



UNIVERSIDADE
ESTADUAL DE LONDRINA

LUCIANE BERTOLETTI BARROS

**PARÂMETROS GENÉTICOS EM VARIEDADES DE
MILHO CRIOULO E SUA UTILIZAÇÃO NA
SELEÇÃO**

Londrina
2007

LUCIANE BERTOLETTI BARROS

**PARÂMETROS GENÉTICOS EM VARIEDADES DE
MILHO CRIOULO E SUA UTILIZAÇÃO NA
SELEÇÃO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação, em Genética e Biologia Molecular, da Universidade Estadual de Londrina, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Josué Maldonado
Ferreira

Londrina
2007

**Catálogo elaborado pela Divisão de Processos Técnicos da Biblioteca Central da
Universidade Estadual de Londrina.**

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)

B277p Barros, Luciane Bertoletti.
Parâmetros genéticos em variedades de milho crioulo e sua utilização na seleção /
Luciane Bertoletti Barros. – Londrina, 2007.
79 f. : il.

Orientador: Josué Maldonado Ferreira.
Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Estadual de
Londrina, Centro de Ciências Biológicas, Programa de Pós-Graduação em Genética e
Biologia Molecular, 2007.
Inclui bibliografia.

1. Milho – Melhoramento genético – Teses. 2. Genética vegetal – Teses. 3.
Milho crioulo – Teses. I. Ferreira, José Maldonado. II. Universidade Estadual de
Londrina. Centro de Ciências Biológicas. Programa de Pós-Graduação em Genética
e Biologia Molecular. III. Título.

CDU 581.169

LUCIANE BERTOLETTI BARROS

**PARÂMETROS GENÉTICOS EM VARIEDADES DE
MILHO CRIOULO E SUA UTILIZAÇÃO NA
SELEÇÃO**

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Josué Maldonado Ferreira
UEL – Londrina - PR

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho
ESALQ – USP – SP

Dr. Nelson da Silva Fonseca Junior
IAPAR – Londrina - PR

Londrina, 26 de janeiro de 2007

DEDICATÓRIA

Aos meus pais Luiz e Lúcia, os maiores merecedores das minhas conquistas, por sempre acreditarem em meu esforço e me apoiarem plenamente.

Ao grande amor da minha vida Diogo, pela paciência, compreensão, apoio, ajuda, atenção e amor verdadeiro.

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao Prof. Dr. Josué Maldonado Ferreira, pela orientação, apoio, incentivo e compreensão.

À Profª. Dra. Rosângela Maria Pinto Moreira, pela atenção e valiosas contribuições.

Ao Prof. Dr. José Branco de Almeida Filho e aos pesquisadores Antonio Carlos Gerage, Nelson da Silva Fonseca Junior e Pedro Mario Araújo, pelas sugestões.

Ao corpo docente do Curso de Mestrado em Genética e Biologia Molecular, pelo aprimoramento de meus conhecimentos.

Aos funcionários Sueli e Eduardo, pela amizade e ajuda.

Aos agricultores familiares da região Centro Sul do Paraná, pelo fornecimento das sementes crioulas, condução dos experimentos e, principalmente, pelos conhecimentos recebidos e confiança depositada.

À Assessoria e Serviços a Projetos em Agricultura Alternativa - ASPTA, por permitir e incentivar a realização do projeto junto a estes agricultores familiares.

À Universidade Estadual de Londrina, pela oportunidade de realização do curso de pós-graduação.

Aos colegas do Laboratório de Melhoramento Genético de Plantas do Centro de Ciências Biológicas da UEL: Robson, Raquel, Jacqueline e Paulo pela ajuda, apoio e amizade.

Aos colegas de pós-graduação, em especial, Lara, Larissa, Pedro, Sílvia, Adriana, Vivian, Gabriela, Bruno, Treco, Fernando, Gustavo e Zé Pedro pela convivência, troca de idéias e amizade durante o curso.

À amiga Vanessa, pela sincera amizade, alegria e apoio.

A todos os meus amigos, pelo apoio e amizade.

Aos sogrinhos Livete e Lincoln e ao cunhado Gustavo, por terem me adotado como parte da família, pelo enorme carinho e apoio.

Às minhas irmãs Linda e Lisiane, avós Abel, José, Enoemia e Rufina, primos Nelei e Renato, por sempre me acolherem com muita alegria nas poucas visitas que fiz durante a pós-graduação.

A Deus, por estar comigo em todos os momentos, me concedendo alegrias e me fortalecendo em esperança e fé nas horas difíceis.

A todas as pessoas que direta ou indiretamente contribuíram para a realização do presente trabalho.

BARROS, LUCIANE BERTOLETTI. **Parâmetros genéticos em variedades de milho crioulo e sua utilização na seleção**. 2007. 79 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina 2007.

RESUMO

As variedades crioulas foram produzidas, mantidas, desenvolvidas ou adaptadas por agricultores familiares ou indígenas, sendo principalmente utilizadas por estes agricultores ao longo das gerações. Trabalhos envolvendo ensaios de competição apresentam o potencial produtivo de variedades de milho crioulo com ou sem utilização de insumos externos, citando-as como fontes de adaptação, tolerância e resistência aos fatores bióticos e abióticos. Apesar destas afirmações, existem reduzidos estudos genéticos quantitativos para confirmar este potencial e obter estimativas de parâmetros para nortear o melhoramento destas variedades. Desta forma, os objetivos foram estimar parâmetros genéticos em progênies de meios irmãos em diferentes ciclos de seleção recorrente, em condições de sistema de agricultura familiar; verificar as previsões de ganhos de seleção no Programa de Melhoramento Genético Participativo; estimar os coeficientes de correlações genéticas em milho crioulo; comparar as estimativas genéticas obtidas, em condições de agricultura familiar, com as encontradas por outros autores em diferentes tipos de milho cultivados sob outros sistemas de produção. Foram avaliadas progênies de meios irmãos de seis variedades crioulas (Caiano, Carioca, Cinquentinha, Macaco, Maizena e Palha Roxa), em dois a três ciclos seleção recorrente, em dois locais a cada ciclo, com três repetições por local. O número de progênies de meio-irmãos variaram de 400 a 294 e foram avaliadas em látice triplos 10x10 e 7x7, respectivamente, com parcelas simples de 4 m de comprimento no espaçamento 0,20 m x 1,00 m. Foram realizadas análises agrupadas de variância e de correlações para estimar os parâmetros genéticos dos caracteres produtividade e outros de importância agrônômica. Os resultados obtidos permitem inferir que as variedades crioulas apresentam potencial e suficiente variabilidade genética para os caracteres estudados, permitindo ganhos com a seleção recorrente de meio-irmãos, em propriedades de agricultura familiar, com o Programa de Melhoramento Genético Participativo. A seleção em milho crioulo visando aumentar a produtividade está relacionada à seleção de plantas mais prolíficas, menor porcentagem de espigas danificadas, maior relação peso de grãos por espiga e maior precocidade. Existe uma associação positiva entre plantas mais altas e mais tardias, mas com magnitude que possibilitam a seleção para plantas mais produtivas com menor altura de plantas e maior precocidade. Com exceção do caractere florescimento médio, as correlações observadas para milho crioulo, em sistemas de agricultura familiar, são compatíveis com a da literatura.

Palavras-chave: Zea mays L. Seleção recorrente. Estimativas genéticas. Correlação e melhoramento genético participativo.

BARROS, LUCIANE BERTOLETTI. **Genetics parameters in corn landraces and its use in selection**. 2007. 79 f. Dissertation (Master's degree in Genetics and Molecular Biology) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2007.

ABSTRACT

Originally, the landraces varieties were produced, maintained, developed or adapted by family farmers or indians. Mainly these farmers throughout generations used them. Studies involving competition essays demonstrated the potential of the corn landraces with or without the utilization of external inputs, considering those factors as sources of adaptation, tolerance and resistance for biotic and no biotic factors. However, there are just a few numbers of quantitative genetic studies that confirm this potential and that obtain estimates of parameters to assist their genetic progress. Therefore, the objectives were: to evaluate genetic parameters for corn landraces on different locations and cycles of recurrent selection, within family agriculture environments; to estimate the genetic progress in Participative Genetics Improvement Program; to evaluate genetic correlation coefficients in landraces varieties; to compare the estimates of genetic parameters with the current published researches that used another types of cultivation systems. Six landraces were evaluated (Caiano, Carioca, Cinquentinha, Macaco, Maizena e Palha Roxa), two to three cycles recurrent selection of half-sib progenies, in two environments for each cycle. The number of half-sib progenies varied of 400 and 294 and were evaluated in 10x10 and 7x7 triple lattices, respectively, with single row plots measuring 4 meters long, leaving 1 meter spaces between rows and 0,20 meter between plants. Grouped variance and correlation analysis were made to evaluate the genetic parameters of the character yield and others with agronomic importance. The results obtained demonstrate that the characters studied in landraces have potential and sufficient genetic variability, allowing progress with the use recurrent selection of half-sib, in family farmers systems, within the Participative Genetics Improvement Program. The selection in corn landraces aiming high yields has relation with the selection of more prolific plants, with a smaller percentage of damaged ears, higher grain per ear weight quotient and more earlier plants. There are positive correlations among higher and less earlier plants, but with a magnitude that makes possible the selection of higher yielding plants, with less height and earlier. With the exception of the character average of days to flower, these correlation observed in corn landraces in family farmers systems, are compatible with the current published researches.

