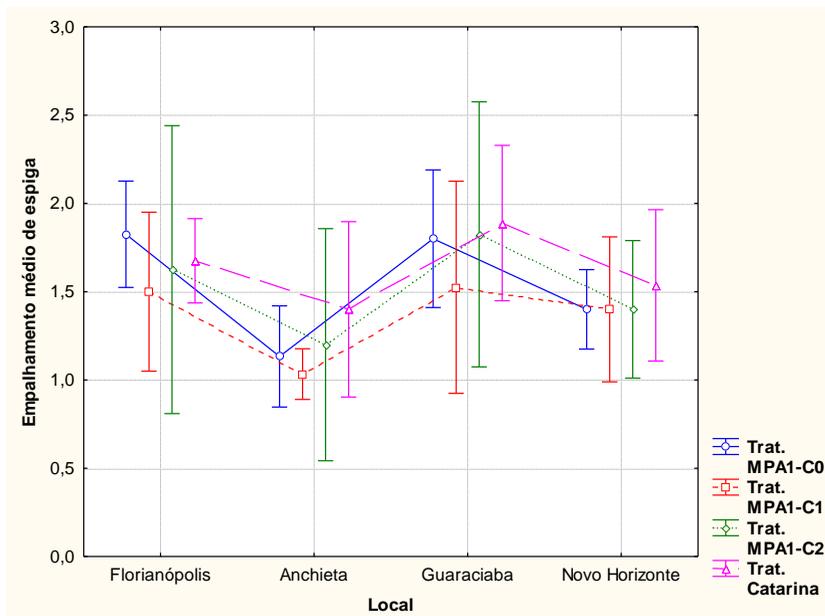
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: 0,31; Local X Tratamento: 0,32; CV: 9,78%. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 17 - Grau médio de empalhamento das espigas (nota) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 21- Empalhamento médio das espigas (nota) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}				
MPA1-C0	1,83	1,13	1,80	1,40	1,57				
MPA1-C1	1,50	1,03	1,53	1,40	1,39				
MPA1-C2	1,63	1,20	1,83	1,40	1,53				
Catarina	1,68	1,40	1,89	1,54	1,64				
Média ^{3**}	1,66	B C	1,19	A	1,76	C	1,43	A B	1,53
CV(%) ⁵	19,53		12,21		23,03		15,37		19,65
Prob.F-Teste ⁴	0,58		0,09		0,61		0,77		

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



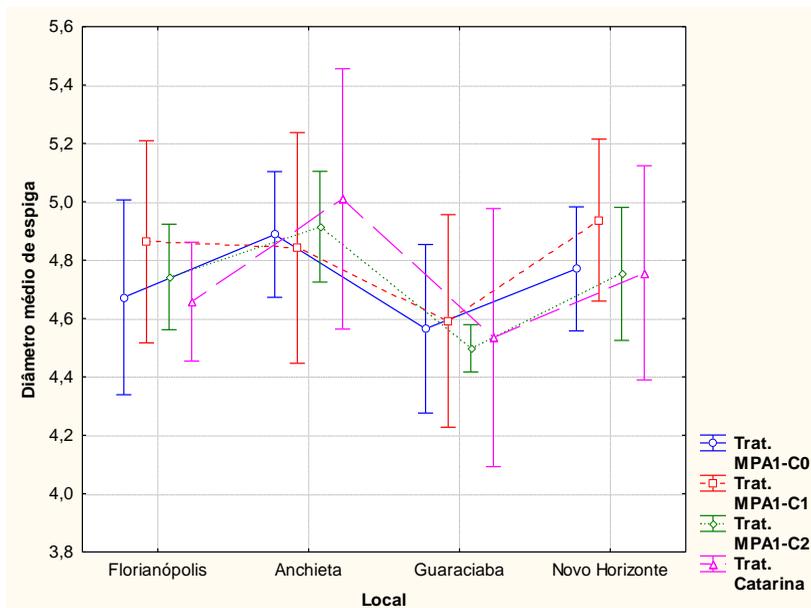
Prob. F-teste: Local: < 0,01; Tratamento: 0,14; Local X Tratamento: 0,94; CV: 19,65%. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 18 – Empalhamento médio das espigas (nota) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 22 - Diâmetro médio das espigas (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}				
MPA1-C0	4,67	4,89	4,57	4,77	4,71				
MPA1-C1	4,86	4,84	4,59	4,94	4,81				
MPA1-C2	4,74	4,91	4,50	4,75	4,71				
Catarina	4,66	5,01	4,53	4,76	4,72				
Média ^{3**}	4,73	B	4,91	B	4,55	A	4,80	B	4,74
CV(%) ⁵	3,52		3,07		4,33		4,08		3,81
Prob.F-Teste ⁴	0,34		0,61		0,92		0,51		

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



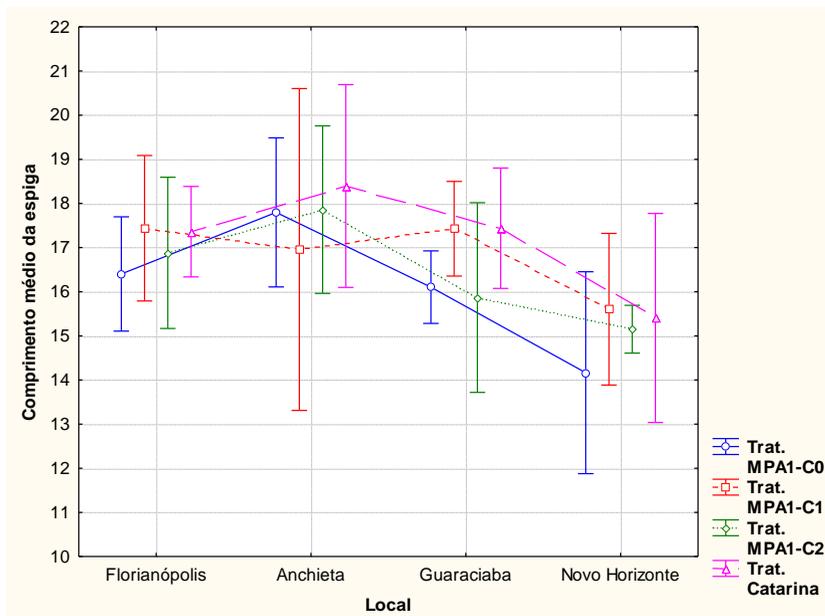
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: 0,55; Local X Tratamento: 0,79; CV: 3,81 %. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 19 - Diâmetro médio das espigas (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 23 - Comprimento médio das espigas (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C0	16,40	17,80	16,10	14,16	16,00 A
MPA1-C1	17,44	16,96	17,43	15,60	16,85 A B
MPA1-C2	16,88	17,86	15,87	15,15	16,34 A B
Catarina	17,36	18,39	17,44	15,40	17,07 B
Média ^{3**}	17,02 B	17,75 C	16,71 B	15,08 A	16,57
CV(%) ⁵	5,15	5,12	4,50	6,62	5,34
Prob. F-Teste ⁴	0,36	0,36	0,50	0,25	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



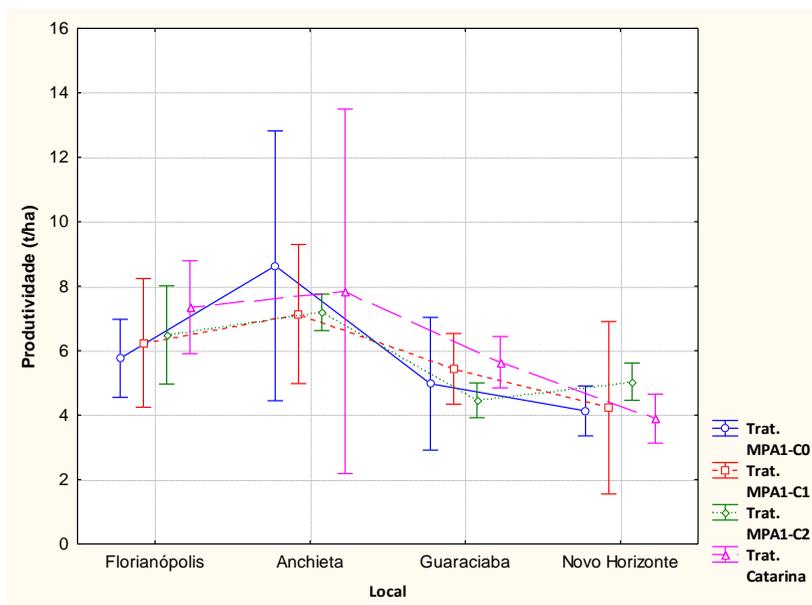
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $0,02$; Local X Tratamento: $0,29$; CV: $5,34$. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95% .

Figura 20 - Comprimento médio das espigas (cm) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 24 - Produtividade média de grãos ($t\ ha^{-1}$) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}				
MPA1-C0	5,76	8,63	4,97	4,13	5,69				
MPA1-C1	6,24	7,14	5,43	4,23	5,67				
MPA1-C2	6,49	7,19	4,46	5,04	5,70				
Catarina	7,35	7,84	5,64	3,89	6,07				
Média ^{3**}	6,46	B	7,70	C	5,13	A	4,32	A	5,78
CV(%) ⁵	15,15	18,27	17,36	21,93	17,99				
Prob.F-Teste ⁴	0,21	0,56	0,31	0,40					

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



Prob. F-teste: Local: < 0,01; Tratamento: 0,69; Local X Tratamento: 0,20; CV: 17,99 % . As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 21 - Produtividade média de grãos ($t\ ha^{-1}$) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

CAPÍTULO 02: Desempenho agrônômico e adaptativo de populações compostas de milho em dois níveis de introgressão do *background* genético braquiúico

1. Introdução

O milho é um cereal que se destaca na economia mundial, em virtude do seu potencial produtivo, composição química e valor nutricional. Com a crescente demanda de grãos que vem sendo registrada a cada ano, instituições públicas e privadas por meio do melhoramento genético formal iniciaram o desenvolvimento de cultivares altamente dependentes dos pacotes tecnológicos. Em Santa Catarina (SC), no entanto, particularmente na região Oeste, caracterizada por estabelecimentos rurais com área média de 20 ha (Silva et al., 2003) que se encontram, muitas vezes, em áreas de topografia acidentada, com solo de baixa fertilidade e em periódicas condições de estresse hídrico (Ogliari et al., 2013), o uso de cultivares melhoradas para condições de elevada tecnologia nem sempre é justificado. Para explorar o potencial genético dessas cultivares, em geral, o ambiente agrícola deve dispor de elevadas doses de adubação, defensivos agrícolas (Bisognin et al., 1997; Smith et al., 2001) e demais controles associados aos fatores de risco da produção.

Nessa região, muitas famílias ainda conservam variedades locais e crioulas de milho (Vogt, 2005; Ogliari & Alves, 2007; Kist et al., 2010, Ogliari et al., 2013). Nesses estabelecimentos, o consumo na propriedade é o principal destino da produção. Também deve ser destacado que aquelas variedades de milho mais antigas, que são conservadas ao longo de muitos anos pelos agricultores, possivelmente estão mais adaptadas às condições edafoclimáticas e de manejo dos locais de cultivo. (Ogliari et al, 2013).

O reconhecimento do valor real e potencial de algumas dessas variedades crioulas de milho (Ogliari & Alves, 2007; Kist et al., 2010, Ogliari et al., 2013) e as demandas das organizações de agricultores de Anchieta levou o Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade (NEABio) da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC) a planejar e desenvolver um programa de melhoramento genético participativo, no qual fossem incluídos os recursos genéticos locais, conservados nas unidades familiares de produção da região . Os resultados iniciais desses estudos revelaram que algumas variedades possuíam elevado potencial produtivo (Ogliari & Alves, 2007), adaptativo (Sasse, 2008) e nutricional (Kunhnen et al. 2010) e, dentre elas, destacou-se a população composta local de milho MPA1. Essa constatação motivou os

agricultores de Anchieta, SC a escolherem a referida população para ser usada como população-base de um processo cíclico de seleção recorrente intrapopulacional coordenado e apoiado pelo NEABio. A estratégia adotada por esse programa, para explorar o potencial de MPA1, baseou-se no conceito de seleção divergente e recombinação convergente de famílias, a partir de um esquema de seleção recorrente intrapopulacional. O método intitulado de seleção convergente-divergente de família de meios-irmãos (SRCDFMI) (Kist *et al.*, 2010; Ogliari *et al.*, 2013) foi fundamentado nos princípios da seleção recorrente convergente-divergente descritos por Lonnquist *et al.* (1979), cujo programa visava desenvolver uma população composta com ampla adaptação ecológica para, posteriormente, ser usada em ciclos de seleção recorrente. A proposta modificada descrita por Kist *et al.* (2010) e Ogliari *et al.* (2013), conserva os fundamentos da seleção recorrente convergente-divergente, porém diferindo da proposta original por tratar-se de um programa de seleção recorrente intrapopulacional e não um procedimento para desenvolver uma população composta. Nesse esquema, amostras independentes de famílias de meios-irmãos (FMI) são avaliadas em distintos ambientes, dentro de uma região de interesse (fase divergente), para que, posteriormente, as melhores famílias de cada amostra e local sejam selecionadas e recombinadas em um único lote isolado de despendoamento (fase convergente).

Dois ciclos de SRCDFMI foram efetuados a partir da população original, denominada MPA1-C0, dando origem às populações MPA1-C1 (primeiro ciclo) e MPA1-C2 (segundo ciclo) (Kist *et al.*, 2010; Ogliari *et al.*, 2013). A síntese da população composta local MPA1 original (MPA1-C0) foi realizada em duas etapas. A primeira fase, realizada na safra 1999/2000, constituiu-se em agrupar sementes de 25 populações de milho cultivadas no município de Anchieta. Dentre essas populações, 18 eram sintéticas derivadas de híbridos comerciais, quatro de variedades de polinização aberta do grupo Pixurum e três de variedades locais ou crioulas (Cateto, Mato Grosso Palha Roxa e Amarelão) (Kist *et al.*, 2010). O cruzamento dessas populações foi realizado em uma área isolada pelo esquema topcross descrito em Hallauer & Miranda Filho (1988). Na segunda fase, realizada na safra 2000/2001, foram adicionadas às 25 populações da primeira etapa, outras cinco populações de milho de origem desconhecida repetindo-se o mesmo esquema praticado anteriormente. Nas três safras seguintes, a população composta resultante da recombinação das 30 populações descritas, foi submetida a três ciclos de seleção massal estratificada (Gardner, 1961). O detalhamento dos procedimentos de formação da

população composta local MPA1-C0, assim como, dos dois SRCDFMI, que resultaram nas populações MPA1-C1 e MPA1-C2, estão descritos em Kist et al. (2010) e Ogliari et al. (2013), respectivamente.

O método de melhoramento pelo esquema SRCDFMI priorizou os caracteres rendimento de grãos (entre famílias) e altura média de planta (dentro de famílias) e aplicou brandas intensidades de seleção para a formação das populações melhoradas MPA1-C1 e MPA1-C2. O uso de intensidade de seleção branda visou não reduzir drasticamente a variabilidade genética de MPA1-C0 (Kist et al., 2010), nos ciclos iniciais de seleção e, assim, explorar as vantagens decorrentes da ampliação da adaptação ecológica das populações resultantes de cada ciclo de seleção (Cardoso et al., 2007; Alves et al., 2006; Carvalho et al., 2000a). No entanto, poucos avanços foram obtidos a partir da seleção para a redução da altura média de planta a partir de pouca pressão de seleção (Kist et al., 2010).

Kist et al (2006; 2010) estudaram a correlação genética entre os caracteres produtividade de grãos e altura de planta nas populações derivadas de MPA1. Como resultado dessas pesquisas, no primeiro ciclo, a partir de três amostras de FMI da população MPA1-C0, foram encontrados coeficientes de correlação genética de magnitudes não significativas em uma das amostras e significativas e de ordem positiva em outras duas amostras restantes (Kist, 2006). No segundo ciclo de seleção, por meio de duas amostras independentes de FMI da população MPA1-C1, somente foram encontrados coeficientes de magnitudes significativas e de ordem positiva (Kist, 2010). Os coeficientes de correlação genética averiguados evidenciaram que não seria possível obter respostas indiretas com a seleção para nenhum dos caracteres individualmente (produtividade de grãos e altura de plantas), por intermédio do outro. Além disso, os esforços com a seleção para aumentar a produtividade de grãos também poderiam contribuir para elevar a estatura de planta da população, em vista da significativa correlação genética positiva entre ambos os caracteres. Correlações genéticas positivas entre esses dois caracteres também foram encontrados nos estudos realizados por Lemos et al. (1992), Santos et al. (2002) e Andrade & Miranda Filho (2008).

As alternativas para a redução da estatura de planta de milho são baseadas nos efeitos gênicos quantitativos ou qualitativos para uma e envolvem, principalmente, dois métodos (Zanette & Paterniani, 1992). Segundo os autores, nos casos em que a altura de uma população é devida a ações de poligenes, o método consiste em selecionar as plantas cada vez menores dentro da população de porte normal. O segundo

método consiste na introgressão de genes de significativo efeito qualitativo. Geralmente, a adoção dessa estratégia ocorre em populações onde a variabilidade genética para explorar a característica é limitada. A introgressão de genes de grande efeito fenotípico, tais como o gene *br2*, tem se mostrado favorável para a obtenção de populações de milho de porte baixo (Rissi & Paterniani, 1981; Castiglioni, 1986; Zanette & Paterniani, 1992). Todavia, sem testes adequados, não se pode antecipar resultados satisfatórios das variedades convertidas ao braquitismo, em razão de poderem ser incluídos efeitos de genes ligados ao *br2* e, provavelmente, outros genes associado ao *background* genético das populações doadoras do gene braquítico (Castiglioni et al., 1991). O gene *br2*, condicionado em homozigose (gene recessivo), promove o encurtamento dos internódios das plantas e, conseqüentemente, o porte de plantas é reduzido. O encurtamento dos internódios das plantas braquíticas ocorre em decorrência de distúrbios no metabolismo de uma auxina responsável pelo alongamento da parede celular. No entanto, não são relatadas mudanças em outras características, tais como o tamanho de folhas e de espigas (Bandel, 1987).