Keywords: *Zea mays* L. Recurrent selection. Genetics estimates. Correlation and participative genetic improvement.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Estimativas de variância genética aditiva (σ_A^2) para prolificidade (10^{-3}) e para produção (g pl^{-1}) ² em populações de milho	23
Tabela 2 – Estimativas de variância genética aditiva (σ_A^2) para altura de planta e espiga (cm) ² em populações de milho	23
Tabela 3 – Localização e caracterização climática dos ambientes.....	31
Tabela 4 – Municípios de instalação dos ensaios de progênies de cada variedade, locais e ciclos de seleção, safra agrícola, tipos de látices triplo, número de experimentos, testemunhas intercalares, datas de semeaduras e adubação orgânicas.....	33
Tabela 5 – Esquema da análise de variância individual para delineamento em látices triplos 10 x 10 e 7 x7 e esperanças dos quadrados médios E(QM)	36
Tabela 6 – Esquema da análise de variância agrupada para delineamento em látices triplos 10 x 10 e 7 x7 e esperanças dos quadrados médios E(QM), em modelo aleatório	37
Tabela 7 – Esquema da análise de covariância para delineamento em látices triplos e esperanças dos produtos médios E(PM).....	38

ARTIGO A

Tabela 1 – Municípios de instalação dos ensaios de progênies de cada variedade, locais e ciclos de seleção, safra agrícola, tipos de látices triplo, número de experimentos (Exp), testemunhas intercalares, datas de semeaduras e adubação orgânicas.....	45
Tabela 2 – Quadrados médios de progênies agrupadas dentro de experimentos(QMp/ex) com nível de significância do teste F, quadrados médios residuais (QMe) e coeficiente de variação experimental em porcentagem (CV) para produtividade (PGC, em t ha^{-1}), porcentagem de espigas danificadas (%ED), dias para florescimento (FLO), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), porcentagem de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE), por ciclo e local.....	48

Tabela 3 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (σ_A^2), coeficientes de herdabilidade restrito em porcentagem ($h^2\%$) e ganhos genéticos esperados (GS%) para produtividade (PGC, em $t\ ha^{-1}$), porcentagem de espigas danificadas (%ED), dias para florescimento (FLO), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), porcentagem de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE), por ciclo e local.....	50
Tabela 4 – Estimativas das médias das populações originais (Mo), melhoradas (Mm) e testemunhas (T1 e T2) para produtividade (PGC, em $t\ ha^{-1}$), dias para florescimento (FLO), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm) e porcentagem de espigas danificadas (%ED), plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE).....	53

ARTIGO B

Tabela 1 – Variedades, ciclos, locais, municípios de condução dos ensaios, tipos de látices, números de ensaios, datas de semeadura.....	63
Tabela 2 – Médias gerais ajustadas das progênies agrupadas e nível de significância da fonte de variação progênies dentro de experimentos para produtividade (PGC, em $t\ ha^{-1}$), relação entre PG/PE (RGE), relação de número de espigas por planta (RE), porcentagem de espigas danificadas (%ED), valor médio entre o florescimento masculino e feminino (FLO, em dias), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), porcentagem de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE), por ciclo e local.....	65
Tabela 3 – Estimativas dos coeficientes de correlações genéticas aditivas entre produtividade (PGC, em $t\ ha^{-1}$) e os demais caracteres, relação entre PG/PE (RGE), relação de número de espigas por planta (RE), porcentagem de espigas danificadas (%ED), valor médio entre o florescimento masculino e feminino (FLO, em dias), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), porcentagem de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE), por ciclo e local.....	67
Tabela 4 – Média geral de correlações ambiental (r_E), genética aditiva (r_A) e fenotípica (r_F) de todas as variedades crioulas nos diferentes ciclos e	

locais (acima da diagonal) e respectivos desvios destas médias (abaixo da diagonal) para produtividade (PGC, em t ha⁻¹), relação entre PG/PE (RGE), relação de número de espigas por planta (RE), percentagem de espigas danificadas (%ED), valor médio entre o florescimento masculino e feminino (FLO, em dias), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), percentagem de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE) 70

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	12
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
2.1 AGRICULTURA FAMILIAR	14
2.2 Milho Crioulo	15
2.3 Seleção Recorrente	18
2.3.1 Melhoramento Genético Participativo	19
2.4 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS	21
2.4.1 Estimativas de Variâncias	21
2.4.2 Estimativas de Herdabilidade	24
2.4.3 Estimativas de Correlações	26
3 MATERIAL E MÉTODOS	30
3.1 OBTENÇÃO DAS PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS (MI), CICLOS E LOCAIS DE SELEÇÃO DAS POPULAÇÕES	30
3.2 EXECUÇÃO EXPERIMENTAL	32
3.2.1 Características Utilizadas para a Avaliação das Progênies	32
3.3 ANÁLISE ESTATÍSTICA	35
3.3.1 Análise de Variância Individual e Agrupada	35
3.3.2 Análise de Covariância	38
3.3.3 Correlações	39
4 ARTIGO	41
4.1 PARÂMETROS GENÉTICOS EM MILHO CRIOULO PARA CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE EM SISTEMAS DE AGRICULTURA FAMILIAR	41
4.2 CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS, GENOTÍPICAS E AMBIENTAIS EM SEIS VARIEDADES DE MILHO CRIOULAS AVALIADAS EM SISTEMAS DE AGRICULTURA FAMILIAR	59
REFERÊNCIAS	74

1 INTRODUÇÃO

A agricultura familiar é responsável por 49% da produção nacional de milho e por gerar o maior número de postos de trabalho no meio rural brasileiro, 76,9% da população ocupa-se da atividade agrícola. Apesar desta grande contribuição recebem reduzidos incentivos e créditos financeiros, apenas 25,3% do financiamento destinado à agricultura, o que limita o acesso aos insumos e técnicas preconizados pela agricultura moderna INCRA (2006). Em decorrência disto, agricultores familiares da Região Centro Sul do Paraná, optaram por sistemas rústicos de cultivo, utilizando variedades crioulas.

Na Regulamentação do Sistema Nacional de Sementes e Mudas do Brasil (Lei No. 10711, Art 2, 05/08/2003), as variedades crioulas foram conceituadas como tendo sido desenvolvidas, adaptadas ou produzidas por agricultores familiares, assentados da reforma agrária ou indígenas, com características fenotípicas bem determinadas e reconhecidas pelas respectivas comunidades e que não se caracterizem como substancialmente semelhantes às cultivares comerciais.

O potencial competitivo do material crioulo em relação aos híbridos e variedades melhoradas, em condições rústicas de cultivo com baixa ou nenhuma utilização de insumos foram relatadas por Siqueira et al. (1993), Machado et al. (1998a), Machado (1998b), Soares et al. (1998), Araújo e Nass (2002), Machado et al. (1999), Barros et al. (2005), Oliveira et al. (2005), Kaplum et al. (2005) e Kostetzer et al. (2005). Entretanto, são escassos os estudos genéticos quantitativos com materiais crioulos, semelhantes aos apresentados por Bonomo et al. (2000) e Camolesi (2002), onde foram estimados os componentes de variância genética, herdabilidade e ganhos de seleção.