Zanette e Paterniani (1992) realizaram experimentos nas safras de 1982/1983 e 1983/1984 para avaliar características fenológicas, morfológicas, agrônômicas pré-colheita e agrônômicas pós-colheita de plantas homozigóticas para o gene *br2*, em dezoito populações braquíticas de milho. Nesse estudo, os autores encontraram altura média de planta de 163 cm, posição relativa da espiga de 0,51 e baixos percentuais de plantas acamadas e quebradas. Quanto ao número de espigas por planta e fileiras por espiga foram observados valores de 0,98 e 12,95, respectivamente. A antese masculina ocorreu em 73,31 dias após a emergência. O desempenho produtivo de grãos, obtido pelas de populações do grupo Piranão-VD2, foi semelhantes àqueles alcançados pelas cultivares híbridas utilizadas como testemunhas nesses experimentos.

Perante o exposto, o objetivo desse trabalho foi avaliar e caracterizar as populações derivadas de MPA1-C1 em dois níveis de introgressão do *background* genético braquítico, quanto aos atributos fenológicos, morfológicos e agrônômicos pré e pós-colheita, em quatro agroecossistemas distintos do Estado de SC, bem como verificar a amplitude de adaptação do material em foco nesses locais.

2. Material e métodos

2.1. Material Vegetal

O material vegetal utilizado nessa pesquisa foi derivado da população composta local MPA1, desenvolvida na unidade de produção familiar de Névio Alceu Folgiarini, em Anchieta (SC), com apoio do Sindicato dos Trabalhadores na Agricultura Familiar (SINTRAF) e da Associação dos Pequenos Agricultores Plantadores de Milho Crioulo Orgânico e Derivados (ASSO) (Kist et al., 2010). O genitor recorrente, a população MPA1-C1, foi resultante do primeiro ciclo de seleção recorrente de FMI da população MPA1 original (MPA1-C0) pelo esquema convergente-divergente. Detalhes do procedimento de formação da população MPA1-C1 estão descritos em Kist et al. (2010) e Ogliari et al. (2013).

O NEABio da Universidade Federal de Santa Catarina, em 2008, em parceria com a Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ) da Universidade de São Paulo, realizaram o cruzamento da população MPA1-C1 com a variedade braquítica denominada Piranão-VD2. A partir desse cruzamento inicial foram desenvolvidas as populações segregantes F_2 e RC_1F_2 contendo 50% e 25 % do *background* genético de Piranão-VD2, respectivamente.

De maneira geral, o desenvolvimento da população F_2 , que contém 50 % do *background* genético de Piranão-VD2, consistiu em cruzar a população MPA1-C1 com Piranão-VD2, para a obtenção da geração F_1 . Esta geração, por sua vez, foi submetida à recombinação entre si, na safra seguinte, originando a população F_2 . A população RC_1F_2 , que contém 25 % do *background* genético de Piranão-VD2, foi obtida pelo retrocruzamento da geração F_1 com a população MPA1-C1 (genitor recorrente), e a partir da recombinação das plantas RC_1F_1 entre si foi originada a população RC_1F_2 . As populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , a população MPA1-C1 e a testemunha SCS155 Catarina, recomendada pela Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI) para cultivo nesse Estado, foram utilizadas como tratamentos nessa pesquisa.

2.2. Técnicas experimentais e tratamentos culturais

Na safra 2012/2013, foram conduzidos quatro experimentos em unidades de produção familiares dos municípios de Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4), no Oeste de SC e, na Fazenda Experimental da UFSC, em Florianópolis, no litoral de SC (L1). O clima das quatro regiões, de acordo com a classificação de Köppen, é o mesotérmico úmido (Cfa). As médias mensais de precipitação total

(PT), temperatura máxima (TM), temperatura mínima (Tm), temperatura compensada (TC) e umidade relativa do ar (UR), em Florianópolis, e na região Oeste catarinense, para os meses relativos ao período de condução dos experimentos (safra 2012/2013), encontram-se nas Tabelas 2 e 3.

A implantação ocorreu na primeira quinzena de novembro, em L1, L2 e L3, e na primeira quinzena de dezembro, em L4. O delineamento experimental foi de blocos completos casualizados com quatro repetições e parcelas com quatro fileiras de 5 m lineares, espaçadas 1 m entre si e 0,20 m entre plantas. Após o desbaste, realizado 30 dias depois da emergência, foi estabelecida uma densidade final de 50.000 plantas ha⁻¹. A área útil da parcela foi constituída pelos 2 m lineares da parte central das duas fileiras internas da parcela (4 m²). Um bloco do experimento conduzido em L2 foi eliminado, em decorrência de falhas no estande de plantas. Em razão disso, todos os dados experimentais coletados e as análises estatísticas desse local foram realizadas a partir dos outros três blocos restantes.

Nas unidades de produção familiar, a adubação de base foi realizada com 2.400 kg ha⁻¹ de adubo orgânico de cama de aviário. Esta primeira adubação disponibilizou para essas propriedades, em média, 45 kg ha⁻¹ de N, 57 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 63 kg ha⁻¹ de K₂O. A área experimental da Fazenda da Ressacada da UFSC recebeu adubação química á base de N, P e K separadamente, na forma de uréia (45% N), superfosfato triplo (42% P₂O₅) e cloreto de potássio (57% K₂O), respectivamente. As quantidades aplicadas corresponderam a 50 kg ha⁻¹ de N, 75 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 60 kg ha⁻¹ de K₂O. Em todos os experimentos (fertilização química e orgânica), a adubação de base foi distribuída e incorporada no sulco de cultivo, no momento da semeadura, segundo as necessidades indicadas pela análise de solo e seguindo as recomendações de adubação da cultura para o estado de SC (SBSC, 2004). Seguindo as mesmas recomendações, a adubação de cobertura das áreas experimentais ocorreu aos 40 dias após a semeadura, por meio da aplicação de 30 kg ha⁻¹ de N sob a forma de uréia.

A implantação dos experimentos ocorreu sob a forma de cultivo mínimo e o controle de plantas espontâneas foi realizado sempre quando necessário, de forma manual.

2.3. Caracteres avaliados

As variáveis avaliadas foram reunidas em quatro grupos de caracteres, sendo eles: fenológicos, morfológicos e agrônômicos pré-colheita e pós-colheita. A Tabela 25 refere-se à relação de abreviaturas

das variáveis dentro de seu grupo de caráter, com suas respectivas denominações e unidades.

Tabela 25 - Relação de abreviaturas das variáveis e suas denominações e unidades.

Abreviatura	Variável	Unidade
Caracteres Fenológicos*		
FM	Florescimento Masculino	Dias
FF	Florescimento Feminino	Dias
Caracteres Morfológicos		
AME	Altura média de espigas**	m
AMP	Altura média de plantas**	m
PRE	Posição relativa média da espiga**	Quociente (AME/AMP)
CPR	Comprimento médio do pendão**	m
DMC	Diâmetro médio de colmo**	cm
NRP	Número médio de ramificações do pendão**	Unid.
QRA	Quantidade média de raízes adventícias**	Unid.
Caracteres Agronômicos Pré-colheita		
PR	Prolificidade média	%
PT	Porcentagem de plantas tombadas	%
Caracteres Agronômicos Pós-colheita		
NFG	Número médio de fileiras de grãos por espiga**	Unid.
NGF	Número médio de grãos por fileira**	Unid.
PMG	Peso de mil grãos	g
DME	Diâmetro médio de espiga**	cm
CME	Comprimento médio de espiga	cm
PROD	Produtividade de grãos a 13% de umidade	t ha ⁻¹

(*) FM e FF foram expressas em dias após a emergência; (**) Variáveis obtidas com base na média de 10 plantas da parcela.

Os caracteres fenológicos florescimento masculino (FM) e florescimento feminino (FF) foram expressos em dias quando 50% ou mais das plantas da área útil da parcela encontravam-se nas etapas correspondentes. A emergência de plantas foi estimada em número de dias a partir da data da semeadura. As datas do FM e FF foram

expressas em número de dias a partir da data da emergência das plântulas. Na unidade experimental localizada em L2, não foi possível realizar a avaliação das variáveis fenológicas.

A avaliação dos caracteres morfológicos ocorreu no estágio fenológico de enchimento de grãos. Os caracteres morfológicos comprimento do pendão (CPR), altura média da espiga principal (AME) e altura média de planta (AMP) foram expressos em metros (m) e diâmetro colmo (DMC), em centímetros (m). O CPR foi medido do nó da até a extremidade do ráquis; AME, medido do solo até a inserção da espiga principal; AMP, medido do solo até a folha bandeira e; DMC, medido na parte mediana do internódio abaixo da espiga principal. A variável posição relativa da espiga (PRE) foi definida pelo quociente entre a altura média da espiga principal e a altura média da planta. A quantidade média de raízes adventícias (QRA) e o número médio de ramificações do pendão (NRP) foram determinados pela sua contagem e expressos em valores médios a partir de uma amostra de 10 plantas da parcela útil.

Os caracteres agronômicos pré-colheita plantas tombadas (PT) foram avaliados antes da colheita e expressos em percentagem (%), em relação ao número total de plantas da parcela útil. Foram consideradas plantas tombadas aquelas plantas cujo ângulo entre a base do colmo e o solo foi inferior a 45° e aquelas cujos colmos apresentaram ruptura abaixo da espiga. O caráter agronômico prolificidade (PR) foi determinado por meio de contagem e foi expresso em valores médios a partir do quociente entre o número de espigas colhidas e o número total de plantas da parcela útil.

Os caracteres agronômicos pós-colheita número médio de fileiras espiga⁻¹ (NFG) e número médio de grãos fileira⁻¹ (NGF) foram determinados pela sua contagem. As variáveis diâmetro médio da espiga (DME) e comprimento médio de espiga (CME) foram medidas com auxílio de paquímetro e expressas em centímetros (cm). O peso de mil grãos foi determinado a partir da pesagem de oito subamostras de 100 sementes cada uma, conforme estabelecido pelas Regras de Análises de Sementes (Brasil, 1992). Seu valor foi expresso em g e foi estimado com base na média das oito subamostras e transformado para peso de 1000 grãos. A produtividade de grãos foi corrigida a 13 % de umidade e expressa em t ha⁻¹. Os caracteres agronômicos pós-colheita foram avaliados nessa etapa.

As avaliações dos caracteres morfológicos e agronômicos pós-colheita foram realizadas a partir de uma amostra de 10 plantas da área útil da parcela, exceto PMG e PROD. Aquelas variáveis foram

expressas em valores médios obtidos a partir das 10 plantas da área útil da parcela, conforme suas respectivas unidades (Tabela 25). As variáveis agrônômicas pós-colheita produtividade de grãos (PROD) e peso de mil grãos (PMG), bem como os caracteres morfológicos pré-colheita (PT e PR) e todas as variáveis fenológicas, foram mensuradas com base em todas as plantas da área útil da parcela e expressas segundo a natureza de cada variável (Tabela 25).

2.4. Análises estatísticas

2.4.1. Análise de variância

Para cada local, os dados de todas as variáveis foram submetidos à verificação dos pressupostos da análise de variância, ou seja, normalidade pelo teste de aderência de Shapiro Wilks, independência dos resíduos e homogeneidade de variâncias pelo teste de Levene's. As análises de variância por local e conjunta dos quatro experimentos foram realizadas pelo software STATISTICA 7®, considerando o modelo fixo. Nesse caso, o modelo estatístico-matemático usado para a análise de variância por local foi: $Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij}$, onde Y_{ij} é a observação do i -ésimo tratamento, do j -ésimo bloco; μ é a média geral; t_i é o efeito de tratamento; b_j é o efeito de bloco e e_{ij} é o erro experimental. O modelo estatístico-matemático da análise conjunta foi: $Y_{ijk} = \mu + t_i + l_j + t_{ij} + b_{k(j)} + e_{ijk}$, onde Y_{ijk} é a observação do i -ésimo tratamento, do j -ésimo local e do k -ésimo bloco; μ é a média geral dos locais; t_i é o efeito de tratamento; l_j é o efeito de local; t_{ij} é o efeito da interação genótipo e local; $b_{k(j)}$ é o efeito de blocos dentro de local; e_{ijk} é o erro médio experimental (Vencovsky & Barriga, 1992). As médias de tratamentos das análises de variância realizadas individualmente para os quatro locais, assim como as médias de tratamentos e locais das análises conjuntas foram separadas pelo teste de Tukey, quando o efeito correspondente foi significativo pelo teste F ao nível de 5% de probabilidade. O coeficiente de variação experimental foi estimado para as análises individuais e conjuntas por meio de $CV(\%) = [(QME^{1/2} / \mu) \cdot 100]$, a partir dos seus quadrados médios do resíduo correspondentes.

3. Resultados e discussão

3.1. Análises Básicas

A maior parte das variáveis, com exceção de PT, atendeu aos pressupostos da análise de variância (normalidade, independência dos resíduos e homogeneidade de variâncias), em todos os locais de estudo.

O teste de aderência de Shapiro Wilks revelou não normalidade dos dados para a variável PT, em L1, L2 e L3. Nesses mesmos locais,

com exceção de L3, também foram detectadas heterogeneidade de variâncias pelo teste de Levene's. Em razão disso, a variável PT foi submetida à transformação arco seno da raiz quadrada. Contudo, os dados obtidos dessa variável, em L1 e L2, ainda não atingiram os pressupostos da análise de variância e, por isso, foram excluídos das análises. Em L3, após a transformação realizada, os pressupostos da análise de variância foram atendidos e, para esse local, foi possível a submissão dos dados à análise de variância individuais e conjuntas.

3.2. Aspectos gerais dos experimentos

As médias dos tratamentos e locais, individuais e em conjunto, os coeficientes de variação (CV%) e as probabilidades do teste F das análises de variância estão apresentados nas Tabelas 26 a 42, conforme a variável analisada.

De modo geral, os valores de CV(%) encontrados nos experimentos variaram de 1,17 a 2,61 % para os caracteres fenológicos, 3,01 a 20,85 % para os caracteres morfológicos, 9,40 a 14,37 % para os caracteres agrônômicos pré-colheita (com exceção de PT) e 3,16 a 20,02 % para os caracteres agrônômicos pós-colheita. Esses valores de CV(%) são considerados baixos a medianos por Scapim et al. (1995) e, por isso, as estimativas efetuadas a partir desses experimentos podem ser consideradas de precisão boa a razoável.

Deve-se destacar que os experimentos realizados em L2, L3 e L4 foram conduzidos em unidades familiares de produção, onde normalmente o controle de condições ambientais é menor quando comparado ao de estações experimentais.

3.3. Avaliação e caracterização das populações derivadas de MPA1

3.3.1. Caracteres fenológicos

Florescimento masculino

Para a variável FM, o teste F foi significativo ($p < 0,05$) entre tratamentos, em todos os locais de estudo (Tabela 26). Em L1, a população segregante F_2 apresentou as maiores médias de dias para o florescimento masculino e a população MPA1-C1, juntamente com a variedade Catarina, as menores. Em L3, as populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , obtiveram as maiores médias de dias e, novamente, a população MPA1-C1 e a variedade Catarina, as menores. Em L4, a variedade Catarina apresentou as menores médias de dias, diferenciando dos demais tratamentos avaliados.

Na análise conjunta, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F₂, RC₁F₂ e Catarina foram de 58,92, 64,42, 61,25 e 57,92 dias, respectivamente (Tabela 26). O CV foi de 2,05 %. O teste F foi significativo ($p < 0,01$) entre os tratamentos avaliados (Figura 22). Dessa forma, a população MPA1-C1 e a variedade Catarina apresentaram as menores médias de dias para o florescimento masculino e as populações segregantes F₂ e RC₁F₂, as maiores. Diante disso, observa-se que as gerações descendentes do cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2 proporcionou aumento de dias na antese masculina.

Nas safras de 1982/1983 e 1983/1984, dezoito populações de milho homocigóticas para o gene *br2* foram caracterizadas quanto à antese masculina (Zanette & Paterniani, 1992). Os experimentos foram conduzidos em Piracicaba e Anhembi, São Paulo (SP) e em Cascavel e Palotina, Paraná (PR). Segundo os autores, a média de dias para a etapa correspondente atingida pelos genótipos avaliados foi de 73,32 dias e não houve diferença significativa entre eles. No presente trabalho, aquelas populações introgrididas pelo gene *br2* apresentaram média de 61,83 dias para antese masculina. Essa média foi superior quando comparada com o genótipo recorrente MPA1-C1 e a testemunha utilizada na pesquisa e inferiores em relação àquela média de dias das populações homocigóticas para o gene *br2* avaliados por Zanette & Paterniani (1992). Esses resultados, aparentemente, podem indicar que a presença do gene *br2* pode proporcionar aumento em dias para a antese masculina.

As populações F₂ e RC₁F₂ apresentaram as proporções de ¼ e 1/16 de plantas homocigóticas para o gene *br2*, nessa ordem, sendo esse fato possivelmente responsável pelas diferenças entre médias para a variável FM observadas entre os dois estudos anteriormente citados. A presença do *background* genético MPA1 em percentagem de 50 % e 75 % em F₂ e RC₁F₂, respectivamente, adaptado a região Oeste de SC (Kist et al., 2010), também pode ter contribuído para a diminuição de dias para liberação de pólen nessas populações. No entanto, a comparação seria mais apropriada quando realizada por meio da quantificação da soma térmica dos tratamentos (Gadioli et al., 2010).

As estimativas das médias de locais foram 58,50, 58,38 e 63,50 dias em L1, L3 e L4, respectivamente (Tabela 26), sendo significativa a diferença entre locais pelo teste F ($p < 0,05$) (Figura 22). As médias do FM alcançadas no diferentes locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 26), onde L1 e L3 apresentaram as menores médias de dias e L4, a maior. Apesar de serem detectadas diferenças significativas pelo

teste F entre tratamentos e locais, o efeito de IGA não foi significativo (Figura 22).