Nos programas de melhoramento a seleção é direcionada para aumentar a produtividade e qualidade do material, e para isso, há a necessidade de identificação de genótipos superiores reunindo uma série de atributos ou caracteres de interesse agrônomo, que geralmente são quantitativos, com bases genéticas complexas, baixa herdabilidade e elevada interação com o ambiente. Os estudos de genética quantitativa permitem estimar os componentes de variância fenotípica, herdabilidade, ganhos de seleção, correlações genéticas, que são utilizados na escolha da população a ser melhorada, método de seleção e sua eficiência, fornecendo subsídios para o planejamento e condução dos programas de melhoramento. O conhecimento da natureza e a magnitude das relações existentes entre caracteres é importante, pois o melhoramento requer no geral, aprimorar o genótipo não para

caracteres isolados, mas para um conjunto simultaneamente (Vencovsky e Barriga, 1992). Os progressos genéticos esperados para os componentes primários do rendimento dependem de suas correlações genéticas com a produtividade de grãos e também da herdabilidade deste, a qual normalmente é baixa (Ramalho et al., 1993). Apesar disto, a literatura não apresenta estudos de correlações genéticas para variedades crioulas.

Assim, os objetivos deste trabalho foram: a) estimar parâmetros genéticos de seis variedades crioulas, em diferentes ciclos de seleção recorrente com progênes de meio-irmãos, em condições de sistema de agricultura familiar; b) determinar as previsões de ganhos de seleção no Programa de Melhoramento Genético Participativo; c) estimar os coeficientes de correlação que possam auxiliar no Melhoramento Genético Participativo em Milho Crioulo, d) comparar as estimativas genéticas de milho crioulo nas condições de propriedades de agricultores familiares, com as encontradas por outros autores em diferentes tipos de milho cultivados sob outros sistemas de produção.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 AGRICULTURA FAMILIAR

A agricultura moderna possui alta tecnologia que fornece as condições necessárias para se conseguir elevadas produtividades nas propriedades agrícolas, porém a sua utilização é restrita a uma parcela de agricultores, que possuem recursos financeiros para a sua implantação e manutenção.

A maioria das propriedades rurais brasileiras, 85,2% do total, pertence a agricultores familiares, que possuem algumas peculiaridades contrastantes com o atual sistema agrícola. No sistema familiar nem sempre a produtividade máxima é o mais importante; existe um alto grau de diversidade genética intra e inter-específica; uma elevada flexibilidade na tomada de decisões, uso limitado de insumos externos; prática de sistemas sustentáveis de agricultura, reserva de suas sementes para o próximo plantio; a mão-de-obra é concentrada entre os membros da família do próprio agricultor, sendo apenas 4% o correspondente a trabalhadores contratados (INCRA, 2006).

Muitos agricultores optaram pelo sistema rústico de cultivo e uso de variedades crioulas devido ao interesse nas características peculiares dessas, conservação regional e manutenção da autonomia na propriedade pela possibilidade de produção de semente própria (Meneguetti, 2002).

Conforme os dados do IBGE (1995/1996), estas propriedades de agricultura familiar ocupam 30,5% do total da área destinada a agricultura e produzem 37,9% do valor bruto de produção agropecuária nacional. Cerca de 60% dos alimentos consumidos pela população brasileira vêm desse tipo de produção rural e quase 40% do Valor Bruto da Produção Agropecuária são de propriedades de agricultores familiares, que produzem aproximadamente 20 milhões de toneladas de milho, o que correspondente a 49% da produção total nacional (INCRA, 2006).

Além disso, a agricultura familiar é a principal geradora de postos de trabalho no meio rural brasileiro. Mesmo dispondo de apenas 30% da área, é responsável por 76,9% da população ocupada na atividade agrícola. Dos 17,3 milhões trabalhadores em áreas rurais, 13,8 milhões estão empregados na agricultura familiar. Sendo o maior percentual de mão-de-obra familiar encontrada na região Sul, onde a agricultura familiar ocupa 84%.

Mesmo com essa grande contribuição atribuída aos pequenos agricultores, são reduzidos os incentivos e créditos financeiros destinados aos agricultores de baixa renda, que recebem apenas 25,3% do financiamento destinado à agricultura (INCRA, 2006). O que demonstra a maior eficiência por parte dos agricultores familiares no uso do crédito rural que os agricultores patronais, pois produzem mais com menos recursos do crédito rural. Os poucos recursos destinados a estes agricultores limita o acesso aos insumos e técnicas preconizados pela agricultura moderna.

Além do destaque pela produção de alimentos, a agricultura familiar também está relacionada à conservação de variedades crioulas, tradição de cultivo destes materiais e manejo de sua diversidade genética, que representa uma importante fonte de genes para o melhoramento genético (Machado, 1998b). Por isso, deve haver a valorização e reconhecimentos dos agricultores familiares pela contribuição na conservação que garante a continuidade da diversidade genética (Soares, 1998).

O resgate e cultivo das sementes crioulas é um trabalho de afirmação cultural dos povos, construindo laços de comunidade, de preservação da biodiversidade, de aprofundamento das experiências agroecológicas e melhoramento econômico familiar (Canci, 2002).

2.2 MILHO CRIOULO

No Brasil foi elaborada a Regulamentação do Sistema Nacional de Sementes e Mudas (Lei No. 10711, Art 2, 05/08/2003), onde as variedades crioulas foram conceituadas como sendo desenvolvidas, adaptadas ou produzidas por agricultores familiares, assentados da reforma agrária ou indígenas, com características fenotípicas bem determinadas e reconhecidas pelas respectivas comunidades e que não se caracterizem como substancialmente semelhantes às cultivares comerciais.

As variedades crioulas também são conhecidas como variedades locais ou *landraces* e se originaram, ao longo do tempo, pelo cruzamento entre as raças indígenas existentes no Brasil, e com raças introduzidas de outros locais da América Central e América do Norte e vários materiais comerciais, dando origem a muitas variedades com particularidades adaptativas aos locais de cultivo e finalidades de utilização (Paterniani, 1998; Paterniani et al., 2000a).

Atualmente estas variedades em grande parte são cultivadas e conservadas por agricultores familiares. Alguns pesquisadores e agricultores as denominam *milho de paiol*, e por possuírem distintas características passaram a identificá-las pelos agricultores por vários nomes, tais como: Caiano, Armour, Comum, Dente de Cavalo e Itaiçi entre outros (Paterniani, 1998).

Essas variedades sofreram processo de melhoramento de forma empírica, através da seleção de plantas mais adaptadas às regiões na qual foram desenvolvidas, ao longo das gerações (Weid e Dantas, 1998; Barbieri, 2003). Atualmente, a seleção em sua maioria, continua sendo empírica, pela falta de assessoria e trabalhos de pesquisa a respeito das variedades crioulas.

O declínio no cultivo destas variedades teve início a partir da chamada “revolução verde” na década de 1970, pois a obtenção de financiamento agrícola era condicionada ao uso de sementes melhoradas, adubos, herbicidas, inseticidas e implementos (Kageyama et al., 1998).

A preservação das variedades crioulas está ameaçada pela sua substituição por outros cultivares, já que os materiais melhorados se mostraram produtivamente mais atraentes. Porém mesmo com um percentual de produção mais elevado, os cultivares melhorados possuem poucos ancestrais de elite para a sua obtenção, fazendo com que haja vulnerabilidade devido à estreita base genética (Faria e Montalván, 1999). Isto foi evidenciado através do trabalho de Goodman (1990), que cita que cerca de apenas seis linhagens e descendentes próximos são responsáveis por, aproximadamente, 70% da genética de todas as cultivares híbridas americanas naquela década.

O cultivo dessas variedades crioulas durante sucessivas gerações possibilitou, em grande parte, a conservação do germoplasma “on farm”, mantendo a ampla variabilidade do milho crioulo. Estas variedades ainda são mantidas neste sistema de cultivo e representam uma excelente alternativa para as condições de produção, econômica e social dos agricultores familiares (Schuch, 2005).

A conservação das variedades crioulas serve como um reservatório genético, onde seus genes podem ser utilizados no melhoramento per se e em cruzamentos, através da sua introdução em cultivares já existentes. O elevado potencial de adaptação destes materiais os tornam importantes fontes de genes para condições ambientais específicas (Paterniani et al., 2000a).