Florescimento feminino

Para variável FF, o teste F foi significativo ($p < 0,05$) entre tratamentos, em todos os locais de estudo (Tabela 27). Em L1, L3 e L4, de maneira geral, as populações F_2 e RC_1F_2 obtiveram as maiores médias de dias para o florescimento feminino e, a população MPA1-C1 e a variedade Catarina, as menores. Esse resultado foi semelhante ao observado para variável FM.

Na análise conjunta, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F_2 , RC_1F_2 e Catarina foram de 63,08, 66,92, 65,42 e 62,25 dias, respectivamente (Tabela 27). O CV foi de 2,23 %. A diferença entre tratamentos foi significativa ($p < 0,01$) pelo teste F. Dessa forma, a população MPA1-C1 e a variedade Catarina apresentaram as menores médias de dias para o florescimento feminino e as populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , as maiores. Diante disso, observa-se que o cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2 proporcionou nas populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , resultantes dessa combinação, aumento médio de dias na antese feminina.

Anderson & Chow (1963) relataram que a presença do gene *br2* atrasou o florescimento feminino das linhagens de milho convertidas para versões braquíticas, quando comparadas com as versões de porte normal. Possivelmente, a presença do gene *br2* nas populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , mesmo que em pequenas proporções de $\frac{1}{4}$ e $\frac{1}{16}$ de plantas homozigóticas para *br2*, pode ter contribuído para elevar a média de dias para FF dessas populações.

As estimativas médias de locais foram 62,31, 64,06 e 66,88 dias, em L1, L3 e L4, respectivamente (Tabela 27), sendo o teste F ($p < 0,01$) significativo entre elas (Figura 23). As médias do FF alcançadas no diferentes locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 26), onde todas diferenciaram entre si. L1 apresentou a menor média de dias para FF, seguido por L3 e, por último, com a maior média, L4. O efeito de IGA não foi significativo para essa variável fenológica (Figura 23).

3.3.2. Caracteres morfológicos

Altura média de espiga e de planta

Para a variável AME, o teste F foi significativo ($p < 0,05$) entre tratamentos, em L3 e L4 (Tabela 28). Em L3, a população RC_1F_2 obteve a maior média de altura média de espiga, a variedade Catarina, a menor e a populações MPA1-C1 e F_2 , intermediárias a elas. Em L4, as

populações MPA1-C1, F₂ e RC₁F₂ apresentaram as maiores médias de estatura de espiga. Em L1 e L2, ambos os locais sem apresentar significância pelo teste F, os tratamentos obtiveram médias correspondentes a 1,29 e 1,18 m, respectivamente (Tabela 28). Para a variável AMP, o teste F foi significativo ($p < 0,05$) para a diferença entre tratamentos, apenas em L3 (Tabela 29). Nesse local (Guaraciaba), as populações F₂ e RC₁F₂ apresentaram às maiores médias de estatura média de plantas e a variedade Catarina, a menor. Nos demais locais, onde as diferenças entre locais não foram significativas pelo teste F, as médias de altura de planta dos pelos tratamentos foram de 2,22, 2,19 e 2,30 em L1, L2 e L4, respectivamente (Tabela 29).

Para a obtenção de populações de milho de porte baixo, a introgressão de genes de grande efeito fenotípico, tal como o gene *br2*, tem se mostrado favorável (Rissi & Paterniani, 1981; Castiglioni, 1986; Zanette & Paterniani, 1992). No entanto, esse efeito não foi observado nas populações F₂ e RC₁F₂. Cabe salientar que se desconhece como o gene *br2* comporta-se em uma população, cuja base genética possui germoplasma crioulo. A população composta MPA1 original (MPA-C0) foi constituída por 12 variedades de porte elevado do Oeste de Santa Catarina (Kist et al. 2010).

Bandel (1987) relata que a presença do gene *br2* em condição homozigótica promove a redução da altura das plantas, sendo que as demais características, como aquelas que afetam a produtividade, tamanho de folhas e espigas, permanecem as mesmas. Provavelmente, a pequena proporção de 1/4 e 1/16 de plantas homozigóticas para o gene *br2* nas populações F₂ e RC₁F₂, respectivamente, podem ter sido responsáveis pela ausência de diferença estatística para a variável AMP entre as populações segregantes e população MPA1-C1. Por essa razão, na Tabela 43 são apresentados, em cada local de estudo, o limite inferior, limite superior e a amplitude da variável AMP para os tratamentos MPA1-C1, F₂, RC₁F₂ e da variedade Catarina.

Tabela 43: Altura média de planta: limite inferior, limite superior e amplitude (m) dos tratamentos MPA1-C1, F₂, RC₁F₂ e da variedade Catarina para os diferentes locais na safra 2012/2013.

Trat.	Florianópolis*				Anchieta*			
	L inf	L sup	Amp	Média	L inf	L sup	Amp	Média
MPA1C1	1,87	2,67	0,80	2,28	1,79	2,60	0,81	2,16
F ₂	1,35	2,68	1,33	2,22	1,79	2,73	0,94	2,25
RC ₁ F ₂	1,75	2,58	0,83	2,20	1,69	2,59	0,90	2,24
Catarina	1,80	2,54	0,74	2,16	1,72	2,57	0,85	2,09

Trat.	Guaraciaba*				N. Horizonte*			
	L inf	L sup	Amp	Média ¹	L inf	L sup	Amp	Média ¹
MPA1C1	1,76	2,56	0,80	2,11	1,86	3,05	1,19	2,40
F ₂	1,79	2,70	0,91	2,24	1,66	2,70	1,04	2,26
RC ₁ F ₂	1,64	2,73	1,09	2,23	1,79	2,82	1,03	2,39
Catarina	1,78	2,58	0,80	2,04	1,72	2,87	1,15	2,17

Trat.: Tratamentos; (1) Média de quatro repetições, exceto para Anchieta onde a média é proveniente de três repetições; *Dados retirados da Tabela 29. (L inf) Limite inferior; (L sup) Limite superior; (Amp) Amplitude.

Com base na Tabela 43, é possível observar que, de maneira geral, as populações segregantes F₂ e RC₁F₂ apresentam as maiores amplitudes para variável AMP. Essa observação indica que existe maior dispersão nas medidas de estatura de plantas. Conforme mencionado em Material e Métodos, cada experimento foi composto de quatro repetições por tratamento e para a mensuração das médias da variável AMP utilizou-se dez plantas por repetição, em um total de 40 plantas. Isto significa que eram esperadas em uma população perfeita sem erros de amostragem, aproximadamente 10 e 2,5 plantas braquíticas para as populações segregantes F₂ e RC₁F₂, respectivamente, ou seja, 1/4 e 1/16 de plantas em condição homozigótica para o gene *br2*. Provavelmente, o número de plantas com a estatura mensurada não tenha sido suficiente para diminuir a média dessas populações e, assim, não foram detectadas significância entre tratamentos pelo teste F. Nesse sentido, torna-se importante a comparação entre as amplitudes averiguadas no presente trabalho com aquelas encontradas com das três amostras de FMI da população MPA1-C0, as quais compõem a base genética da população MPA1-C1, o genitor recorrente utilizado nesse trabalho. Kist (2006) revelou amplitudes médias de 0,72, 0,56 e 0,52 m para três amostras de FMI aleatórias avaliadas. Diante disso, é possível inferir que o cruzamento entre a população MPA1-C1 com Piranão-VD2 gerou variabilidade para a característica AMP, demonstrada por meio das maiores amplitude das populações F₂ e RC₁F₂, sendo esta variabilidade, portanto, passível de seleção.

Na análise conjunta, para a variável AME, as estimativas das médias dos tratamentos MPA1-C1, F₂, RC₁F₂ e Catarina foram de 1,25, 1,29, 1,33 e 1,15 m, respectivamente (Tabela 28). O CV foi de 6,86 %. Os tratamentos apresentaram diferenças significativas ($p < 0,01$) pelo teste F (Figura 24). Dessa forma, a variedade Catarina apresentou a menor média de estatura de espiga, a população RC₁F₂, a maior, e as populações MPA1-C1 e F₂, intermediárias a elas. Para a variável AMP,

as estimativas das médias dos tratamentos, na mesma ordem anterior, foram de 2,24, 2,24, 2,27 e 2,12 m (Tabela 29), com CV de 4,79 %. O teste F foi significativo ($p < 0,01$) para detectar diferenças entre os tratamentos (Figura 25). Portanto, as populações de base genética MPA1, ou seja, C1, F₂ e RC₁F₂, obtiveram as maiores médias de estatura de planta e a variedade Catarina, a menor. Diante disso, na condição em que o experimento foi realizado, observa-se que o cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2 não proporcionou redução na altura média de planta, nas populações F₂ e RC₁F₂.

Castiglioni et al. (1991) avaliaram a AMP e AME, após introgressão do gene *br2*, em sete variedades de milho. As versões braquíticas e normais das variedades e, adicionalmente, as testemunhas foram avaliadas em quatro ensaios, nas safras de 1983/1984 e 1984/1985. Segundo esses autores, as reduções médias na altura de planta e de espiga, devidas a incorporação no gene *br2*, foram de 43,20 % e 56,65 %, respectivamente, não consistente para todos os genótipos, variando de 21,32 % a 54,94 % e de 38,60 % a 69,42 %, respectivamente.

Analisando os resultados obtidos pelas populações F₂ e RC₁F₂ e comparando-os com o genitor recorrente (população MPA1-C1), não foram obtidas reduções dessas variáveis. Zanette & Paterniani (1992), em ensaio que caracterizou dezoito populações de milho homocigotas para o gene *br2*, obtiveram altura média de planta de 1,63 m. As populações segregantes F₂ e RC₁F₂, ainda em etapas iniciais de conversão ao braquismo, alcançaram valores médios superiores aos encontrados por Zanette & Paterniani (1992).

Para a variável AME, as estimativas médias de locais foram 1,29, 1,18, 1,17 e 1,35 m (Tabela 28) e para variável AMP, corresponderam a 2,22, 2,19, 2,16 e 2,30 m (Tabela 29), em L1, L2, L3 e L4, respectivamente. Para ambas as variáveis, o teste F ($p < 0,01$) foi significativo para detectar diferenças entre tratamentos (Figura 24 e 25). De maneira geral, as médias de locais obtidas em L2 e L3 foram às menores, e em L1 e L4, as maiores (Tabela 28 e 29). Deste modo, as variáveis AME e AMP apresentaram distintos desempenhos nos diferentes ambientes em que foram avaliadas. O efeito de IGA não foi significativo para nenhuma das variáveis avaliadas nessa seção (Figura 24 e 25).

Posição relativa da espiga

Para a variável PRE, o teste F foi significativo ($p < 0,05$) para detectar diferenças entre tratamentos, em L2 e L4 (Tabela 30). Em L2, as populações F_2 e RC_1F_2 apresentaram as maiores médias e a variedade Catarina, a menor. Em L4, as populações de base genética MPA1, ou seja, C1, F_2 e RC_1F_2 , obtiveram as maiores médias e, novamente, a variedade Catarina, a menor. Em L1 e L3, os tratamentos não apresentaram diferenças significativas pelo teste F e, suas médias corresponderam a 0,58 e 0,54, respectivamente (Tabela 30).

Na análise conjunta, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F_2 , RC_1F_2 e Catarina foram de 0,55, 0,58, 0,59 e 0,54, respectivamente (Tabela 30). O CV foi de 3,42 % e, nessas condições, o teste F foi significativo ($p < 0,01$) para a detecção de diferenças entre os tratamentos avaliados (Figura 26). Dessa forma, a população MPA1-C1 e a variedade Catarina apresentaram as menores médias do quociente entre AME e AMP e as populações F_2 e RC_1F_2 , as maiores. Diante disso, observa-se que cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2 proporcionou às populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , resultantes dessa combinação, aumento na média da posição relativa da espiga.

A posição relativa média da espiga também foi alvo de estudo em variedades de milho, após a introgressão do gene *br2* (Castiglioni et al., 1991). Os autores relatam que o índice de posição relativa da espiga das versões braquíticas foi reduzido e representou, em média, 88,37 % do índice das versões de porte normal. Em nenhuma das populações estudadas pelos autores foi observado aumento desse índice. No presente trabalho, o aumento observado para a PRE, nas populações introgrididas pelo gene *br2*, possivelmente, pode estar relacionado com a proporção de $\frac{1}{4}$ e $\frac{1}{16}$ de plantas homozigóticas para o gene *br2* nas populações F_2 e RC_1F_2 , respectivamente, e ainda, após a conversão dessas populações ao braquistimo, tal efeito poderá ser manifestado tal como observado por Castiglioni et al. (1991). Outra hipótese para explicar esse aumento seria a ação de genes ligados ao *br2* (Castiglioni et al., 1991) que, quando transferidos ao *background* genético de MPA1-C1, podem influenciar em outras características. Zanette e Paterniani (1992) relatam posição relativa da espiga de 0,51 para plantas homozigóticas para o gene *br2*. Essa variável tem relação direta com o índice de tombamento e perdas de grãos na colheita. Segundo Li et al. (2007), a média elevada para a posição relativa da espiga é um fator de grande contribuição para que ocorra o tombamento e quanto mais alta estiver essa relação, mais suscetível a planta está ao tombamento. As

populações segregantes F_2 e RC_1F_2 alcançaram valores médios superiores aos observados por Zanette & Paterniani (1992).

As estimativas médias de locais foram 0,58, 0,54, 0,54 e 0,59, em L1, L2, L3 e L4, respectivamente (Tabela 30), sendo as diferenças significativas ($p < 0,05$) pelo teste F (Figura 26). As médias da PRE nos diferentes locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 31), onde as médias de locais em L2 e L3 foram as menores, e em L1 e L4, as maiores. O ambiente possibilitou modificações no desempenho da variável PRE, nos distintos locais em que foi avaliada. O efeito da IGA foi significativo para variável PRE ($p < 0,01$) (Figura 26).

Comprimento médio de pendão e número médio de ramificações

Para a variável CPR, as diferenças foram significativas ($p < 0,05$) pelo teste F apenas em L4 (Tabela 32). Nesse local (Novo Horizonte), a população MPA1-C1, apresentou a maior média de comprimento de pendão, a variedade Catarina, a menor, e as populações F_2 e RC_1F_2 , intermediárias a elas. Nos demais locais, todos sem apresentar diferenças significativas pelo teste F, a média de local para o comprimento de pendão foi de 0,39, 0,42 e 0,39 m, em L1, L2 e L3, respectivamente. Para a variável NRP, o teste F não detectou diferenças significativas entre tratamentos, em nenhum dos locais de estudo (Tabela 33). A média de local para o número médio de ramificações de pendão, em L1, L2, L3 e L4, foi de 17,90, 17,74, 16,86 e 18,81, nessa ordem (Tabela 33).

Na análise conjunta, para variável CPR, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F_2 , RC_1F_2 e Catarina foram de 0,40, 0,38, 0,39 e 0,36 m, respectivamente (Tabela 32). O CV foi de 9,77 % e, nessas condições, o teste F foi significativo ($p < 0,01$) para detectar diferenças significativas entre os tratamentos (Figura 28), onde a população MPA1-C1, apresentou a maior média de comprimento de pendão, a variedade Catarina, a menor, e as populações F_2 e RC_1F_2 , intermediárias a elas (Tabela 32). Para a variável NRP, na análise conjunta, o teste F não detectou significância entre os tratamentos avaliados (Tabela 33). Portanto, a média geral obtida pelos tratamentos foi de 17,84 ramificações de pendão, com CV de 13,51 % (Tabela 33). Com esses resultados pode-se afirmar que o cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2 proporcionou às populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , uma leve diminuição no comprimento do pendão dessas populações. No entanto, o número médio de ramificações secundárias de pendão não foi alterado.

No trabalho realizado por Zanette & Paterniani (1992), os autores avaliaram o número de ramificações de pendão das populações homozigóticas para o gene *br2*. A média observada pelas populações braquíticas foi de 17,7 ramificações. Os autores ainda descrevem que o caráter NRP apresentou correlação significativa e positiva com a produtividade de grãos. Essa constatação indica que existe uma tendência para o aumento do rendimento de grãos quanto maior o número de ramificações de pendões das populações braquíticas avaliadas pelos autores (Zanette & Paterniani, 1992). Os valores do NRP encontrado no trabalho de Zanette e Paterniani (1992) foram semelhantes aos observados no presente estudo (17,84).

O comprimento de pendão é apontado por Zanette e Paterniani (1992) como um caráter relacionado com a eficiência produtiva da planta de milho. Segundo os autores, o elevado comprimento dessa estrutura tende a agir negativamente na produção de grãos das populações braquíticas. Em populações de milho de porte normal, essa constatação também foi averiguada (Geraldi et al., 1985; Sabadin, 2008). No presente trabalho, o CPR apresentado pelas populações introgrididas pelo *background* genético braquítico proveniente de Piranão VD-2 foi de 0,39 m, sendo está medida menor que ao genitor recorrente (MPA1-C1).

As estimativas das médias de locais para a variável CPR foram de 0,39, 0,42, 0,39 e 0,36 m, em L1, L2, L3 e L4, respectivamente (Tabela 32), sendo que as diferenças entre elas foram significativas ($p < 0,04$) pelo teste F (Figura 28). As médias de CPR nos diferentes locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 32), onde L4 apresentou a menor média de comprimento e L1, a maior, e L2 e L3, intermediárias a elas. Diante disso, conclui-se que a variável CPR foi passível de modificações pelo ambiente. Para a variável NRP, o teste de Fischer não detectou significância entre locais (Figura 29), sendo que a média geral obtida pelos locais foi de 17,84 ramificações de pendão (Tabela 33). Essa variável comportou-se de modo similar nos locais de estudo. O efeito de IGA não foi significativo (Figura 28 e 29) para ambas variáveis apresentadas nessa seção.