Muitas variedades crioulas apresentam elevado potencial produtivo nas condições rústicas de cultivo com baixa ou nenhuma utilização de insumos. Machado (1998b)

afirma que muitas destes materiais competem com híbridos nestas condições. Martinelli et al. (2003) observaram que, sob condições rústicas de cultivo, cerca de 83% das populações crioulas avaliadas não diferiram significativamente da melhor testemunha comercial (AGN2012) para produtividade, as duas melhores populações (Caiano e Macaco) apresentaram produtividade de 4,99 t ha⁻¹ e 4,76 t ha⁻¹, respectivamente. Hidalgo (2004) avaliou o potencial per se e em cruzamento de 79 variedades de milho crioulo, com o intuito de identificar materiais promissores para melhoramento através de seleção recorrente e para a síntese de compostos, em condições de agricultura familiar. Seus resultados demonstraram um desempenho superior de várias variedades crioulas sobre as testemunhas híbridas (AG1051 e C125), ampla variação entre os materiais, com produtividade de até 5,93 t ha⁻¹ para variedades per se e de 7,68 t ha⁻¹ para estimativa de síntese compostos de tamanho igual a cinco. Araújo e Nass (2002) estudaram vinte e cinco variedades crioulas, que chegaram a produzir 86,9 % da produtividade da testemunha híbrida (AG122), variando de 6,91 a 2,14 t ha⁻¹. Resultados semelhantes a estes, que relatam pelo menos algumas das variedades crioulas estudadas possuem potencial igual ou superiores a híbridos, em condições de estresses abiótico e biótico, também foram mostrados por vários autores Machado et al (1998a), Soares et al. (1998), Machado (1999), Barros et al. (2005), Oliveira et al. (2005), Kaplum et al. (2005) e Kostetzer et al. (2005).

Alguns autores têm apresentado as variedades crioulas como fontes para uso em programas de melhoramento genético. De acordo com Camolesi (2002), atualmente estas variedades são bem adaptadas às condições ambientais e ao sistema de cultivo adotado pelos agricultores familiares da Região Centro Sul do Paraná, já que a conservação deste germoplasma “on-farm”, através do contínuo sistema de seleção natural, manteve ativo o processo adaptativo das populações. Em seu trabalho, avaliou progênies de meio-irmãos, visando estimar a variabilidade genética e o potencial genético das variedades Palha Roxa e Macaco, em dois locais. Os resultados revelaram o potencial dessas variedades, tanto para a utilização per se ou em programas de melhoramento. As estimativas das variâncias genéticas aditivas observadas para produtividade na variedade Palha Roxa foram de 770,16 e 249,25 (g pl⁻¹)² para cada local, respectivamente, e para a variedade Macaco de 414,97 (g pl⁻¹)² e 591,21 (g pl⁻¹)². As médias de produtividade foram de 78,36 a 157,76 (g pl⁻¹) e de 111,04 a 142,24 (g pl⁻¹) para as variedades Palha Roxa e Macaco, respectivamente.

Kageyama et al. (1998) e Araújo e Nass (2002) apresentam que as variedades crioulas são fonte de variabilidade genética e possuem alelos que conferem tolerância e/ou resistência aos fatores bióticos e abióticos. Spaner et al., (1995) relataram

tolerância a solos ácidos e secos e Machado et al., (1998a) e Al. Álvarez e Miranda Filho (2002), evidenciaram em seus estudos, resistência a insetos. Machado e Fernandes (2001), relataram eficiência no uso de nitrogênio. Apesar de existirem vários estudos que demonstram o potencial competitivo do milho crioulo em relação ao milho híbrido, quase nenhum dos trabalhos realizados fornece informações genéticas em milho crioulo, qualitativas ou quantitativas, determinando seu potencial genético para o melhoramento.

2.3 SELEÇÃO RECORRENTE

Os primeiros programas de melhoramento genético surgiram no Brasil por volta de 1930, com o intuito de desenvolver variedades, compostos melhorados e híbridos através do uso de raças comerciais antigas e recentes e de inúmeras introduções de germoplasma oriundos de diferentes partes do mundo (Paterniani, 1998).

Dentre os métodos de melhoramento de populações o mais utilizado é a seleção recorrente. Este método foi proposto em 1945 por Hull, com o significado de se proceder a resseleção, geração após geração, com recombinação do material selecionado (Paterniani e Miranda Filho, 1978).

Através deste método melhora-se o desempenho das populações, com base genética restrita ou ampla, de forma contínua e progressiva através do aumento das freqüências dos alelos favoráveis dos caracteres sob seleção e, com o decorrer dos ciclos de seleção recorrente, o desempenho médio das populações melhora, sendo possível a retirada de novas amostragens na mesma população que será capaz de permitir a seleção de genótipos superiores àqueles já extraído. Os esquemas de seleção recorrente são classificados em seleção recorrente intrapopulacional e interpopulacional. Enquanto que na seleção recorrente intrapopulacional o objetivo é melhorar as performances per se das populações, na interpopulacional visa o melhoramento de duas populações simultaneamente visando obter híbrido interpopulacional. Cada ciclo de seleção recorrente é constituído por quatro etapas: obtenção de progênies, o uso de progênies permite avaliar o valor genotípico das plantas através da performance fenotípica média de seus descendentes; avaliação das progênies, que ocorre em experimentos com repetições instalados nos locais que representam os ambientes em que será cultivado; seleção das progênies, realizada com base nas médias dos caracteres; e recombinação das progênies selecionadas ou de genótipos relacionados a elas, que é realizada

através do inter cruzamento das progênies selecionadas, evitando o cruzamento de plantas aparentadas, com o objetivo gerar variabilidade genética para o próximo ciclo de seleção (Souza Jr., 2001).

A seleção recorrente intrapopulacional pode ser esquematizada conforme o tipo de progênie (meio-irmãos, irmãos germanos, endogâmicas) obtida por diferentes sistemas de cruzamento e que ocasionam diferentes tamanhos efetivos populacionais (N_e). O número de progênies avaliadas na seleção recorrente é importante, devendo representar a variabilidade genética da população. Amostras pequenas podem acarretar a perda de alelos favoráveis ou a fixação de alelos indesejáveis. Durante a recombinação, os tamanhos efetivos para os diferentes tipos de progênies são, aproximadamente, iguais a $4N$ para meio-irmãos, $2N$ para irmãos germanos e N para linhagens endogâmicas. Isto indica que pode ser realizada seleção com maior intensidade nas progênies de meio-irmãos. Comparando-se os esquemas de meio-irmãos com irmãos germanos, verifica-se que a variância entre progênie de meio-irmãos é menor que a encontrada em irmãos germanos (Souza Jr., 2001).

Desses métodos de melhoramento intrapopulacional de milho, o que se baseia em progênies de meio-irmãos vem sendo o mais utilizado, pela facilidade de condução e eficiência em incrementar a frequência de genes favoráveis nas populações, permitindo a obtenção de progressos de forma rápida, em virtude de se realizarem até duas gerações por ano, com a recombinação das progênies selecionadas fora da estação normal de cultivo (Paterniani e Campos, 1999).

O melhoramento torna-se de grande importância para o aprimoramento de caracteres agrônômicos em variedades crioulas, permitindo aos agricultores produzirem a sua própria semente com qualidade, produtividade a custo baixo.

2.3.1 Melhoramento Genético Participativo

O melhoramento genético participativo baseia-se nos conhecimentos da genética vegetal convencional, da fitopatologia e economia, combinando-os com da antropologia, sociologia, conhecimento dos produtores e com os princípios da pesquisa de mercado e desenvolvimento de produto. A organização é totalmente descentralizada, o trabalho é desenvolvido com grupos de produtores e/ou comunidades agrícolas, podendo ou

não haver o lançamento formal de variedades e a difusão das sementes ocorre em âmbito formal e/ou local (Weltzien et al, 2000).

Atualmente, o melhoramento participativo e o manejo da diversidade genética que busca resgatar, avaliar, caracterizar, selecionar e conservar os recursos genéticos de uma espécie possuem papel importante nas comunidades de agricultura familiar, onde são comuns os problemas de estresses ambientais, contribuindo para a construção de um sistema agrícola sustentável, com o aumento da renda e a agregação de valores ambientais e sociais, fornecendo aos agricultores, autonomia sobre a produção de sementes (Machado, 1998a; Machado 2000; Machado e Fernandes 2001).

De acordo com a Ação Global para a conservação e uso dos recursos fitogenéticos na agricultura, adotada na IV Conferência realizada em Leipzig Alemanha, em 1996, a realização do melhoramento genético de forma descentralizada, com a finalidade de desenvolvimento de plantas adaptadas regionalmente e condução das pesquisas de forma participativa com agricultores familiares, é importante para garantir a manutenção e o desenvolvimento das variedades locais (Canci, 2004).

Em 1993, na região Centro-Sul do Paraná, a AS-PTA propôs o início de um programa voltado para a promoção da sustentabilidade da agricultura familiar. Por meio de abordagens participativas voltadas para a dinamização de processos sociais de inovação técnica e sócio-organizativa, se concretizou um amplo programa regional orientado para gerar e disseminar referências agroecológicas para o manejo dos agroecossistemas da região. O programa mobilizou agricultoras e agricultores, adultos e jovens, inseridos em dinâmicas permanentes de experimentação e de formação (Tardin et al., 2004b).