Diâmetro médio de colmo

Para a variável DMC, as diferenças entre tratamentos foram significativas ($p < 0,05$) pelo teste F, em L3 e L4 (Tabela 31). Em L3, a população MPA1-C1 apresentou a maior média de espessura de colmo e a população segregante RC_1F_2 , a menor. Em L4, novamente a população

MPA1-C1 obteve a maior média. No entanto, dessa vez, ambas as populações segregantes apresentaram as menores médias.

Na análise conjunta, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F₂, RC₁F₂ e Catarina foram de 1,54, 1,41, 1,37 e 1,46 cm, respectivamente (Tabela 31) com CV de 7,11 %. As diferenças entre tratamentos foram significativas ($p < 0,01$) pelo teste F (Figura 27), nessas condições. A população MPA1-C1 alcançou a maior média de espessura de colmo e as populações F₂ e RC₁F₂, as menores. Diante disso, observa-se que o cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2 proporcionou às populações segregantes F₂ e RC₁F₂, reduções no diâmetro médio dessa estrutura.

O diâmetro de colmo das plantas braquíticas tende a apresentar maior espessura quando comparado com plantas do genótipo recorrente de porte normal (Anderson e Crow, 1963). O engrossamento dessa estrutura está associado ao encurtamento dos internódios das plantas de porte baixo (Castiglioni, 1986). Todavia, apesar dessa variável ser uma característica normalmente manifestada em populações braquíticas, esse atributo não foi observado nas populações segregantes F₂ e RC₁F₂. Possivelmente, a baixa proporção de plantas em condição homozigótica para o gene *br2* nas populações mencionadas pode ter relação com esse resultado. Por isso, a medida que essas populações introgrididas por tal gene avançarem nas próximas etapas do programa de melhoramento genético de conversão ao braquitismo, o incremento dessa variável poderá ser observado, conforme relatado por Castiglioni (1986). Além disso, no processo de conversão ao braquitismo é desconhecido o efeito da introgressão de genes ligados ao *br2* e, possivelmente, de outros genes pertencentes ao *background* genético braquítico que podem ser incluídos em populações em processo de conversão, alterando o comportamento dessas estruturas nessas populações (Castiglioni et al., 1991).

As estimativas das médias de locais foram 1,19, 1,67, 1,56, 1,41 cm, em L1, L2, L3 e L4, respectivamente (Tabela 31), sendo as diferenças entre elas significativas ($p < 0,01$) pelo teste F (Figura 27). As médias do DMC alcançadas no diferentes locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 31), onde todas médias de locais diferenciaram-se entre si. Conclui-se que a variável DMC foi passível de modificações pelo ambiente. O efeito de IGA não foi significativo para essa variável (Figura 27).

Quantidade de raízes adventícias

Para variável QRA, os tratamentos apresentaram diferenças significativas ($p < 0,05$) pelo teste F, em L1 (Tabela 34). Em Florianópolis, a população MPA1-C1 e a população RC₁F₂ apresentaram as maiores quantidades de raízes adventícias e a variedade Catarina, a menor. Em L2, L3 e L4, as diferenças entre tratamentos não foram significativas pelo teste F (Tabela 34).

Na análise conjunta, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F₂, RC₁F₂ e Catarina foram de 19,22, 17,11, 16,89 e 14,63 raízes adventícias, respectivamente (Tabela 34). O CV foi de 17,72 % e o teste F foi significativo ($p < 0,01$) entre os tratamentos avaliados. Assim, a população MPA1-C1 apresentou a maior média, a variedade Catarina, a menor e as populações segregantes F₂ e RC₁F₂, intermediárias a elas. Diante disso, observa-se que o cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2 não promoveu alterações no número de raízes adventícias das populações F₂ e RC₁F₂, resultantes dessa combinação.

A literatura consultada não dispõe de informações que envolvam a variável QRA e as possíveis alterações no processo de introgressão do gene *br2* em populações de milho. Segundo Magalhães & Silva (1987), as raízes adventícias representam um importante caráter estrutural que confere suporte às plantas. No entanto, devido às baixas percentuais de tombamento de plantas braquíticas (Zanette & Paterniani, 1992), essa variável não foi alvo de estudos. Relacionada com essa variável, Campbell (1965) descreve que os milhos braquíticos apresentam o sistema radicular mais desenvolvido, quando comparados aos milhos de porte normal. Segundo o autor, em condições de *déficit* hídrico, aparentemente, os milhos braquíticos possuem maior resistência à seca.

As estimativas das médias de locais foram 13,82, 17,34, 23,44 e 13,35 raízes adventícias, em L1, L2, L3 e L4, respectivamente (Tabela 34), sendo as diferenças entre elas significativas ($p < 0,01$) pelo teste F (Figura 30). As médias de QRA alcançadas nos diferentes locais foram separadas pelo teste de Tukey (Tabela 31), onde L1 e L4 apresentaram as menores médias, L3, a maior, e L2, intermediária a elas. A variável QRA foi passível de modificações, segundo o ambiente na qual foi avaliada. Apesar de serem detectadas diferenças significativas pelo teste F entre tratamentos e locais, o efeito de IGA não foi significativo para essa variável (Figura 30).

3.3.3. Caracteres agrônômicos pré-colheita **Prolificidade**

Para variável PR, o teste F não detectou diferenças significativas entre tratamentos, em nenhum dos locais de estudo (Tabela 35).

Na análise conjunta, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F₂, RC₁F₂ e Catarina foram 0,99, 0,98, 1,00 e 0,94, respectivamente (Tabela 35). O CV foi de 11,07 % e os tratamentos não apresentaram diferenças significativas pelo teste F (Figura 31). Diante disso, observa-se que o cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2 não proporcionou alterações no número médio de espigas plantas⁻¹ das populações F₂ e RC₁F₂ resultantes dessa combinação.

O número de espiga planta⁻¹ foi outro caráter mensurado por Zanette & Paterniani (1992), em populações homozigóticas para o gene *br2*. Os autores relatam índice médio para PR de 0,98. Segovia-Segovia (1983) realizaram quatro ciclos de seleção para prolificidade em milho Piranão. O índice de espigas plantas⁻¹ aumentou de 0,95 no ciclo inicial para 1,06, no quarto ciclo. Isto significa um incremento de 9,9 % para PR sobre a população inicial. Aumentar a PR das populações introgrididas pelo gene *br2* torna-se desejável, pois essa variável possui, muitas vezes, correlação significativa e positiva com produtividade de grãos (Arias et al., 1999; Lima Neto & Souza Jr, 2009).

A densidade de plantas utilizadas para avaliar as características pré-colheita, nos experimentos realizados por Zanette e Paterniani (1992), foi de 55.000 plantas ha⁻¹ e a aplicada no presente trabalho, 50.000 plantas ha⁻¹. Em presença de densidade de plantas similares, torna-se possível comparar e concluir que os resultados observados pelos autores são semelhantes aos obtidos no presente trabalho, tanto para as populações introgrididas pelo gene *br2*, em processo de conversão ao braquitismo, como para o genitor recorrente, a população MPA1-C1. Segundo Silva et al. (1999), diferentes densidades de plantas podem alterar o número de espigas plantas⁻¹ e maiores valores para o índice de PR são encontradas em baixas densidades. Conforme Balbinot Jr et al. (2007), concordando com os autores anteriores, populações de polinização aberta de milho alcançam bons índices de PR e PROD sobre baixas densidades, em torno de 50.000 plantas ha⁻¹.

As estimativas médias de locais foram de 0,96, 1,09, 0,96 e 0,92 espigas plantas⁻¹, em L1, L2, L3 e L4, respectivamente, (Tabela 35), e as diferenças entre elas foram significativas ($p < 0,01$) pelo teste F (Figura 31). As médias do PR alcançadas no diferentes locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 35), onde L2 apresentou os maiores índices de PR e L1, L3 e L4, os menores. O ambiente possibilitou modificações no

desempenho da variável PR, nos distintos locais. O efeito de IGA não apresentou diferença significativa para essa variável (Figura 31).

Plantas tombadas

Para a variável PT, o teste F foi significativo ($p < 0,05$) para detectar diferenças entre tratamentos, apenas em L3 (Tabela 36). Nesse local (Guaraciaba), as populações F_2 e RC_1F_2 apresentaram as maiores médias de plantas tombadas e a variedade Catarina, a menor. Em L4, local onde as diferenças entre tratamentos não foram significativas pelo teste F, os tratamentos obtiveram médias correspondentes a 20,75 % de plantas tombadas (Tabela 36).

Na análise conjunta, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F_2 , RC_1F_2 e Catarina foram de 14,51, 19,70, 23,90 e 10,46 %, respectivamente (Tabela 36). O CV foi de 29,64 %, indicando que essa variável foi fortemente influenciada pelo ambiente. O teste F foi significativo ($p < 0,05$) para detectar diferenças entre os tratamentos avaliados (Figura 32). As populações F_2 e RC_1F_2 apresentaram às maiores médias de plantas tombadas e a variedade Catarina, a menor. Contudo, as médias observadas entre as populações segregantes e do genitor recorrente, a população MPA1-C1, não diferenciaram estatisticamente entre si (Tabela 36) e, por isso, observa-se que cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2, não proporcionou alteração na média do percentual de plantas tombadas, nas populações segregantes resultantes dessa combinação.

A redução percentual de plantas tombadas é um dos principais objetivos para se introduzir o gene *br2* em populações de milho (Rissi & Paterniani, 1981; Castiglioni et al., 1991; Zanette & Paterniani, 1992). O tombamento de plantas possui estreita ligação com os caracteres morfológicos altura de planta, posição relativa da espiga, quantidade de raízes adventícias e diâmetro médio de colmo. Em virtude da introgressão do gene *br2* favorecer a diminuição da altura média de planta e a posição relativa da espiga, assim como de elevação do diâmetro de colmo, em plantas homozigóticas para esse gene (Rissi & Paterniani, 1981; Castiglioni et al., 1991; Zanette & Paterniani, 1992), eram esperados menores índices de tombamento nas populações F_2 e RC_1F_2 introgridas para o braquitismo. Todavia, esse resultado não foi observado. Uma explicação para essa observação pode ser a proporção $\frac{1}{4}$ e $\frac{1}{16}$ de plantas em condição de homozigose nas populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , respectivamente. Além disso, as populações segregantes apresentaram as menores médias de diâmetro de colmo e maiores médias de posição relativa da espiga, características que

contribuem para elevar os valores percentuais de tombamentos. No entanto, a medida que essas populações introgrididas por tal gene avançarem nas próximas etapas do programa de melhoramento genético de conversão ao braquítismo, a redução dessa variável poderá ser observado, conforme relatado por Rissi & Paterniani (1981), Castiglioni et al. (1991) e Zanette & Paterniani (1992).

Em experimentos realizados nas safras de 1983/1984 e 1984/1985 em Viçosa e Coimbra, Minas Gerias, Castiglioni et al. (1991) relataram em populações de milho versões braquíticas, reduções no percentual de plantas quebradas de 75,80 % e 74,04 % e reduções de plantas acamadas de 37,31 % e 62,77 %, nessa ordem por locais, em comparação com suas respectivas versões de porte normal. Os autores atribuem à redução da percentagem de plantas quebradas e acamadas devido à diminuição média na altura média de planta e de posição relativa da espiga realizadas nas plantas braquíticas. Zanette & Paterniani (1992) avaliando populações homozigóticas para o gene *br2*, obtiveram percentual de plantas acamadas e quebradas, em torno de 8,0 %, para cada variável. Conforme exposto em Material e Métodos, o presente trabalho agrupou os caracteres plantas acamadas e quebradas, dentro de uma mesma variável, plantas tombadas. Os resultados para variável PT encontrados nesse estudo são de magnitudes semelhantes aos observados por Zanette & Paterniani (1992).

As estimativas das médias de locais foram de 13,54 e 20,75 % de plantas tombadas, em L3 e L4, respectivamente (Tabela 36), sendo o teste F ($p < 0,01$) significativo para detectar diferenças entre elas (Figura 32). As médias de PT alcançadas no diferentes locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 36), onde L3 apresentou a menor média e L4, a maior. A variável PT foi passível de modificações pelo ambiente onde foi avaliada. O efeito de IGA não foi significativo para variável PT (Figura 32).

3.3.4. Caracteres agronômicos pós-colheita

Número médio de fileiras de grãos por espigas e número médio de grãos por fileira

Para a variável NFG, as diferenças foram significativas entre tratamentos pelo teste F ($p < 0,05$), em L3 e L4 (Tabela 37). Em L3, a população segregante F_2 apresentou a menor média de fileiras de grãos espigas⁻¹ e a população MPA1-C1, a maior. Em L4, a população F_2 e a variedade Catarina obtiveram as menores médias e, a população MPA1-C1, novamente, a maior. Nos demais locais, todos sem apresentar diferenças significativas entre tratamentos pelo teste F, a média de

fileiras de grão espigas⁻¹ alcançada pelos tratamentos foi de 13,15 e 13,93, em L1 e L2, respectivamente (Tabela 37).

Para a variável NGF, o teste F foi significativo ($p < 0,05$) para detectar diferenças entre tratamentos, apenas em L1 (Tabela 38). Nesse local (Florianópolis), as populações F₂ e RC₁F₂, alcançaram as menores médias de grãos fileiras⁻¹ e a população MPA1-C1, a maior. Em L2, L3 e L4, as diferenças entre tratamentos não foram significativas pelo teste F (Tabela 38).

Na análise conjunta dos quatro experimentos, para a variável NFG, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F₂, RC₁F₂ e Catarina foram de 14,08, 12,91, 13,56 e 13,61 fileiras de grão espigas⁻¹, respectivamente (Tabela 37) e o CV foi de 4,54 %. Nessas condições, as diferenças entre tratamentos foram significativas pelo teste F ($p < 0,01$) (Figura 33). As populações MPA1-C1, RC₁F₂ e a variedade Catarina apresentaram as maiores médias de fileiras de grão espigas⁻¹ e a população F₂, a menor (Tabela 37). Para a variável NGF, na análise conjunta, as diferenças entre tratamentos também foram significativas pelo teste F ($p < 0,03$) (Figura 34). Assim, a população MPA1-C1 teve a maior média de grãos fileiras⁻¹ (34,91), a população F₂ e a variedade Catarina, as menores (32,32 e 32,73, nessa ordem) e a população RC₁F₂, intermediária a elas (33,32). O CV% encontrado para essa variável foi de 6,53 % (Tabela 38). A partir desses resultados, pode-se afirmar que o cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2 proporcionou redução no número médio de fileiras de grãos por espigas e número médio de grãos por fileira da população segregante F₂. No entanto, para a população segregante RC₁F₂, as médias dessas variáveis foram restabelecidas a valores próximos daqueles obtidos pelo genitor recorrente (população MPA1-C1).

Zanette & Paterniani (1992) conduziram experimentos para avaliar características agrônomicas pós-colheita de plantas de porte baixo, homocigóticas para o gene *br2*. Os autores revelaram o valor médio de 12,95 fileiras de grãos espigas⁻¹ para as populações analisadas. No presente trabalho, considerando que a população segregante F₂ possui maior proporção de plantas homocigóticas para o gene *br2*, os resultados obtidos (12,91 fileiras de grãos espigas⁻¹) são consistentes com os valores observados por Zanette & Paterniani (1992). Todavia, a população segregante RC₁F₂, também introgridida pelo gene *br2*, apresentou resultados superiores (13,56) aqueles encontrados pelos últimos autores. Esta constatação poderia ser explicada pela recuperação em 75 % do genitor recorrente nessa população.

Na literatura consultada, não foram obtidas informações sobre a variável NGF, em populações homozigóticas para o gene *br2*. No entanto, esta variável demonstrou um resultado satisfatório no presente trabalho, sobretudo, na população segregante RC_1F_2 . Essa população, que possui apenas 75 % dos genes recuperados do seu genitor recorrente (MPA1-C1), apresentou média de grãos fileiras⁻¹ igual à população MPA1-C1. Elevar as médias de NGF é desejável visto que este foi o componente de rendimento mais importante para PROD, em variedades de polinização aberta procedentes do Oeste de Estado (Balbinot Jr et al., 2004).

As estimativas médias de locais para a variável NFG foram de 13,15, 13,93, 13,48 e 13,70 fileiras de grão espigas⁻¹, em L1, L2, L3 e L4, respectivamente (Tabela 37), sendo que as diferenças entre elas foram significativas pelo teste F ($p < 0,01$) (Figura 33). As médias de NFG alcançadas no diferentes locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 32), onde L2 apresentou a maior média, L1 a menor, e L3 e L4, intermediárias a elas. Para a variável NGF, o teste F também detectou diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as médias de locais (Figura 34). Assim, L4 obteve a menor média (30,15 grãos fileiras⁻¹) e L1, L2 e L3, as maiores médias (34,46, 35,73, 33,55 grãos fileiras⁻¹, respectivamente) (Tabela 38). O efeito de IGA não foi significativo (Figura 33 e 34) para ambas variáveis apresentadas nessa seção.

Peso de mil grãos

Para a variável PMG, as diferenças entre tratamentos foram significativas pelo teste F ($p < 0,05$), em L1 e L3 (Tabela 39). Em L1, as populações F_2 e RC_1F_2 apresentaram as menores médias de peso de mil grãos (g), e a variedade Catarina, a maior. Em L3, a população RC_1F_2 obteve a menor média e a variedade Catarina, novamente, a maior. Os locais L2 e L4 apresentaram médias gerais de 346,93 e 282,14 g, respectivamente (Tabela 39).

Na análise conjunta, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F_2 , RC_1F_2 e Catarina foram de 317,99, 307,77, 295,26 e 343,94 g, respectivamente (Tabela 39) e o CV% foi de 8,17 %. Nessas condições, o teste F detectou diferenças significativas entre tratamentos ($p < 0,01$) (Figura 35). Dessa forma, as populações de base genética MPA1, ou seja, C1, F_2 e RC_1F_2 , apresentaram as menores médias de peso de mil grãos (g) e a variedade Catarina, a maior. Diante disso, observa-se que o cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2 não alterou o peso médio de mil grãos, nas populações segregantes F_2 e RC_1F_2 resultantes dessa combinação.

Castiglioni et al. (1991) avaliou o efeito da introgressão do gene *br2* na massa do grão, em variedades de milho. As versões braquíticas e de porte normal das variedades foram avaliadas nas safras de 1983/1984 e 1984/1985. Para esta variável, os autores observaram uma tendência de aumento do peso dos grãos das versões braquíticas, cuja média foi 10,84 % acima da média das versões normais. No presente trabalho, a média de PMG das populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , as quais tiveram a introgressão do gene *br2*, não apresentaram diferenças estatísticas do genitor recorrente, a população MPA1-C1 (Tabela 39). O peso dos grãos é um dos importantes componentes de rendimento para a produtividade da cultura (Ottaviano & Camussi, 1981; Carvalho et al., 2001; Mohammadi et al., 2003; Balbinot Jr et al., 2005) e, portanto, elevar a média desse componente é uma condição desejável. Todavia, a medida que essas populações introgrididas pelo gene *br2* avancem nas próximas etapas do programa de melhoramento genético de conversão ao braquitismo, o incremento dessa variável poderá ser observado, tal qual relatado por Castiglioni (1991).

As estimativas das médias de locais foram de 335,36, 346,93, 306,75 e 282,14 g, em L1, L2, L3 e L4, respectivamente (Tabela 39), sendo que as diferenças foram significativas pelo teste F ($p < 0,01$) (Figura 35). As médias do PMG, alcançadas nos diferentes locais, foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 39), onde L1 e L2 apresentaram as maiores médias de peso de mil grãos (g), e L3 e L4, as menores. A variável PMG foi passível de alterações provocadas pela mudança de ambiente, conforme observado na média geral dos experimentos. Porém, os efeitos de IGA não foram significativos para essa variável (Figura 35).

Diâmetro e comprimento médio de espiga

Para ambas as variáveis, DME e CME, o teste F detectou diferenças significativas entre tratamentos ($p < 0,05$), apenas em L1 (Tabela 40 e 41, nessa ordem). Nesse local (Florianópolis), a população MPA1-C1 apresentou a maior média de diâmetro e de comprimento de espiga. A menor média para DME foi estimada para a população F_2 (Tabela 40) e, para CME, foi estimada para a população RC_1F_2 (Tabela 41). Nos demais locais, ou seja, L2, L3 e L4, as médias gerais do diâmetro de espigas foram de 4,59, 4,82, 4,54 e 4,73 cm, respectivamente (Tabela 40). Para CME, na mesma ordem anterior de locais, as médias gerais do comprimento médio de espigas foram 16,59, 17,31, 17,02 e 16,47 cm, nessa ordem (Tabela 41).

Na análise conjunta, para a variável DME, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F₂, RC₁F₂ e Catarina foram de 4,81, 4,48, 4,64 e 4,72 cm, respectivamente, com CV% de 4,27 % (Tabela 40). As diferenças entre tratamentos foram significativas pelo teste F ($p < 0,01$) (Figura 36). Dessa forma, a população MPA1-C1 e a variedade Catarina apresentaram as maiores médias de diâmetro de espigas e a população F₂, a menor (Tabela 40). Para a variável CME, na análise conjunta, o teste F também detectou diferenças significativas entre os tratamentos (Figura 37). Na mesma ordem anterior, os tratamentos obtiveram médias correspondentes a 16,85, 16,20 15,75 e 17,07 cm, respectivamente, com CV% de 5,63 % (Tabela 41). A população MPA1-C1 e a variedade Catarina obtiveram as maiores médias de comprimento de espiga e a população RC₁F₂, a menor (Tabela 41). Com esses resultados pode-se afirmar que o cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Pirão-VD2 proporcionou uma leve diminuição no diâmetro e comprimento das espigas populações segregantes F₂ e RC₁F₂, resultantes dessa combinação.

A literatura consultada disponibiliza informações insuficientes para as variáveis DME e CME e as possíveis alterações no processo de introgressão do gene *br2*, em populações de milho. Bandel (1987) relata que o tamanho das espigas não é alterado em populações que possuem o gene *br2*, pois o principal efeito do gene é promover o encurtamento dos internódios e, por isso, a redução ocorre na estatura das plantas. Todavia, observou-se que a introgressão do gene *br2* provocou uma ligeira diminuição no diâmetro e comprimento médio das espigas das populações segregantes F₂ e RC₁F₂. Fazer o uso da seleção de plantas nas populações introgrididas pelo gene *br2* ou a maior recuperação do genitor recorrente, parecem ser boas estratégias para elevar as médias de DME e CME dessas populações (Castiglioni et al., 1991).

As estimativas médias de locais para as variáveis DME (Tabela 40) e CME (Tabela 41) foram apresentadas no início dessa seção. O teste F ($p < 0,05$) detectou diferenças significativas entre as médias de locais para ambas as variáveis (Figura 36 e 37, nessa ordem). As médias de DME alcançadas nos diferentes locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 40), onde L1 e L3 apresentaram as menores médias de diâmetro e L2, a maior. Para variável CME, L4 obteve a menor média de comprimento separando-se dos demais locais (Tabela 41). O efeito de IGA não foi significativo (Figura 36 e 37) para as ambas variáveis apresentadas nessa seção.

Produtividade

Para variável PROD, o teste F não detectou significância entre tratamentos em nenhum dos locais avaliados (Tabela 42). A média geral dos experimentos por local foi de 6,10, 7,01, 5,14 e 3,98 t ha⁻¹ em L1, L2, L3 e L4, respectivamente.

Na análise conjunta, as estimativas médias dos tratamentos MPA1-C1, F₂, RC₁F₂ e Catarina foram de 5,67, 4,87, 5,26 e 6,07 t ha⁻¹, respectivamente (Tabela 42) e o CV% foi de 17,90 %. Nessas condições, o teste F foi significativo ($p < 0,01$) entre os tratamentos (Figura 38). Assim, a população F₂ obteve a menor média, a variedade Catarina, a maior, e as populações MPA1-C1 e RC₁F₂, intermediárias a elas. Com a análise desses resultados pode-se afirmar que o cruzamento entre a população MPA1-C1 com a variedade Piranão-VD2 proporcionou redução na produtividade média de grãos da população segregante F₂. No entanto, para a população RC₁F₂, que teve maior percentagem do genitor recorrente recuperado (75 %), os valores médios de produtividade de grãos foram restabelecidos nessa população.

Castiglioni et al. (1991) avaliaram o rendimento de grãos de sete variedades de milho convertidas ao braquismo por meio da introgressão do gene *br2*. As versões braquíticas e de porte normal das variedades e, adicionalmente, as testemunhas foram avaliadas em quatro ensaios, nas safras de 1983/1984 e 1984/1985. Em comparação com as versões normais, a produção de grãos das versões braquíticas não foi satisfatória, com a redução média de 30,42 %. No entanto, entre as variedades avaliadas, houve discrepâncias nos resultados observados. Os autores citam que as versões braquíticas de algumas populações, superaram a produtividade média de grãos das versões de porte normal. Esse resultado foi observado com as versões braquíticas de Catete e Antigua Grupo-2. Por outro lado, a produtividade de grãos das populações braquíticas derivadas de Composto Dente e Composto Flint produziram 62,52 e 74,41 % das versões de porte normal.

Para Castiglioni et al. (1991), o resultado observado na produtividade de grãos das versões braquíticas pode ser explicado por diversos fatores. A densidade de plantas utilizada com as variedades de versões braquíticas, igual ao das versões de porte normal, parece não ser mais adequada. Nessa situação, os milhos braquíticos ficaram em desvantagem em comparação com os milhos de porte normal. Outra explicação pode ter sido o tamanho populacional não representativo da amostra de cada população em que foi introduzido o gene *br2*, o que deve gerar efeitos de endogamia. Além disso, as versões braquíticas das variedades em questão foram avaliadas sem passar por seleção após a introgressão do gene *br2*. Todavia, os autores sugerem que à medida que

as versões braquíticas passarem por processo de seleção de plantas para incremento da produtividade média de grãos, essas populações poderão apresentar produtividade média semelhantes às versões de porte normal.

Em trabalhos realizados por Leng (1957), foram registrados reduções de 8 a 20 % na produtividade de grãos de híbridos braquíticos, quando comparados com as versões de porte normal. As causas, segundo o autor, seriam a recuperação incompleta do genótipo parental recorrente, pouca oportunidade de seleção para capacidade geral de combinação, a altura de planta e o ataque de roedores. Resultados insatisfatórios com milhos braquíticos também foram relatados por Campbell (1965). Para esse autor, a falta de sucesso deve-se ao número insuficiente de retrocruzamentos e ao cultivo dessas variedades braquíticas, cuja altura de planta não era um problema. A produtividade de grãos obtida por milhos de porte baixo devido ao gene *br2* foi apresentada por Paterniani (1980 e 1982), onde em ambos os trabalhos, os milhos de porte baixo apresentaram desempenho produtivo de grãos semelhantes ao dos híbridos de uso comerciais disponíveis na época.

A conversão ao braquitismo por meio da introgressão do gene *br2* na população MPA1-C1 encontra-se nas etapas iniciais. Até o momento, foram obtidas as populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , as quais contêm 50 % e 75 % dos genes do genitor recorrente. Para o caráter rendimento médio de grãos, observou-se que as populações de base genética MPA1, ou seja, C1, F_2 e RC_1F_2 , não apresentaram diferenças significativas entre essas médias. No entanto, as populações RC_1F_2 e MPA1-C1 não diferiram significativamente com a variedade utilizada como testemunha, cuja média de produtividade foi superior (Tabela 42). O resultado observado é satisfatório, sobretudo, na população RC_1F_2 . Leng (1957) e Campbell (1965), para obterem a produtividade de grãos das populações convertidas ao braquitismo similares àquelas de porte normal, recomendavam maiores números de retrocruzamentos para a recuperação quase que por completa do parental recorrente. No entanto, no presente estudo, foi possível restabelecer o rendimento médio de grãos da população recorrente com apenas 75 % do genótipo parental.

Na safra dessa pesquisa (2012/2013), a média de rendimento de grãos do Estado de Santa Catarina foi de 6,85 t ha⁻¹ (CONAB, 2013) e, merecendo destaque, a média obtida pelas populações derivadas de MPA1, ou seja, C1, F_2 e RC_1F_2 , foi de 5,26 t ha⁻¹. A produtividade média de grãos alcançada por essas populações indicam elevado potencial para programas cíclicos de seleção recorrente. Nesse sentido, em especial, a população RC_1F_2 parece ser uma boa alternativa para obtenção de uma população de milho de porte baixo mais produtiva e

adaptada para os distintos agroecossistemas do Oeste catarinense. Esta população possui 75% do genótipo parental recorrente recuperado, adaptado aos diferentes agroecossistemas do Oeste de Santa Catarina e, ainda, possibilidade de seleção de plantas braquíticas devida à introgressão do gene *br2*. Conforme Castiglioni et al. (1991), as populações introgridas pelo gene *br2*, mediante seleção de plantas para incremento no rendimento de grãos, podem alcançar produtividade semelhante ou superior ao parental recorrente.

As estimativas das médias de locais foram apresentadas no início dessa seção (Tabela 42). As diferenças entre as médias de locais foram significativas ($p < 0,01$) pelo teste F (Figura 38). As médias de PROD alcançadas nos diferentes locais foram separadas pelo teste Tukey (Tabela 39), onde L2 (7,01 t ha⁻¹) apresentou as maiores médias de produtividade de grãos, L3 (5,14 t ha⁻¹) e L4 (3,98 t ha⁻¹), as menores, e L1 (6,10 t ha⁻¹), intermediária a elas. As diferenças para o efeito de IGA não foi significativo pelo teste F (Figura 38). A ausência de significância para a IGA é satisfatória, visto que as populações segregantes F₂ e RC₁F₂ possuem 50 e 25 % de germoplasma exótica à região, respectivamente, proveniente de Piranão VD-2.

3.4. Interação genótipo x ambiente

A maior parte das variáveis avaliadas nesse trabalho, com exceção de PRE, mostrou ausência de diferenças significativas associadas ao efeito da IGA. Os ambientes dinâmicos em que os genótipos se desenvolvem, sujeitos a constantes variações climáticas que ocorrem durante o todo o ciclo da cultura, podem causar um comportamento diferenciado dos mesmos, em resposta a essas alterações (Zhakote et al., 1989; Cruz & Regazzi, 1994). Possivelmente, fatores fisiológicos e biológicos do próprio genótipo devem estar relacionados às distintas respostas ao meio em que são avaliados (Cruz & Carneiro, 2003; Cruz & Regazzi, 2004).

A população composta de milho MPA1-C0, da qual se originou a população MPA1-C1 via seleção recorrente pelo esquema convergente-divergente, foi constituída pelo cruzamento de 30 populações. Esse procedimento garante que a população MPA1-C0 possui ampla base genética (Kist et al., 2010). O método de melhoramento pelo esquema de SRCDFMI utilizado para o melhoramento da população MPA1-C1 aplicou branda intensidade de seleção, nos dois primeiros ciclos. Por outro lado, permitiu explorar as vantagens advindas da recombinação conjunta das famílias selecionadas e mais adaptadas de cada local (Kist et al., 2010). Cardoso et al. (2007), Alves et al. (2006) e Carvalho et al.

(2000a) indicam que cultivares de ampla base genética são mais adaptadas e estáveis do que aquelas de estreita base genética.

O presente trabalho evidencia, por meio da ausência de efeitos significativos de IGA para a maioria das variáveis avaliadas, que a variabilidade genética foi mantida na população MPA1-C1. Além disso, a presença do *background* genético MPA1-C1 em percentagem de 50 e 75 % nas populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , respectivamente, garantiram adaptabilidade dessas populações mesmo com o cruzamento que introduziu germoplasma exótico as condições ambientais e de cultivo do Oeste catarinense, proveniente de Piranão-VD2.

A boa adaptabilidade alcançada pelas populações F_2 e RC_1F_2 , nesses quatro agroecossistemas, e o potencial produtivo comparável à variedade testemunha Catarina, indica que ciclos de seleção recorrente podem ser praticados nas populações introgrididas pelo gene *br2* para o desenvolvimento de uma variedade de porte baixo e mais promissora para os diferentes agroecossistemas de Santa Catarina.

3.5. As populações derivadas de MPA1 e a introgressão do gene *br2*

Os esforços dedicados ao aumento da produtividade de grãos de MPA1 também contribuíram para elevar a estatura de plantas, simultaneamente, devido a correlações genéticas entre os caracteres (Kist et al, 2010). Por essa razão, a estratégia usada para a redução da altura média de plantas incluiu a introgressão do gene *br2* de Piranão-VD2 em MPA1-C1, em parceria com a Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ). O resultado dessa combinação foi a obtenção das populações segregantes F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2) e RC_1F_2 [(MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1], portadoras de 50% e 25% do *background* genético de Piranão-VD2, respectivamente. Com base nos resultados dos experimentos realizados nesse trabalho, os quais registraram as alterações provocadas pelo introgressão do gene *br2* nas populações segregantes, foi possível direcionar as próximas etapas do programa de melhoramento genético da população MPA1.

O presente trabalho registrou mudanças na performance de variáveis de natureza fenológica, morfológicas e agrônômicas pré/pós colheita nas populações introgrididas pelo gene *br2* e as comparou com dados que envolveram outras populações convertidas ao braquitismo disponíveis na literatura. De maneira geral, as populações segregantes F_2 e RC_1F_2 expressaram características distintas daquelas registradas em populações convertidas ao braquitismo relatadas na literatura, sobretudo, para os caracteres morfológicos altura de planta, posição relativa da

espiga e diâmetro de colmo. Era desconhecido como o gene *br2* comportava-se em uma população composta, cuja base genética possui germoplasma crioulo de porte elevado (Kist et al. 2010).

Plantas braquíticas de milho que apresentam o gene *br2* em condição homozigótica caracterizam-se pela baixa estatura, espesso diâmetro de colmo e posição relativa da espiga próxima de 0,5, garantindo a essas plantas um baixo percentual de tombamento (Rissi & Paterniani, 1981; Castiglioni, 1986; Zanette & Paterniani, 1992). Os melhoristas, por meio da introgressão do gene *br2*, buscam transferir essas características para populações de elevado porte que apresentam consideráveis percentuais de tombamento. No entanto, o principal objetivo desses programas de melhoramento não foi observado no presente trabalho. É válido mencionar que as populações segregantes F₂ e RC₁F₂ encontram-se em etapas iniciais de conversão ao braquitismo. Estas populações segregantes apresentaram maiores índices de posição relativa da espiga, menor média de diâmetro de colmo, e diante da ausência de diferenças significativas entre as populações de base genética MPA1, a altura média de planta não foi reduzida. Possivelmente, por essa razão, estas populações apresentaram maiores percentuais de plantas tombadas. A principal explicação dada para tal diagnóstico foi a reduzida proporção de plantas homozigóticas para o gene *br2* nas populações segregantes pesquisadas no presente trabalho, além da transferência de efeitos de genes ligados ao *br2* e, provavelmente, outros genes do *background* genético braquítico (Castiglioni et al., 1991).

Apesar de não terem sido detectadas diferenças significativas para altura média de plantas entre a população MPA1-C1 e as populações segregantes, estas últimas populações apresentaram maior amplitude de dados para essa variável morfológica. Nesse caso, na tentativa de gerar uma população de milho de porte baixo adaptada às condições ambientais e de manejo do Oeste de SC, a seleção de plantas com o auxílio de marcadores moleculares parece ser uma boa estratégia. Segundo Bandel (1987), o gene *br2* localiza-se no cromossomo 01. Essa informação pode ser útil para encontrar mais facilmente locos marcadores ligados ao gene *br2*.