Em 1999, teve início o Programa de Melhoramento Genético Participativo de Variedades Crioulas entre o Departamento de Biologia da UEL (Universidade Estadual de Londrina), a AS-PTA (Assessoria e Serviços á Projetos em Agricultores Alternativa) do Paraná, e agricultores familiares de 22 municípios da Região Centro Sul do Paraná, que busca a conservação das variedades crioulas ex situ, no Banco de Germoplasma Crioulo Paulo Rochinski, instalado no laboratório de Melhoramento Genético da UEL, e a conscientização e orientação aos agricultores familiares para que valorizem o seu sistema de uso da terra, a conservação on farm e o melhoramento genético (Tardin et al., 2004a).

Desta forma, todo o planejamento, desde a escolha do material, sistema de cultivo, melhor método e procedimentos a serem tomados no programa de melhoramento, foram escolhidos e desenvolvidos pelos agricultores familiares assessorados pela equipe de

melhoramento da UEL em conjunto com a AS-PTA, sendo as variedades diretamente melhoradas em suas propriedades para as condições e sistema de cultivo.

Atualmente, conforme relatam Almeida e Freire (2004), este melhoramento direcionado para os locais de cultivo de pequenos produtores não ocorre por parte das políticas governamentais, na realidade, o que estas oferecem são sementes de poucas variedades desenvolvidas em centros de pesquisa, nem sempre adaptadas às condições ambientais e ao sistema de cultivo dos agricultores familiares.

2.4 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS

A estimação de parâmetros genéticos visa a obtenção de informações sobre o tipo de ação dos genes que controla o caráter e as condições para a avaliação dos programas de melhoramento genético de populações, auxiliando na escolha dos métodos de melhoramento, dos locais de condução dos experimentos, do número de repetições a ser utilizado e a predição de progresso genético com a seleção (Robinson e Cockerham, 1965; Vencovsky, 1969; Borém, 1998).

As populações selecionadas podem ser utilizadas diretamente em sistemas de produção ou participarem de programas de melhoramento. O potencial destas pode ser avaliado por observação de sua performance ou através da análise de suas propriedades genéticas, o que depende de delineamentos específicos. Os principais parâmetros são a média, o componente aditivo da variância genética, o coeficiente de herdabilidade e as correlações genéticas entre as mais importantes características (Hallauer e Miranda Filho, 1995).

Os progressos genéticos esperados para os componentes primários do rendimento dependem das correlações genéticas com a produtividade de grãos e também da sua herdabilidade, a qual normalmente é baixa por se tratar de herança quantitativa (Ramalho et al., 1993).

2.4.1 Estimativas de Variâncias

Os componentes de variabilidade fenotípica resultam da ação conjunta dos efeitos genéticos e ambientais. Os efeitos ambientais mascaram os genéticos, e desta forma, à

variabilidade total em relação a maior variabilidade ocasionada pelos efeitos ambientais dificulta a seleção de genótipos superiores. Os efeitos genéticos, de uma população panmítica, podem ser decompostos em variância genética aditiva, que está associada aos efeitos médios dos genes; variância genética dominante, que está associada aos efeitos das interações intralélicas e variância genética epistática, que é devido aos efeitos das interações interalélicas (Hallauer e Miranda Filho, 1995).

A eficiência de seleção no melhoramento de populações baseia-se, principalmente, na utilização da variância genética aditiva. Os métodos de melhoramento neste sentido envolvem a recombinação dos melhores indivíduos das famílias, com base em avaliação fenotípica ou genotípica, objetivando o aumento da frequência dos alelos desejáveis (Russel, 1975).

Em experimentos com progênies de meio-irmãos, estima-se a variância genética aditiva, que permite ao melhorista a verificação das alterações na variabilidade genética e a escolha do melhor método de seleção, fornecem subsídios para o planejamento e condução dos experimentos dentro dos programas de melhoramento (Hallauer e Miranda Filho, 1995; Carvalho, et al., 1999).

A variância aditiva é o mais importante componente estimado, pois é quem principalmente determina as propriedades genéticas observadas de uma população e de que conseqüências ocorrerão após passar por seleção (Falconer, 1964).

No Brasil predominam trabalhos que envolvem progênies de meioirmãos, sendo possível à estimativa da variância genética aditiva, da herdabilidade e, conseqüentemente do progresso esperado com a seleção (Souza Jr., 1983).

Tozetti et al. (1995), avaliando 100 progênies de híbridos interpopulacionais, obtidos do cruzamento em top-cross entre as populações do Composto Dentado e Composto Flint, relataram variância genética aditiva de 19,95% para porcentagem de plantas acamadas. Para as características porcentagem de plantas acamadas e quebradas estudadas por Pacheco et al. (1998), em duas populações de meio-irmãos de milho pipoca, as estimativas de variância genética aditiva foram de unidade 0,005 e 0,429% para população CMS-42 e 0,101 e 0,243% para CMS-43. Para estas mesmas características Granate et al. (2002), ao avaliarem o composto de milhopipoca CMS 43, relataram variâncias genéticas aditivas de 3,72 e 3,40% para plantas acamadas e quebradas, respectivamente.

Na Tabela 1 e 2 estão apresentadas algumas estimativas de variância aditiva para prolificidade (n° espigas pl^{-1})², produção ($g\ pl^{-1}$)² e altura de planta e espiga (cm)² em população de milho, respectivamente.

Tabela 1 – Estimativas de variância genética aditiva (σ_A^2) para prolificidade (10^{-3}) e para produção (g pl^{-1})² em populações de milho.

População	prolificidade	Produção	Referência
Dentado Composto	36,8	677,4	Lemos et al. (1992)
Composto GN	----	502,1 a 761,7	Nass e Miranda Filho (1999)
ESALQ-PB1 (R ⁻)	----	227,6 a 315,3	Araújo (1992)
ESALQ-PB1 (R ⁺)	----	164,4 a 402,4	Araújo (1992)
ESALQ-PB1 (PO)	----	202,5 a 558,8	Araújo (1992)
ESALQ-PB1 (E ⁻)	----	162,6 a 217,2	Araújo (1992)
ESALQ-PB1 (E ⁺)	----	238,2 a 301,5	Araújo (1992)
NAP-PM	----	91,1	Costa et al. (2000)
IAC V3	----	623,3	Paterniani et al. (2000b)
Composto Flintisa	----	595,9	Anjos e Andrade (2000)
BR-106	4,7	----	Pinto et al. (2000)
BR-105	7,5	----	Pinto et al. (2000)
CMS 43	1,5 (10^{-2})	----	Granate et al (2002)
Composto GN-04	2,0 (10^{-2})	128,0	Cunha (2004)
IG-1 x IG-2 (ciclo 0)	26,4	118,2	Santos et al. (2005)
IG-1 x IG-2 (ciclo 3)	15,0	70,7	Santos et al. (2005)
Pop. Brasileiras (58)	----	309,0	Vencovsky et al. (1988)
Pop. Americanas (99)	45,9	469,1	Hallauer e Miranda Filho (1995)

Tabela 2 – Estimativas de variância genética aditiva (σ_A^2) para altura de planta e espiga (cm)² em populações de milho.

População	Altura de pl.	Altura de esp.	Referência
Dentado Composto	289,4	237,6	Lemos et al. (1992)
ESALQ-PB1 (R ⁻)	213,3 a 260,7	139,6 a 189,9	Araújo (1992)
ESALQ-PB1 (R ⁺)	174,5 a 216,3	117,2 a 141,6	Araújo (1992)
ESALQ-PB1 (PO)	284,6 a 304,1	140,1 a 279,41	Araújo (1992)
ESALQ-PB1 (E ⁻)	87,4 a 148,8	61,5 a 65,8	Araújo (1992)
ESALQ-PB1 (E ⁺)	199,7 a 290,6	156,9 a 165,6	Araújo (1992)
Hb interpopulacionais	78,44	50,75	Tozetti et al. (1995)
Composto Flint	128,9	62,4	Franchini et al. (1998)
BR-105	185,7	127,5	Arias e Souza Jr (1998)
BR-106	109,3	74,0	Arias e Souza Jr (1998)
CMS-42	----	210,6	Pacheco et al. (1998)
CMS-43	----	358,4	Pacheco et al. (1998)
BR-105	93,8	63,9	Pinto et al. (2000)
BR-106	96,1	46,0	Pinto et al. (2000)
Sintético	842,83	----	Saleh et al. (2002)
CMS 43	51,4	29,7	Granate et al. (2002)
Composto GN-4	256,6	136,8	Cunha (2004)
IG-1 x IG-2 (ciclo 0)	82,3	56,0	Santos et al. (2005)
IG-1 x IG-2 (ciclo 3)	49,0	41,2	Santos et al. (2005)
Pop. Americanas (99)	212,9	152,7	Hallauer e Miranda Filho (1995)

Para florescimento masculino e feminino, as estimativas de variâncias genéticas relatadas no estudo de 10 populações sintéticas de milho doce, realizado por Saleh et al. (2002), foram de 22,82 e 14,82; respectivamente. Já no trabalho realizado por Tozetti et al. (1995) observaram variância genética de 1,17 para dias de florescimento masculino. Araújo (1992) observou variâncias genéticas aditivas significativas, para dias de florescimento feminino, de 3,62 e 4,27 para ESALQ-PB1 (R⁻); 4,57 e 6,64 para ESALQ-PB1 (R⁺); 5,47 e 6,11 para ESALQ-PB1 (PO); 1,87 e 4,97 para ESALQ-PB1 (E⁻) e 2,67 e 3,80 para ESALQ-PB1 (R⁺), em Londrina e Vila Velha, respectivamente.