Quanto aos componentes de rendimento das populações segregantes F₂ e RC₁F₂ foram observados leves reduções em NFG, NGF, DME e CME. Para Castiglioni et al. (1991), avaliar as populações convertidas ao braquitismo antes de passar por processo de seleção plantas para rendimento de grãos e seus componentes pode ter sido responsável pelos resultados insatisfatórios observados para essas

variáveis com as populações pesquisadas por estes autores. No presente trabalho, ainda não existe populações convertidas ao braquistismo, apenas populações em processo de conversão. No entanto, os resultados encontrados para essas variáveis nas populações F_2 e RC_1F_2 pode ser um indício de que a redução da produtividade de grãos pode ocorrer. Os autores recomendam fazer o uso de seleção após a conversão ao braquistismo para promover o incremento de produtividade e seus componentes. No entanto, PR e PMG, importantes componentes de rendimentos, não foram alterados com a introgressão do gene *br2* nas populações segregantes F_2 e RC_1F_2 .

Resultados satisfatórios foram observados para o rendimento médio de grãos das populações segregantes, sobretudo, RC_1F_2 . Foi possível recuperar o rendimento médio de grãos da população recorrente (MPA1-C1) com apenas 75 % dos genes do parental recorrente. Além disso, a presença do *background* genético MPA1-C1 em percentagem de 50 e 75 %, nas populações segregantes F_2 e RC_1F_2 , respectivamente, garantiram adaptabilidade dessas populações.

Para finalizar, as próximas etapas do programa deveria focar na identificação de locos marcadores para usá-los em procedimentos de seleção assistida. Baseado nos resultados obtidos por esse trabalho, a população RC_1F_2 , cujo genitor recorrente foi recuperado em 75 %, a qual apresentou elevado potencial produtivo e possibilidade de seleção de plantas de menor estatura, parece ser a população mais apropriada para a obtenção de uma variedade melhorada de porte baixo, mais produtiva e adaptada para os distintos agroecossistemas do Oeste catarinense.

4. Conclusões

a) Os efeitos indiretos da introgressão do *background* genético de Piranão-VD2 nas populações derivadas de MPA1-C1 (F_2 e RC_1F_2) foram observados para os caracteres FM, FF, AME, PRE, DMC, CMP, QRA, PT, NFG, NGF, DME, CME e PROD. A recuperação de 75% dos genes do genitor recorrente na população segregante RC_1F_2 permitiu que os valores médios de produtividade de grãos e alguns de seus componentes fossem restabelecidos a valores médios similares ao obtidos pelo genitor recorrente (MPA1-C1);

b) O elevado potencial produtivo alcançado pelas populações de base genética MPA1, sobretudo pela população RC_1F_2 , indica que, para as próximas etapas de melhoramento genético intrapopulacional, esta população parece ser a mais apropriada para dar continuidade aos ciclos de seleção recorrente, visando o desenvolvimento de uma variedade de

porte baixo mais produtiva adaptada às unidades de produção agrícola dos pequenos agricultores do Oeste Catarinense.

5. Referências bibliográficas

ALVES, S.J.; TOLEDO, J. F.F.; ARAUJO, P.M. GARBUGLIO, D.D. Comportamento de diferentes classes genéticas de milho com relação à estabilidade e adaptabilidade. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.5, n.2, p.291-303, 2006.

ANDERSON, J.C.; CHOW, P.N. Phenotypes and grain yield associated with br-2 gene in single-cross hybrids of dent corn. **Crop Science**, v. 3, p. 111-113, 1963.

ANDRADE, J.A.C. & MIRANDA FILHO J.B. Quantitative variation in the tropical maize population ESALQ-PB1. **Scientia Agricola**, v.65, p.174-182, 2008.

ARIAS, C.A.A.; SOUZA JR, C.L.; TAKEDA, C. Path coefficient analyses of ear weight in different types of progeny in maize. **Maydica**, v.44, p.251-262, 1999.

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

BALBINOT JR, A.A.; BACKES, R.L.; ALVES, A.C.; OGLIARI, J.B.; FONSECA, J.A. Contribuição de componentes de rendimento na produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.11, p.161-166, 2005.

BALBINOT JR, A.A.; ALVES, A.C.; FONSECA, A.C.; OGLIARI, J.B. Densidade de plantas em variedades de polinização aberta de milho. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v.6, p.114-124, 2007.

BISOGNIN, D.A.; CIPRANDI, O.; COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F. Potencial de variedades de polinização aberta de milho em diferentes condições adversas de ambiente. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha** v. 3 p. 29–34. 1997.

CAMPBELL, C.M. New dwarfs and modifiers. Proc. Ann. Hybrid Corn Industry – Reserch Conference 22-29, 1965.

CARDOSO, M.J.; CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; GUIMARÃES, P.E.O. SOUZA, E. M. Performance fenotípica de cultivares de milho no meio-norte Brasileiro. **Agrotropica** 17: 39 - 46. 2007.

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; SANTOS, M.X.; CARDOSO, M.J.; MONTEIRO, A.A.T.; TABOSA, J.N. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.6, p.1115-1123, 2000a.

CARVALHO, C.G.P.; BORSATO, R.; CRUZ, C.D. Path analysis under multicollinearity in $S_0 \times S_0$ maize hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.1, n.3, p.263-270, 2001.

CASTIGLIONI, V.B.R. Efeitos da introdução do gene braquitico-2 (*br2*) sobre características agrônômicas de sete variedades de milho (*Zea mays* L.). 116 p. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Viçosa, 1986.

CASTIGLIONI, V.B.R.; SILVA, J.C.; CRUZ, C.D.; SARAIVA, L.S.; SILVA, C.H.O. Efeitos da introdução do gene braquitico-2 (*br2*) em sete variedades de milho (*Zea mays* L). **Revista Ceres**, v. 38, n. 216, p 81-93, 1991.

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

CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2a Ed., 390p. 2004.

GADIOLI, J.L.; DOURADO-NETO, D.; GARCÍA, A.; BASANTA, M. V. Temperatura do ar, rendimento de grãos de milho e caracterização fenológica associada à soma calórica. **Scientia Agricola**, v.57, n.3, p377-383. 2000.

GARDNER, C.O. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. **Crop Science**. V. 1 p. 241-245, 1961.

GERALDI, I.O.; MIRANDA FILHO, J.B.; VENCOSKY, R. Estimates of genetic parameters for tassel characters in maize and breeding perspectives. **Maydica**, v.30, p.1-14, 1985.

HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 468 p. 1988.

KIST, V. Seleção Recorrente de Famílias de Meio-Irmãos em População Composta de Milho (*Zea mays* L.) Procedente de Anchieta – SC. 162p. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis, SC. 2006.

KIST, V.; OGLIARI, J.B.; ALVES, A.C.; MIRANDA FILHO J.B. Genetic potential analysis of a maize population from Southern Brazil by modified convergent-divergent selection scheme. **Euphytica**, v.176, p.25-36, 2010.

KUNHEN, S.; OGLIARI, J.B.; DIAS, P.F.; BOFFO, E.F.; CORREIA, I.; FERREIRA, A.G.; DELGADILLO, I.; MARASCHIN, M. ATR-FTIR spectroscopy and chemometric analysis applied to discrimination of landrace maize flours produced in southern Brazil. **International Journal of Food Science and Technology**, 1673-1681, 2010.

LEMOS, M.A.; GAMA, E.E.G; OLIVEIRA, A.C.; ARAUJO, M.R.A. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais em progênies de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.27, p.1563-1569, 1992.

LENG, E.L. Genetic production of short stalked hybrids. In: NA, HY. CORN IND. RES. CONF., 12, Washington. ASTA. P. 20-86, 1957.

LIMA NETO, F.P. & SOUZA Jr, C.L. Number of recombination's and genetic properties of a maize population undergoing recurrent selection. **Scientia Agricola**, v.66, p.52-58, 2009.

LONNQUIST, J.H.; COMPTON, W.A.; GEADELMANN, J.L.; LOEFFEL, F.A.; SHANK, B.; TROYER, A.F. Convergent-Divergent selection for area improvement in maize. **Crop Science**, v.19, p.602-604, 1979.

MAGALHÃES, A.C.; SILVA, W.J. **Determinantes genéticos-fisiológicos do milho**. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 452 p. 1987.

MOHAMMADI, S.A.; PRASANNA, B.M.; SINGH, N.N. Sequential path model for determining interrelationship among grain yield related characters in maize. **Crop Science**, Madison, v.43, n.5, p.1690-1697, 2003.

OGLIARI, J.B.; ALVES, A.C.; Manejo e uso de variedades de milho com estratégia da Conservação de Anchieta. In: Boef WS, Thijsen MH, Ogliari JB, Stapit BR (Eds) **Biodiversidade e agricultores: fortalecendo o manejo comunitário**. L&PM, Porto Alegre, p 226-234, 2007.

OGLIARI, J.B.; KIST, V.; CANCI, A. The participatory genetic enhancement of a local maize variety in Brazil. In: **Community Biodiversity Management – Promoting resilience and the conservation of plant genetic resources**. Ed. Earthscan from Routledge, 2013.

OTTAVIANO, E. & CAMUSSI, A. Phenotypic and genetic relationships between yield components in maize. **Euphytica**, v.30, p.601-609, 1981.

PATERNIANI, E. Avaliação em cultivares de milho braquítico. **Relatório Científico**. Instituto de Genética. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piraciabaca, v.14, p. 61-68, 1980.

PATERNIANI, E. Avaliação de populações e híbridos dos braquíticos de milho. **Relatório Científico**. Instituto de Genética. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piraciabaca, v.16, p. 97-102, 1982.

RISSI, R. & PATERNIANI, E. Estimates of genetic parameters in two sub-populations of the variety of maize (*Zea mays* L.) Piranão. **Revista Brasileira de Genética**, v.4, p.579-592, 1981.

SABADIN, P.K. Mapeamento de QTL's e base genética da correlação entre caracteres em uma população de milho tropical. 89f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba, SP. 2008.

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

SEGOVIA-SEGOVIA, V.F. Avaliação de seleção massal em ambos os sexos para prolificidade em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 91 p. Tese de mestrado – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo. 1983.

SILVA, P.R.F.; ARGENTA, G.; REZERA, F. Resposta de híbridos de milho irrigado à densidade de plantas em três épocas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, n. 4, p. 585-592. 1999.

SILVA, E.S.; LIMA E SILVA, P.S.; NUNES, G.H. DE S.; BARBOSA E SILVA, K.M. Estimação de parâmetros genéticos no composto de milho ESAM-1. **Caatinga**, v.12(1/2), p.43-52, 2001.

SILVA, F.C.A.; HEIDEN, F.C.; AGUIAR, V.V.P.; PAUL, J.M. Migração rural e estrutura agrária no oeste catarinense. **Instituto CEPA/SC**, Florianópolis, 99 p. 2003

SANTOS, P.G.; JULIATTI, F.C.; BUIATTI, A.L.; HAMAWAKI, O.T. Avaliação do desempenho agrônômico de híbridos do milho em Uberlândia, MG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.27, p.597- 602, 2002.

SMITH, M.E.; CASTILLO, G.F.; GÓMEZ, F. Participatory plant breeding with maize in México and Honduras. **Euphytica** 122:551–564, 2001.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto – SP. Revista Brasileira de Genética, p.486, 1992.

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

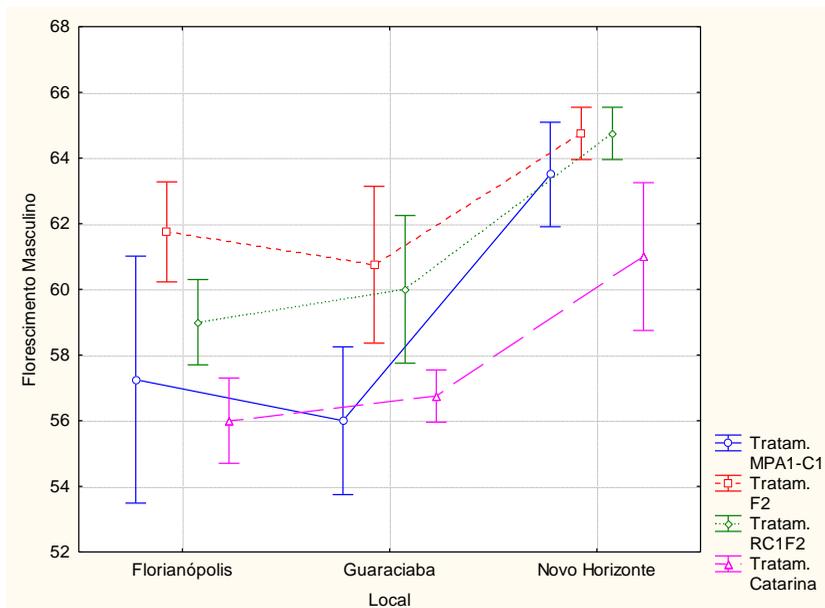
ZANETTE V.A.; PATERNIANI, E. Efeito do gene braquítico-2 em populações melhoradas de milho porte baixo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, Vol.: 27(8): 1173-1181, 1992.

TABELAS E FIGURAS

Tabela 26 - Florescimento médio masculino (dias) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}		Guaraciaba ^{1*}		Novo Horizonte ^{1*}		Média ^{2**}	
MPA1-C1	57,25	a	56,00	a	63,50	b	58,92	A
F ₂	61,75	b	60,75	b	64,75	b	62,42	B
RC ₁ F ₂	59,00	a b	60,00	b	64,75	b	61,25	B
Catarina	56,00	a	56,75	a	61,00	a	57,92	A
Média ^{3**}	58,50	A	58,38	A	63,50	B	60,13	
CV(%) ⁵	2,61		2,23		1,17		2,05	
Prob. F-Teste ⁴	<0,01		<0,01		<0,01			

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, medidas em dias após a emergência. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



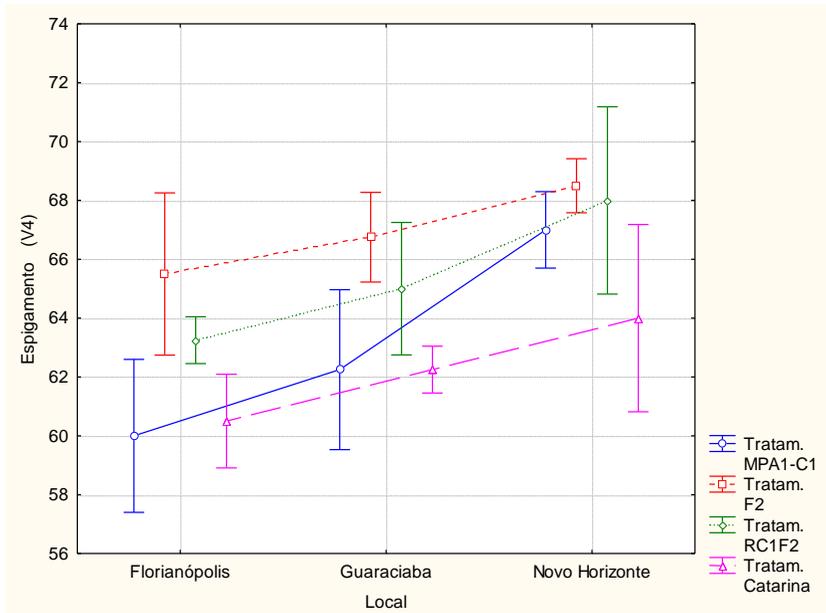
Prob. F-teste: Local: < 0,01; Tratamento: < 0,01; Local X Tratamento: 0,06; CV: 2,05 %. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 22 - Florescimento médio masculino (dias) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 27 - Florescimento médio feminino (dias) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}		Guaraciaba ^{1*}		Novo Horizonte ^{1*}		Média ^{2**}	
MPA1-C1	60,00	a	62,25	a	67,00	a b	63,08	A
F ₂	65,50	b	66,75	b	68,50	b	66,92	B
RC ₁ F ₂	63,25	a b	65,00	b	68,00	b	65,42	B
Catarina	60,50	a	62,25	a	64,00	a	62,25	A
Média ^{3**}	62,31	A	64,06	B	66,88	C	64,42	
CV(%) ⁵	2,37		1,81		2,45		2,23	
Prob. F-Teste ⁴	<0,01		<0,01		0,02			

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, medidas em dias após a emergência. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



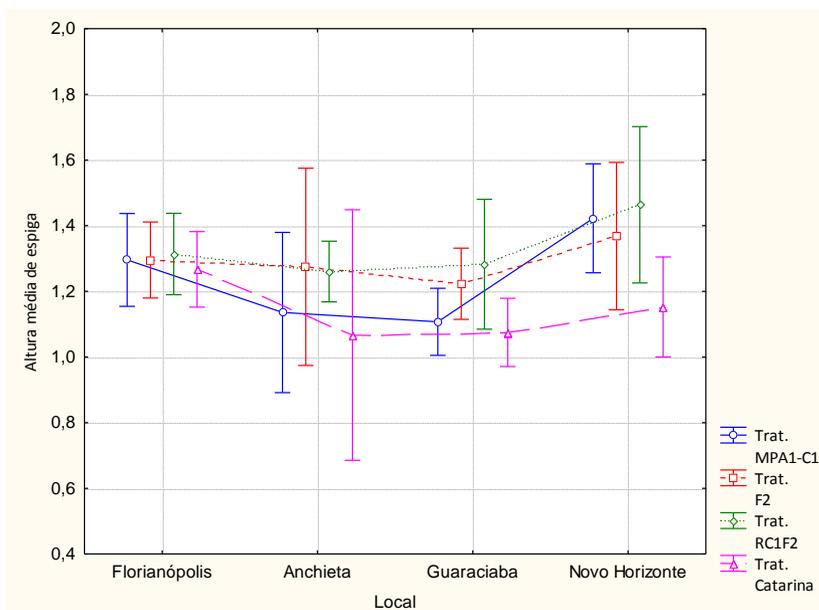
Prob. F-teste: Local: < 0,01; Tratamento: < 0,01; Local X Tratamento: 0,15; CV: 2,23 %. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 23 - Florescimento médio feminino (dias) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 28 - Altura média de espiga (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C1	1,30	1,14	1,11 a b	1,42 b	1,25 B
F ₂	1,30	1,27	1,22 a b	1,37 b	1,29 B C
RC ₁ F ₂	1,31	1,26	1,28 b	1,46 b	1,33 C
Catarina	1,27	1,07	1,08 a	1,15 a	1,15 A
Média ^{3**}	1,29 B	1,18 A	1,17 A	1,35 B	1,25
CV(%) ⁵	4,03	9,27	7,38	6,80	6,86
Prob. F-Teste ⁴	0,71	0,15	0,03	<0,01	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



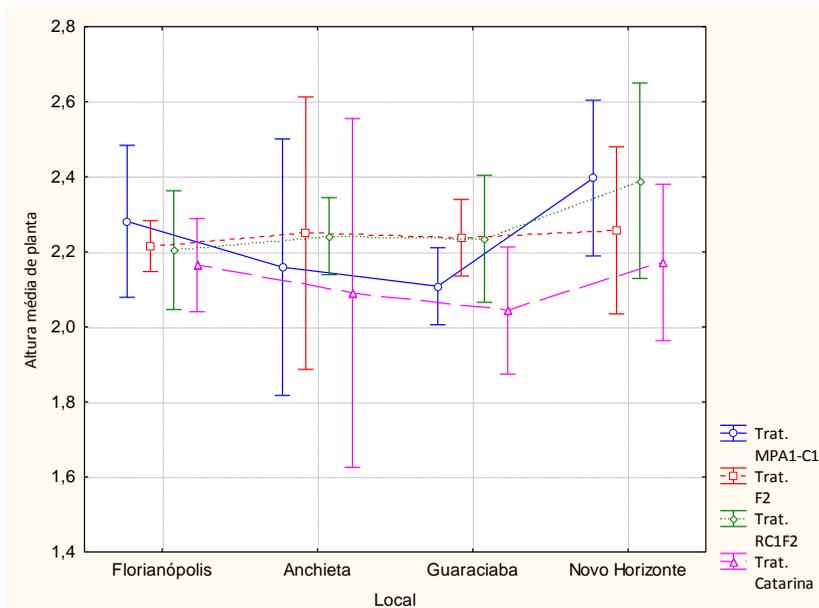
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: $0,06$; CV: $6,68\%$. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95% .

Figura 24 - Altura média de espiga (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 29 - Altura média de planta (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}		Anchieta ^{1*}		Guaraciaba ^{1*}		Novo Horizonte ^{1*}		Média ^{2**}	
MPA1-C1	2,28		2,16		2,11	a b	2,40		2,24	B
F ₂	2,22		2,25		2,24	b	2,26		2,24	B
RC ₁ F ₂	2,20		2,24		2,23	b	2,39		2,27	B
Catarina	2,16		2,09		2,04	a	2,17		2,12	A
Média ^{3***}	2,22	A B	2,19	A	2,16	A	2,30	B	2,22	
CV(%) ⁵	3,01		6,20		3,96		5,76		4,79	
Prob. F-Teste ⁴	0,17		0,48		0,03		0,11			

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



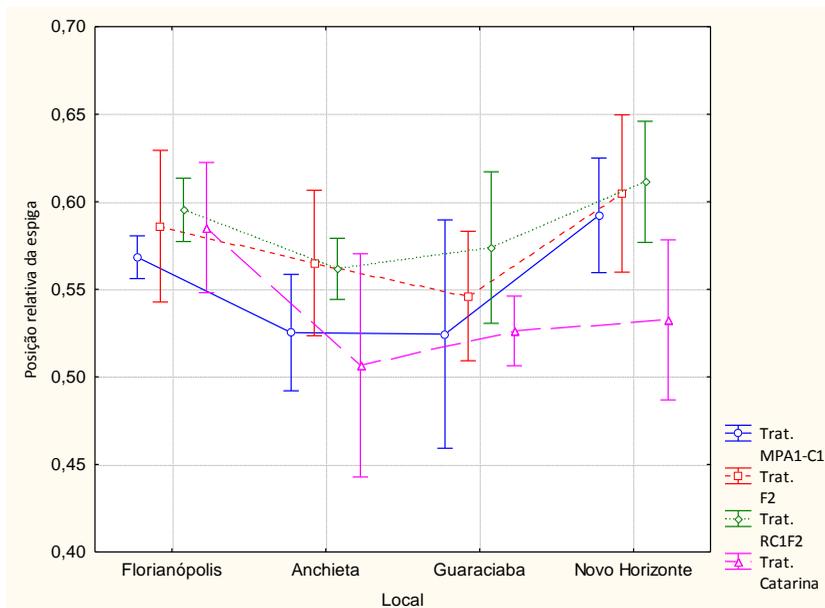
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: 0,27; CV: 4,79. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 25 - Altura média de planta (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 30 - Posição relativa média de espiga das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C1	0,57	0,53 a b	0,52	0,59 b	0,55 A
F ₂	0,59	0,57 b	0,55	0,60 b	0,58 B
RC ₁ F ₂	0,59	0,56 b	0,57	0,61 b	0,59 B
Catarina	0,60	0,51 a	0,53	0,53 a	0,54 A
Média ^{3**}	0,58 B	0,54 A	0,54 A	0,59 B	0,56
CV(%) ⁵	3,36	3,12	4,26	2,67	3,42
Prob. F-Teste ⁴	0,32	0,01	0,05	<0,01	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



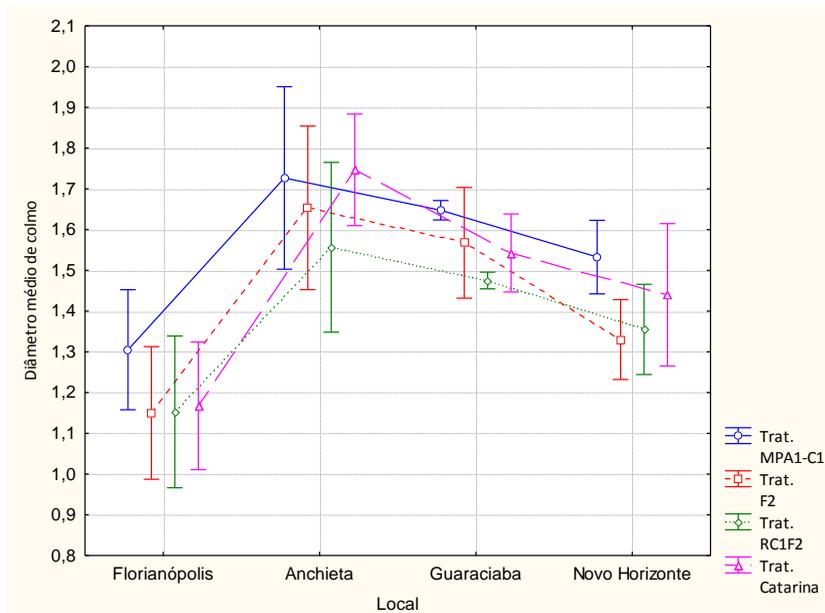
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: $< 0,01$; CV: 3,42 %. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 26 - Posição relativa média de espiga das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 31 - Diâmetro médio de colmo (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}			
MPA1-C1	1,31	1,73	1,65	b	1,53	b	1,54	C
F ₂	1,15	1,65	1,57	a b	1,33	a	1,41	A B
RC ₁ F ₂	1,15	1,56	1,48	a	1,36	a	1,37	A
Catarina	1,17	1,75	1,54	a b	1,44	a b	1,46	B
Média ^{3**}	1,19	A	1,67	D	1,56	C	1,41	B
CV(%) ⁵	9,17		4,92		3,38		5,20	7,11
Prob. F-Teste ⁴	0,21		0,10		0,01		0,01	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



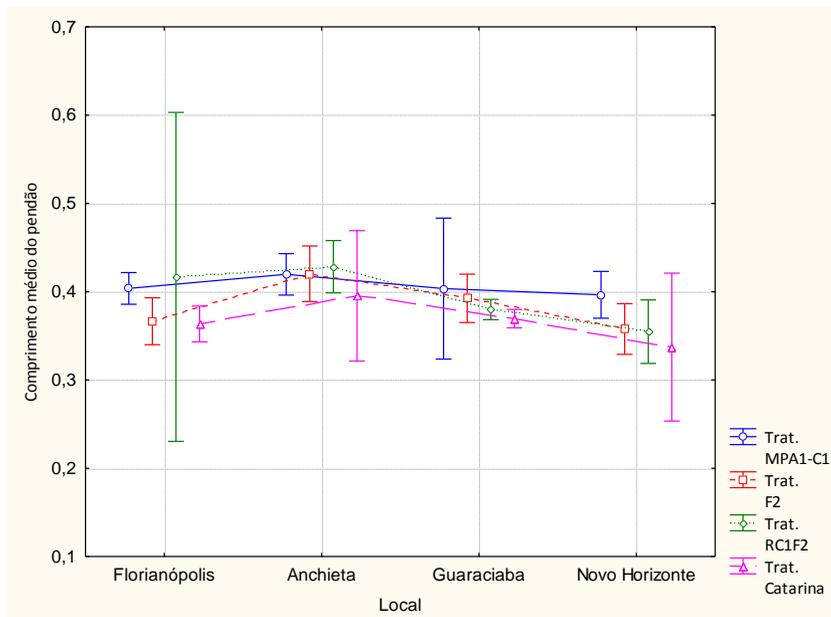
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: 0,47; CV: 7,11 %. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 27 - Diâmetro médio de colmo (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 32 - Comprimento médio de pendão (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}				
MPA1-C1	0,40	0,42	0,40	0,40	b	0,40	B		
F ₂	0,37	0,42	0,39	0,36	a b	0,38	A B		
RC ₁ F ₂	0,42	0,43	0,38	0,35	a b	0,39	A B		
Catarina	0,36	0,40	0,37	0,34	a	0,36	A		
Média ^{3***}	0,39	B	0,42	A B	0,39	A B	0,36	A	0,39
CV(%) ⁵	15,71	3,69	6,85	7,33	9,77				
Prob. F-Teste ⁴	0,54	0,15	0,35	0,06					

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



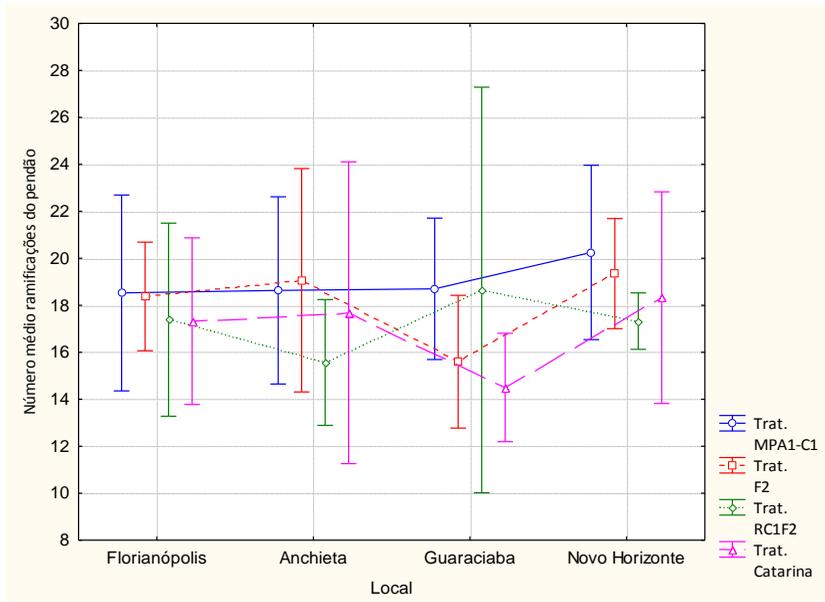
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $0,04$; Local X Tratamento: $0,85$; CV: $9,77\%$. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95% .

Figura 28 - Comprimento médio de pendão (m) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 33 - Número médio de ramificações de pendão das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C1	18,53	18,63	18,70	20,25	19,05
F ₂	18,38	19,07	15,60	19,35	18,03
RC ₁ F ₂	17,39	15,57	18,65	17,33	17,34
Catarina	17,33	17,68	14,50	18,33	16,91
Média ^{3**}	17,90	17,74	16,86	18,81	17,84
CV(%) ⁵	13,09	11,43	16,98	11,76	13,51
Prob. F-Teste ⁴	0,83	0,25	0,15	0,33	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



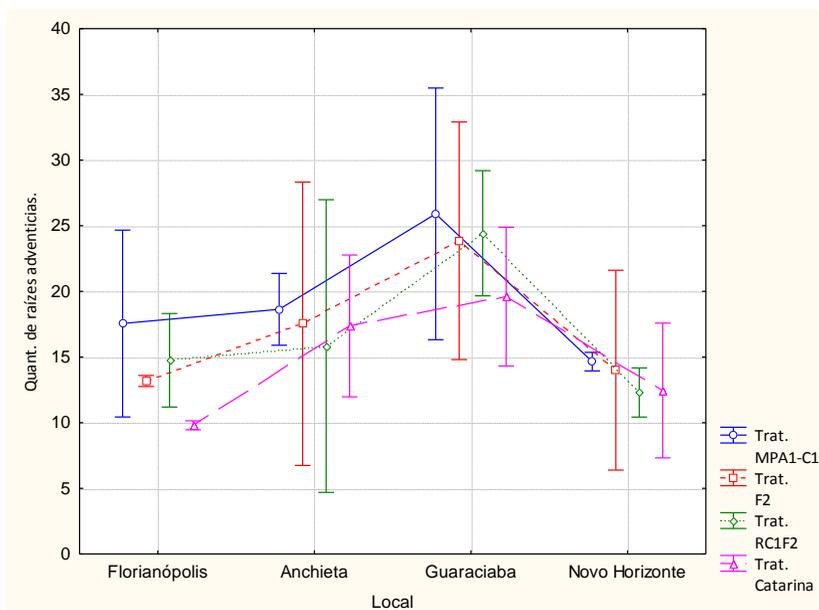
Prob. F-teste: Local: 0,17; Tratamento: 0,10; Local X Tratamento: 0,34; CV: 13,51 %. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 29 - Número médio de ramificações de pendão das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 34 - Quantidade média de raízes adventícias das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}		Anchieta ^{1*}		Guaraciaba ^{1*}		Novo Horizonte ^{1*}		Média ^{2**}	
MPA1-C1	17,55	b	18,63		25,90		14,65		19,22	B
F ₂	13,18	a b	17,53		23,85		14,00		17,11	A B
RC ₁ F ₂	14,75	b	15,83		24,43		12,30		16,89	A B
Catarina	9,80	a	17,37		19,60		12,45		14,63	A
Média ^{3***}	13,82	A	17,34	B	23,44	C	13,35	A	16,97	
CV(%) ⁵	15,82		12,61		18,08		20,85		17,72	
Prob. F-Teste ⁴	<0,01		0,52		0,25		0,55			

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



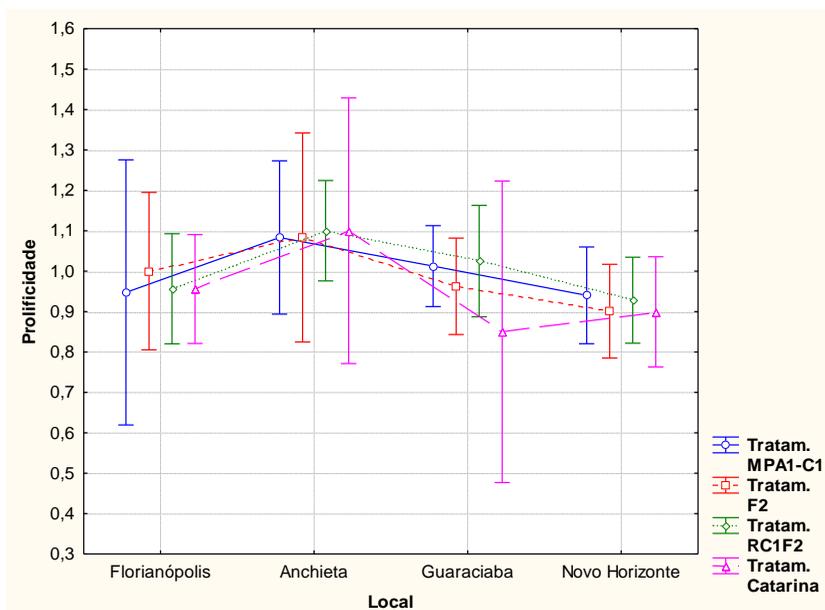
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: $0,44$; CV: $17,72\%$. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95% .

Figura 30 - Quantidade média de raízes adventícias das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 35 - Prolificidade média das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}				
MPA1-C1	0,95	1,08	1,01	0,94	0,99				
F ₂	0,96	1,08	0,96	0,90	0,98				
RC ₁ F ₂	0,96	1,10	1,03	0,93	1,00				
Catarina	1,00	1,10	0,85	0,90	0,94				
Média ^{3**}	0,96	A	1,09	B	0,96	A	0,92	A	0,98
CV(%) ⁵	9,96		9,76		14,37		9,40		11,07
Prob. F-Teste ⁴	0,86		0,99		0,32		0,88		

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



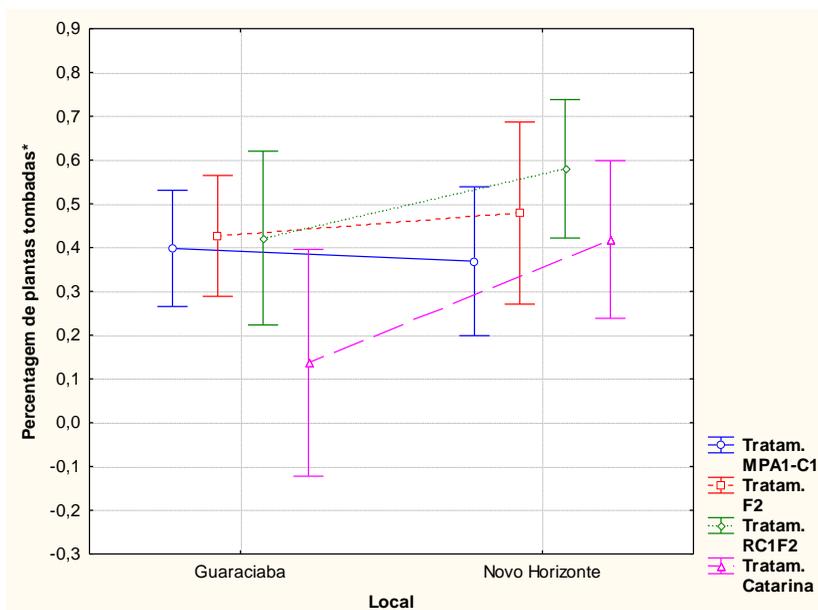
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: 0,59; Local X Tratamento: 0,80; CV: 11,07 %. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 31 - Prolifidade média das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 36 - Percentagem média de plantas tombadas (%) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Guaraciaba ^{1*}		Novo Horizonte ^{1*}		Média ^{2**}	
MPA1-C1	15,39	a b	13,63		14,51	A B
F ₂	17,50	b	21,90		19,70	B
RC ₁ F ₂	17,50	b	30,31		23,90	B
Catarina	3,75	a	17,18		10,46	A
Média ^{3**}	13,54	A	20,75	B	17,15	
CV(%) ⁵	34,63		25,90		29,64	
Prob. F-Teste ⁴	0,02		0,14			

(1) Médias reais de tratamentos de quatro repetições, expressas em percentagem. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. # Valores correspondentes aos obtidos após a transformação arco seno na raiz quadrada.