As estimativas de variância genética, para o caráter espigas danificadas, estudadas por Franchini et al. (1998), em 100 progênies de meio-irmãos de uma subpopulação de milho (*Zea mays* L.) Composto "Flint", foram de 0,374 (número de espigas doentes por parcela)² para, e de 0,0015 (número de espigas danificadas pelas lagartas por parcela)² para danos causados por lagarta-da-espiga (cm). Enquanto que este mesmo caráter no trabalho de Tozetti et al. (1995), apresentou variância genética aditiva de espiga danificada igual a 53,96 %.

2.4.2 Estimativas de Herdabilidade

A herdabilidade é utilizada para se avaliar a confiança do valor fenotípico como indicador do valor genotípico, sendo dependente da magnitude de vários componentes de variância, afetada pela mudança de qualquer um deles (Falconer e Mackay, 1996). A herdabilidade não é uma propriedade do caráter unicamente, mas também da população e das circunstâncias ambientais a que estão sujeitos os indivíduos que compõem a mesma.

As estimativas de herdabilidade podem ser consideradas apenas para a população e condição ambiental da qual se originou, o que faz com que os experimentos conduzidos com o intuito de obter a herdabilidade devam ser conduzidos em ambientes semelhantes ao qual as estimativas serão aplicadas, isso está de acordo com os programas de melhoramento genético participativo, pois os experimentos são conduzidos na própria região em que as variedades serão cultivadas (Borém, 1998).

É possível se estimar dois tipos de herdabilidade: herdabilidade no sentido amplo e restrito. A herdabilidade no sentido amplo é a razão da variância genotípica pela

variância fenotípica, já a no sentido restrito é a razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica (Falconer e Mackay, 1996).

Devido à importância atribuída a herdabilidade, deve-se conhecê-la para a condução do programa de melhoramento, sendo muitas das decisões práticas tomadas em função da sua magnitude (Fehr, 1987).

A herdabilidade no sentido restrito é mais útil por quantificar a importância relativa da proporção aditiva da proporção genética, que pode ser transmitida para a próxima geração, e desta forma, acaba demonstrando a porcentagem do carácter que pode ser herdada aos descendentes (Fehr, 1987; Borém, 1998), permitindo prever o ganho com a seleção.

A característica produtividade geralmente apresenta baixa herdabilidade, o que pode ocorrer devido ao fato desse carácter ser controlado por um elevado número de genes, que ocasiona uma maior influência ambiental e uma menor relação entre a variância genética e fenotípica. Esta baixa herdabilidade em milho é confirmada por diversos autores, como Lemos et al. (1992), González et al. (1994), Tozetti et al. (1995), Franchini et al. (1998), Silva et al. (2001), Vilarinho et al. (2002), que encontraram estimativas de herdabilidade variando de 3,74 a 31,0%.

Para o carácter prolificidade alguns autores observaram coeficientes de herdabilidade, que variaram de 2,26% a 15,81% (Lemos et al., 1992; González et al., 1994; Silva et al., 2001) e outros moderados, variando de 40,79% a 65,30% (Pinto et al., 2000; Granate et al., 2002).

Vários autores também estudaram os caracteres altura de planta e espiga, que apresentaram estimativas de herdabilidade desde baixa a alta. As estimativas encontradas foram de 40,65% e 56,15% (Lemos et al., 1992); 53,79% a 81,21% para diferentes subpopulações da ESALQ-PB1 (Araújo, 1992); 9,30% e 7,38%, ciclo I, e de 40,65% e 56,15%, ciclo II (González et al., 1994); 31,02% e 31,57% (Tozetti et al., 1995); 31,9% e 36,5% (Pacheco et al., 1998); 70,0% e 55% (Franchini et al., 1998); 58,74% e 61,83%, BR-105, e de 55,37% e 59,14%, BR-106 (Pinto et al., 2000); 31,56% e 65,56% (Silva et al., 2001); 17,90% e 18,12% (Granate et al., 2002) para altura de planta e espiga, respectivamente.

Com relação às características plantas acamadas e quebradas, foram observadas herdabilidades moderadas. A literatura apresenta estimativas de herdabilidades de 25,55% (Tozetti et al., 1995); 2,8% e 38,7% (Pacheco et al., 1998); 11,40% (Granate et al., 2002) para porcentagem de plantas acamadas e de 47,0% e 43,7% (Pacheco et al., 1998) e de 19,29% e 11,40% (Granate et al., 2002) para porcentagem de plantas quebradas.

Outras características, como florescimento, tanto feminino como masculino, e porcentagem de espigas danificadas, apresentaram valores de moderados a baixos. Araújo (1992) estimou herdabilidades de 56,21% para ESALQ-PB1 (R^-); 70,08% para ESALQ-PB1 (R^+); 59,37% para ESALQ-PB1 (PO); 51,31% para ESALQPBI (E) e 41,58%. Tozetti et al. (1995) obtiveram estimativas de herdabilidade de 33,16% para porcentagem de espigas danificadas e de 41,15 para dias de florescimento masculino. Franchini et al. (1998) relataram herdabilidades de 19% para espigas doentes por parcela e de 6% danos lagarta-da-espiga (cm).

2.4.3 Estimativas de Correlações

Correlação é a medida da intensidade de associação entre duas variáveis ou a medida do grau da variação conjunta dessas variáveis (Steel e Torrie, 1960). O conhecimento da associação entre caracteres é um importante estudo nos programas de melhoramento, porque mudanças em um determinado caráter podem ocasionar mudanças em outro (Vencovsky e Barriga, 1992), o que auxilia nos trabalhos de melhoramento vegetal, pois a seleção de genótipos superiores é uma tarefa difícil no melhoramento, já que os caracteres de interesse agrônômico geralmente são quantitativos, de baixa herdabilidade.

Desta forma, a estimação de correlações é útil para distinguir e quantificar o grau das associações entre os caracteres, para o melhoramento simultâneo de um conjunto de caracteres e para a seleção de um caráter que apresenta dificuldades de avaliação, e/ou baixa herdabilidade, mas que é correlacionado com outro de fácil aferição e de alta herdabilidade (Santos e Vencovsky, 1986; Cruz e Regazzi, 1994).

O que se visualiza diretamente nos experimentos são as correlações de natureza fenotípica, sendo necessário distinguir a causa genética e a ambiental, para os estudos genéticos (Vencovsky e Barriga, 1992). A correlação genética mede a associação genética entre dois caracteres, interferindo ou participando na seleção. A correlação genética pode ser causada por efeito pleiotrópico, quando um gene afeta duas ou mais características, e caso ocorra à segregação do gene causará variação simultânea nos dois caracteres, ou ser causada por desequilíbrio de ligação, que é transitória, expressando-se apenas na primeira geração, o que ocorre principalmente em populações oriundas de cruzamentos divergentes e

induz aos erros de seleção (Vencovsky, 1978; Ramalho et al, 1993; Hallauer e Miranda Filho, 1995).

A correlação ambiental ocorre quando duas características são influenciadas pelas mesmas variações nas condições ambientais. Correlações negativas indicam que o ambiente beneficia uma das características em detrimento da outra, e quando positivas ambas características são beneficiadas ou prejudicadas pelas variações ambientais (Cruz e Regazzi, 1994).

A diferença no sinal entre as correlações genotípicas e ambiental ocorre porque as fontes de variação genética e ambiental afetam os caracteres através de mecanismos fisiológicos diferentes (Falconer, 1964).

Chaudaury et al. (1973) relataram que efeitos ambientais podem dificultar a seleção de genótipos superiores, uma vez que os caracteres de importância agrônômica, em sua maioria quantitativos, apresentam base genética complexa, além de serem altamente influenciados pelo ambiente, o que torna mais que necessário a obtenção de ferramentas auxiliares, como a associação entre caracteres, para o sucesso dos programas de melhoramento.

Devido à importância das correlações genéticas nos programas de melhoramento genético, muitos trabalhos vêm sendo desenvolvidos para identificá-las e quantificá-las em variedades sintetizadas e compostos de milho. Lemos et al. (1992), ao avaliarem o segundo ciclo de seleção de 400 progênies de meio-irmãos de milho dentado composto relataram correlações genéticas, fenotípicas e ambientais de 0,6147; 0,2504 e 0,1697 entre peso de grãos e altura de planta; e valores de 0,8616; 0,4251 e 0,3620 entre peso de grãos e prolificidade, todas significativas a 1% de probabilidade.

Araújo (1992) estimou correlações genéticas significativas entre 0,048 a 0,715 para produtividade e altura de planta; 0,219 a 0,660 entre produtividade e altura de espiga; de -0,144 a 0,691 entre produtividade e florescimento feminino; de 0,614 a 0,929 entre altura de planta e altura de inserção da espiga; de -0,416 a 0,743 entre altura de planta e florescimento feminino; e de -0,412 a 0,652 entre altura de espiga e florescimento feminino.

González et al. (1994) utilizaram dois ciclos de seleção recorrente entre e dentro de famílias de meio-irmãos no milho Dentado Composto, em quatro ambientes. Estes autores relataram correlações genéticas, fenotípicas e ambientais altamente significativas entre peso de grãos com altura de planta de -0,26 e 0,61; 0,85 e 0,25; 0,92 e 0,17 para o primeiro e segundo ciclo, respectivamente. Entre peso de grãos e número de espigas por planta foram de 0,51 e 0,86; -0,81 e 0,43; -0,85 e 0,36; na mesma ordem.

Hallauer e Miranda Filho (1995) apresentam médias de correlações genéticas relativamente baixas entre produtividade e as características altura de planta (0,26), altura de espiga (0,31), prolificidade (0,43) e dias para florescimento (0,14). Para altura de planta foram estimadas médias de correlações com altura de espiga (0,81), prolificidade (0,12) e dias para florescimento (0,32); e, para altura de espigas, relações iguais a 0,14 para prolificidade e 0,42 para dias de florescimento.

Cavalett et al. (2000), avaliaram um experimento com sementes de milho (cv. G-159 S) da Ciba Sementes conduzido em campo, nas condições de plantio direto, no município de Toledo, PR, em um Latossolo Vermelho Eutroférico, de fertilidade média a alta. Dentre as correlações genéticas estimadas relataram o valor não significativo de $-0,16$ entre produtividade e altura de planta.

Pinto et al. (2000) avaliou as populações BR-105 e BR-106 com a finalidade de determinar o número adequado de progênies para avaliação, para 200 progênies, para as populações BR-105 e BR-106, encontrou correlações genéticas de 0,23 e 0,29, respectivamente, entre os caracteres peso de espiga e altura de planta; de 0,14 e 0,30 entre peso e altura de espiga; de 0,76 e 0,86 entre peso de espiga e prolificidade; de 0,89 e 0,95 entre altura de planta e espiga; de $-0,24$ e 0,21 entre altura de planta e prolificidade e de $-0,13$ e 0,27 entre altura de espiga e prolificidade.

Silva et al. (2001) avaliaram 100 progênies de meio-irmãos selecionadas ao acaso após a segunda multiplicação do composto ESAM-1, as correlações genéticas foram não significativas entre produção e altura de planta (0,11), entre produção e altura de espiga (0,08), altura de planta e prolificidade ($-0,14$) e entre altura de espiga e prolificidade (0,07). Valores significativos a 1% foram encontrados nas correlações genéticas entre altura de planta e altura de espiga (0,88) e significativos a 5% entre produção e prolificidade (0,43). Correlações fenotípicas significativas a 1% foram encontradas entre produção e altura de planta (0,28), entre produção e altura de espiga (0,22), entre altura de planta e altura de espiga (0,84) e não significativas entre produção e prolificidade (0,19), altura de planta e prolificidade (0,05) e altura de espiga e prolificidade (0,11).

Farias Neto e Miranda Filho (2001) estudando quatro sub-populações derivadas da população ESALQ-PB1, após seis ciclos de seleção, obtiveram médias de estimativas de correlação genética e fenotípica entre altura de planta e altura de espigas de 0,8000 e 0,778; respectivamente. As correlações genéticas e fenotípicas entre altura de planta e produtividade foram de 0,087 a 0,342 e 0,122 a 0,361; respectivamente. Entre altura de espiga e produtividade vai de 0,176 a 0,503 e 0,033 a 0,388; respectivamente.

Saleh et al. (2002), estudaram dez populações sintéticas de milho e encontraram coeficientes de correlações fenotípicas não significativas entre prolificidade e altura de planta (0,35), prolificidade e florescimento masculino (0,05), prolificidade e florescimento feminino (-0,06). E valores significativos a 1% entre altura de planta e florescimento masculino (0,67), altura de planta e florescimento feminino (0,53) e entre florescimento masculino e feminino (0,94).

Granate et al. (2002), na avaliação de famílias de meio-irmãos do milhopicoca CMS 43, em Sete Lagoas estimaram correlações genotípicas de 0,9662 entre altura de planta e espiga; -0,8707 entre altura de planta e plantas quebradas; 0,7409 entre altura de planta e prolificidade; -0,6169 entre altura de espiga e plantas quebradas; 0,9836 entre altura de espiga e prolificidade; e 0,6222 entre plantas quebradas e prolificidade.

Daros et al. (2004), avaliaram dois ciclos de seleção recorrente intrapopulacional em milho-pipoca, no primeiro ciclo foram estudadas 75 famílias de irmãos completos e no segundo ciclo 222 famílias endogâmicas, em dois locais a cada ciclo. Para a avaliação das famílias endogâmicas na análise conjunta dos dois locais foram obtidas estimativas de correlações fenotípicas significativas a 5% entre número de espigas danificadas e porcentagem de plantas quebradas (0,154) e entre número de espigas danificadas e produção (-0,157); e não significativas entre porcentagem de plantas quebradas e produção (-0,121). As correlações genéticas foram não significativas entre número de espigas danificadas e porcentagem de plantas quebradas (0,117), entre número de espigas danificadas e produção (-0,112) e entre porcentagem de plantas quebradas e produção (-0,046). As correlações ambientais foram significativas a 1% entre número de espigas danificadas e produção (-0,181) e não significativas entre número de espigas danificadas e porcentagem de plantas quebradas (0,123) e entre porcentagem de plantas quebradas e produção (-0,065).

Santos et al. (2005), ao estudarem o ciclo 0 e ciclo 3 dos descendentes entre o cruzamento de duas populações de irmãos germanos, IG-1 e IG-2, relataram coeficientes de correlação genética de 0,44 e 0,42 entre peso de grãos e altura de planta; de 0,52 e 0,26 entre peso de grãos e altura de espiga; de 0,81 e 0,60 entre peso de grãos e prolificidade; de 0,82 e 0,81 entre altura de planta e altura de espiga; de 0,56 e 0,47 entre altura de planta e prolificidade; e de 0,65 e 0,36 entre altura de espiga e prolificidade, respectivamente.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 OBTENÇÃO DAS PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS (MI), CICLOS E LOCAIS DE SELEÇÃO DAS POPULAÇÕES