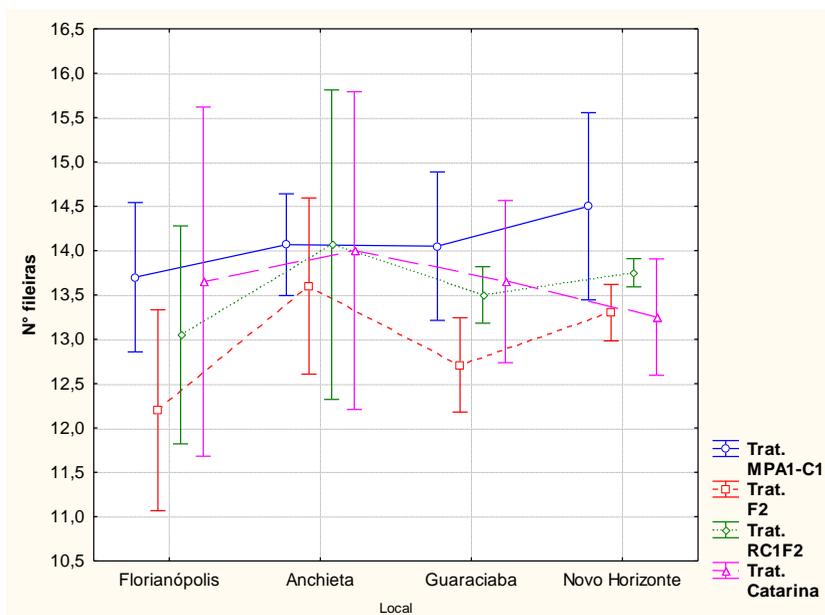
Prob. F-teste: Local: 0,01; Tratamento: < 0,01; Local X Tratamento: 0,08; CV: 29,64 As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %. *Média obtidas após a transformação arco seno da raiz quadrada.

Figura 32 - Percentagem média de plantas tombadas (%) das populações de milho MPA1 original (MPA1-C0), MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), MPA1 do segundo ciclo (MPA1-C2) e da variedade melhorada de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 37 - Número médio de fileiras por espiga das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}		Anchieta ^{1*}		Guaraciaba ^{1*}		Novo Horizonte ^{1*}		Média ^{2**}	
MPA1-C1	13,70		14,07		14,05		14,50		14,08	
F ₂	12,20		13,60		12,71		13,30		12,91	
RC ₁ F ₂	13,05		14,07		13,50		13,75		13,56	
Catarina	13,65		14,00		13,65		13,25		13,61	
Média ^{3**}	13,15	A	13,93	B	13,48	A B	13,70	A B	13,54	
CV(%) ⁵	6,84		3,98		3,16		3,23		4,54	
Prob. F-Teste ⁴	0,13		0,70		0,01		0,01			

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



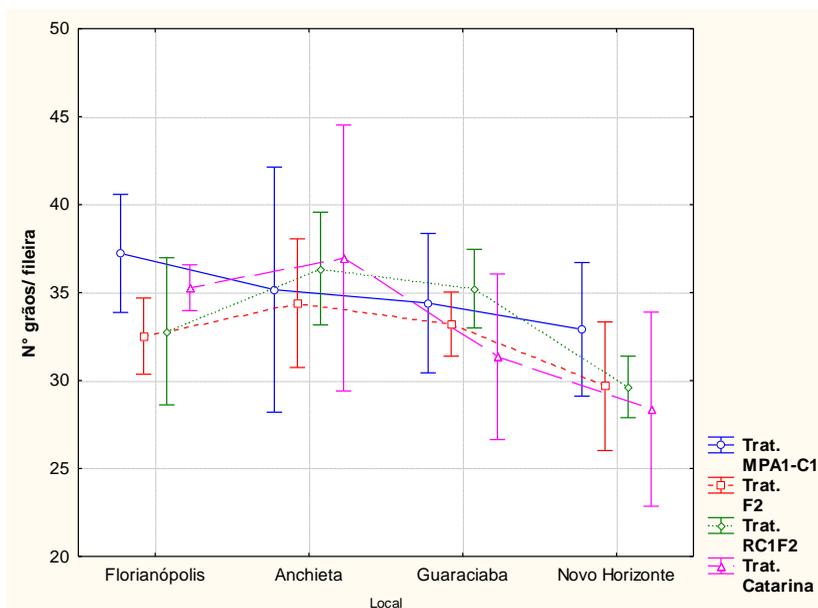
Prob. F-teste: Local: 0,01; Tratamento: < 0,01; Local X Tratamento: 0,40; CV: 4,54 %. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 33 - Número médio de fileiras por espiga das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 38 - Número médio de grãos por fileira das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}		Anchieta ^{1*}		Guaraciaba ^{1*}		Novo Horizonte ^{1*}		Média ^{2**}	
MPA1-C1	37,23	b	35,17		34,40		32,91		34,91	B
F ₂	32,53	a	34,40		33,21		29,68		32,32	A
RC ₁ F ₂	32,80	a	36,37		35,23		29,64		33,32	A B
Catarina	35,28	a b	36,97		31,35		28,37		32,73	A
Média ^{3**}	34,46	B	35,73	B	33,55	B	30,15	A	33,32	
CV(%) ⁵	5,58		7,24		5,39		8,09		6,53	
Prob. F-Teste ⁴	0,02		0,64		0,06		0,12			

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



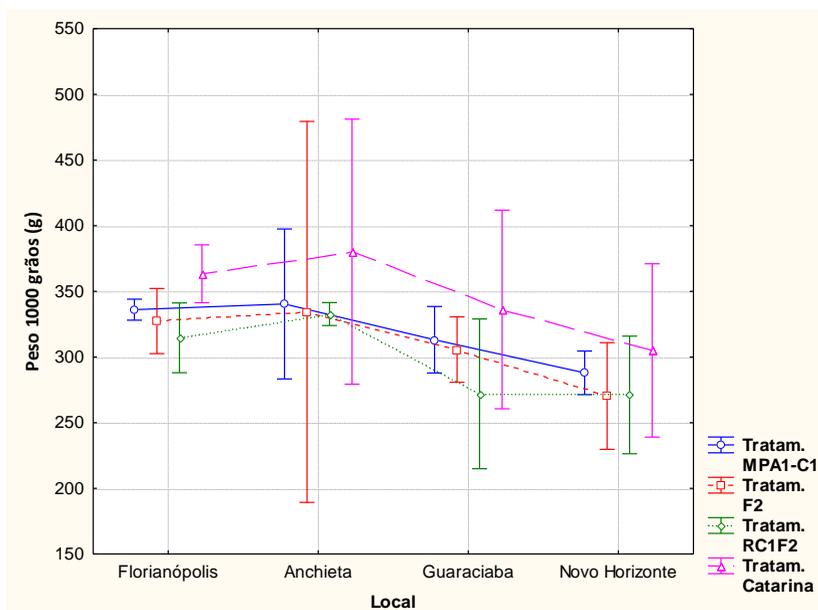
Prob. F-teste: Local: < 0,01; Tratamento: 0,03; Local X Tratamento: 0,06; CV: 6,53 %. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 34 - Número médio de grãos por fileira das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 39 - Peso médio de mil grãos (g) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}
MPA1-C1	336,06 a b	340,41	313,13 a b	287,96	317,99 A
F ₂	327,40 a	334,39	305,65 a b	270,28	307,77 A
RC ₁ F ₂	314,63 a	332,70	271,96 a	271,13	295,26 A
Catarina	363,35 b	380,23	336,25 b	305,01	343,94 B
Média ^{3**}	335,36 B	346,93 B	306,75 A	282,14 A	316,24
CV(%) ⁵	4,45	7,54	9,39	10,89	8,17
Prob. F-Teste ⁴	0,01	0,19	0,07	0,38	

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



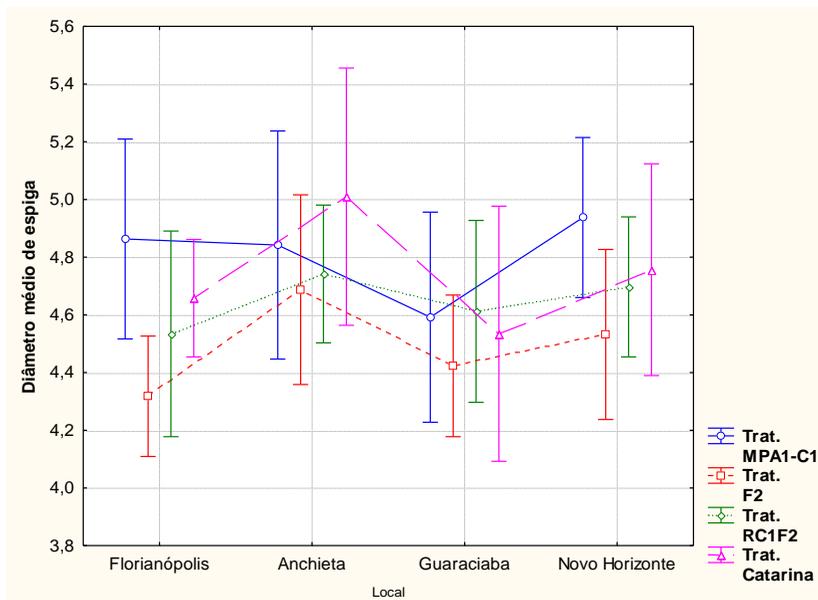
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: $0,94$; CV: $8,17\%$. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95% .

Figura 35 - Peso médio de mil grãos (g) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 40 - Diâmetro médio da espiga (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}		Anchieta ^{1*}		Guaraciaba ^{1*}		Novo Horizonte ^{1*}		Média ^{2**}	
MPA1-C1	4,86	b	4,84		4,59		4,94		4,81	B
F ₂	4,32	a	4,69		4,42		4,53		4,48	A
RC ₁ F ₂	4,53	a b	4,74		4,61		4,70		4,64	A B
Catarina	4,66	a b	5,01		4,53		4,76		4,72	B
Média ^{3**}	4,59	A	4,82	B	4,54	A	4,73	A B	4,66	
CV(%) ⁵	3,92		3,27		5,11		4,37		4,27	
Prob. F-Teste ⁴	0,01		0,16		0,67		0,11			

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



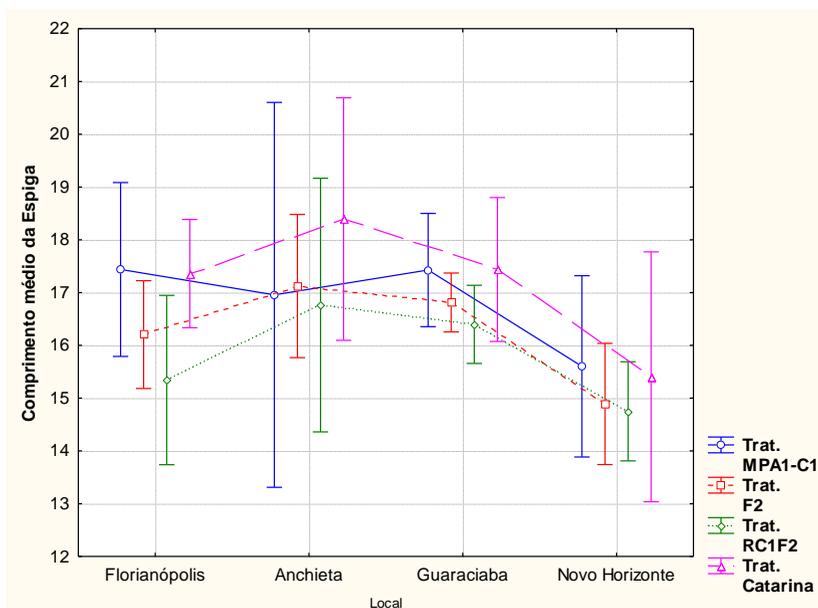
Prob. F-teste: Local: < 0,01; Tratamento: < 0,01; Local X Tratamento: 0,49; CV: 4,27 %. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95 %.

Figura 36 - Diâmetro médio da espiga (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 41 - Comprimento médio da espiga (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}		Anchieta ^{1*}		Guaraciaba ^{1*}		Novo Horizonte ^{1*}		Média ^{2**}	
MPA1-C1	17,44	b	16,96		17,43		15,60		16,85	B
F ₂	16,20	a b	17,12		16,81		14,89		16,20	A B
RC ₁ F ₂	15,34	a	16,76		16,40		14,75		15,75	A
Catarina	17,36	a b	18,39		17,44		15,40		17,07	B
Média ^{3**}	16,59	B	17,31	B	17,02	B	15,16	A	16,47	
CV(%) ⁵	5,55		5,78		3,57		7,44		5,63	
Prob. F-Teste ⁴	0,03		0,28		0,10		0,68			

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



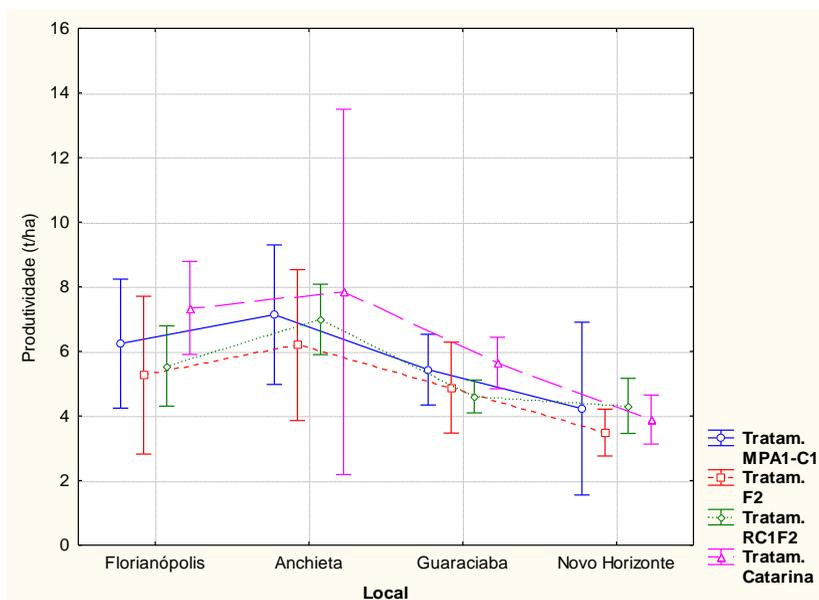
Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $< 0,01$; Local X Tratamento: $0,67$; CV: $5,63\%$. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95% .

Figura 37 - Comprimento médio da espiga (cm) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tabela 42 - Produtividade média de grãos ($t\ ha^{-1}$) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F₂ (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC₁F₂ ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.

Tratamentos	Florianópolis ^{1*}	Anchieta ^{1*}	Guaraciaba ^{1*}	Novo Horizonte ^{1*}	Média ^{2**}	
MPA1-C1	6,24	7,14	5,43	4,23	5,67	A B
F ₂	5,26	6,20	4,88	3,49	4,87	A
RC ₁ F ₂	5,55	6,99	4,60	4,31	5,26	A B
Catarina	7,35	7,84	5,64	3,89	6,07	B
Média ^{3**}	6,10	B	7,01	C	5,14	A
CV(%) ⁵	17,99	19,66	12,29	20,02	17,90	
Prob. F-Teste ⁴	0,10	0,58	0,14	0,48		

(1) Média de tratamentos de quatro repetições, exceto para Anchieta, cuja média foi estimada a partir de três repetições. (2) Média de tratamentos. (3) Média de locais. (4) Probabilidade associada às diferenças entre tratamentos pelo teste F para as análises de variância realizadas por local. (5) Coeficiente de variação experimental. *Médias de tratamentos seguidas pela mesma letra minúscula, nas colunas, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as análises de variância realizadas por local. ** Médias resultantes da análise conjunta seguidas pela mesma letra maiúscula, na linha para locais e na coluna para tratamentos, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.



Prob. F-teste: Local: $< 0,01$; Tratamento: $0,01$; Local X Tratamento: $0,61$; CV: $17,90\%$. As barras verticais indicam o intervalo de confiança de 95% .

Figura 38 - Produtividade média de grãos ($t\ ha^{-1}$) das populações de milho MPA1 do primeiro ciclo (MPA1-C1), F_2 (MPA1-C1 x Piranão-VD2), RC_1F_2 ((MPA1-C1 x Piranão-VD2) x MPA1-C1) e da variedade de polinização aberta Catarina, estimado a partir de experimentos realizados em Santa Catarina, nos municípios de Florianópolis (L1), Anchieta (L2), Guaraciaba (L3) e Novo Horizonte (L4). Safra 2012/2013.