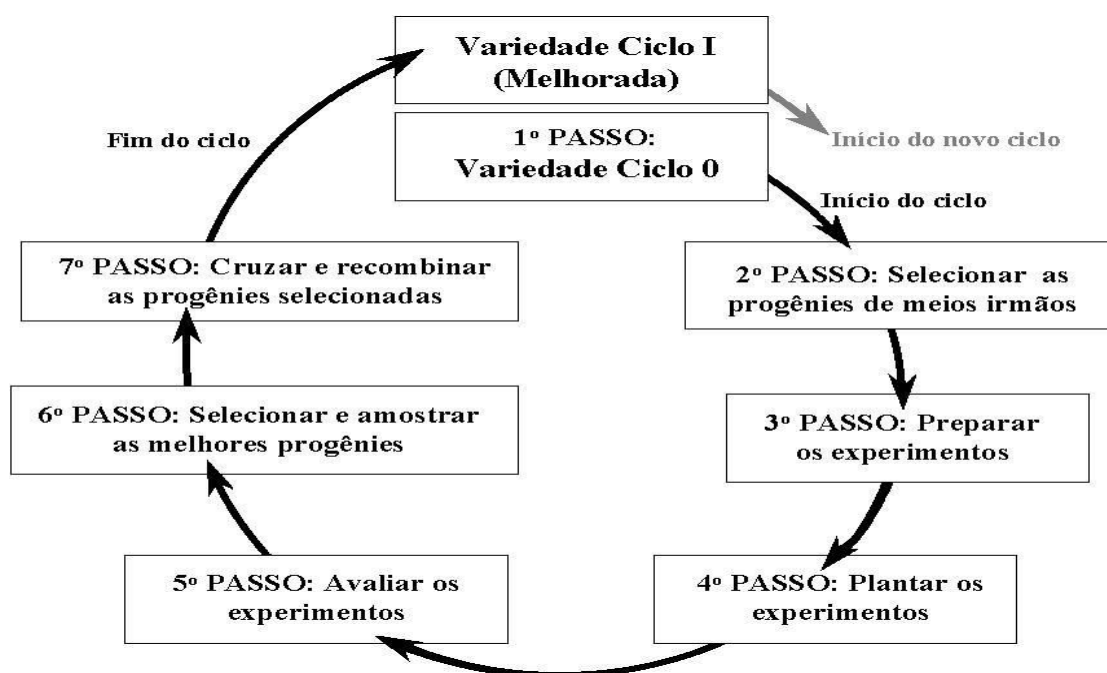
Desde 1999, o Departamento de Biologia da UEL (Universidade Estadual de Londrina) e a AS-PTA (Assessoria e Serviços á Projetos em Agricultores Alternativa) do Paraná, vem atuando em parceria com agricultores familiares de 22 municípios da Região Centro Sul do Paraná, com o intuito da conservação e melhoramento de variedades de milho crioulo. Deste Programa de Melhoramento Genético Participativo foram utilizadas seis variedades crioulas, sendo quatro de endosperma amarelo (Caiano, Carioca, Macaco e Palha Roxa) e duas branco (Cinquentinha e Maizena). O melhoramento destas variedades foi conduzido de forma independente, através de dois a três ciclos de seleção recorrente com progênies de meio-irmãos (MI) em ambos os sexos, segundo a metodologia apresentada por Paterniani e Miranda Filho (1978) e Hallauer e Miranda Filho (1995). Os ciclos de seleção envolveram a obtenção de progênies pelos agricultores familiares em lotes isolados, dentro de suas propriedades, obedecendo a restrição de 500 metros em relação a outras plantações de milho e/ou uma diferença de 30 dias entre plantios, com o propósito de evitar a polinização entre diferentes materiais.

As progênies de MI do ciclo inicial de seleção (C0) foram obtidas de lavouras destas variedades já plantadas nas propriedades de agricultores familiares, que obedeciam as restrições de isolamento varietal. Para o ciclo 1 (C1) e 2 (C2) a recombinação e multiplicação de sementes de cada variedade foram conduzidas em dois lotes isolados em municípios separados pela Serra da Esperança, nas mesmas comunidades de agricultores que fizeram as avaliações dos ensaios de progênies. Os municípios de Fernandes Pinheiro, Irati, Palmeira, Rebouças e São Mateus do Sul, região mais a leste desta serra, foram identificados como Local 1 (L1) e como Local 2 (L2), do lado oposto, os municípios de Bituruna, Cruz Machado e Irineópolis. Todos estes municípios se encontram em elevadas altitudes, com clima subtropical úmido (Tabela 3).

Tabela 3 – Localização e caracterização climática dos ambientes.

Município	Altitude (m)	Latitude	Longitude	Clima
Bituruna	900	26° 09' S	51° 33' W	subtropical úmido
Cruz Machado	940	26° 01' S	51° 20' W	subtropical úmido
Fernandes Pinheiro	824	25° 24' S	50° 32' W	subtropical úmido
Irati	820	25° 28' S	50° 39' W	subtropical úmido
Irineópolis	762	26° 14' S	50° 48' W	subtropical úmido
Palmeira	865	25° 05' S	50° 00' W	subtropical úmido
Rebouças	815	26° 09' S	51° 33' W	subtropical úmido
São Mateus do Sul	835	25° 52' S	50° 22' W	subtropical úmido

Nos lotes isolados, formados por cerca de 3500 plantas, foram identificadas 1000 plantas com os melhores padrões agrônômicos: plantas saudáveis, resistentes ao acamamento e quebramento, porte médio, boa relação altura da planta e da espiga, espigas grandes, bem empalhadas e não danificadas. Destas mil, após a colheita, foram escolhidas 400 progênies, com número suficiente de sementes para realização dos ensaios e formar os lotes de recombinação das progênies selecionadas, e encaminhadas ao laboratório de Melhoramento Genético de Milho da Universidade Estadual de Londrina. Para o ciclo C0 as 400 progênies vieram de um único lote isolado, enquanto que para o C1 e C2 vieram 200 progênies de cada um dos dois lotes isolados. O esquema de um ciclo de seleção recorrente está apresentado na Figura 1.

**Figura 1** – Passos de um ciclo de seleção recorrente realizado em parceria com agricultores familiares.

3.2 EXECUÇÃO EXPERIMENTAL

O delineamento experimental utilizado foi o de látice triplo. Optou-se por este tipo de delineamento devido às propriedades de agricultores familiares estarem em terrenos com maior heterogeneidade ambiental.

No ciclo de cada população C0 foram instalados de três a quatro experimentos em látice triplo (10 x 10) por local, para avaliação de 100 progênes por experimento. Já nos ciclo C1 e C2, com o intuito facilitar a condução e avaliação dos ensaios, foram instalados seis experimentos em látices triplos (7x7), com 49 progênes por experimento (Tabela 4).

As parcelas dos ensaios foram constituídas por fileiras simples de 4,00 metros de comprimento, com espaçamento de 1 metro entre as fileiras e de 0,20 metros entre as plantas dentro da fileira, definido pelos agricultores familiares da região, visando um estande ideal de 20 plantas por parcela. No látice triplo 10x10 e 7x7 foram intercaladas duas testemunhas a cada 20 e 21 parcelas de progênes, respectivamente. As testemunhas utilizadas em cada safra, locais de avaliação, épocas de semeadura, tipo de adubação de semeadura para cada variedade são apresentadas na Tabela 4. As testemunhas C125 e AG1051 (híbridos duplos da Monsanto), IPTT92 (híbrido triplo experimental do IAPAR), AS3477 (híbrido triplo da Agroeste), BR106 (variedade da EMBRAPA) e IPR114 (variedade do IAPAR).

Em nenhum dos experimentos, as sementes foram tratadas ou foram utilizadas aplicações de inseticidas ou herbicidas, sendo utilizado o sistema de produção orgânico, com aplicação de adubo no sulco de plantio durante a semeadura. Em dois locais foi utilizado o adubo Bokashi (B), produzido pelos próprios agricultores, e nos outros uma forma adaptada deste adubo, com utilização de produtos disponíveis nas propriedades, que foi chamado de Adubo da Independência (AI), pois intentava tornar os agricultores independentes das indústrias agroquímicas (Equipe da AS-PTA, 2001) (Tabela 4).

3.2.1 Características Utilizadas para a Avaliação das Progênes

FLO= valor médio entre o número de dias para florescimento masculino (obtido pelo número de dias entre a semeadura e a liberação de pólen em 50% das plantas da

parcela que apresentam pelo menos $\frac{1}{3}$ do pendão com anteras abertas) e feminino (obtido pelo número de dias a partir da sementeira até a data da liberação do estigma em 50% das plantas da parcela, com pelo menos um centímetro de comprimento); AP= Altura da planta (cm), obtida pela medida linear do nível do solo até a inserção da folha bandeira, em amostras de três plantas representativas e competitivas por parcela, através de uma régua de quatro metros, graduada a cada cinco centímetros;

Tabela 4 – Municípios de instalação dos ensaios de progênies de cada variedade, locais e ciclos de seleção, safra agrícola, tipos de látices triplo, número de experimentos, testemunhas intercalares, datas de sementeiras e adubação orgânicas.

Var	Ciclo		Safra	Látice	Nº.Exp	Testemunhas			
	Local	Município/Estado				T1	T2	Sementeira	Adubo
Caiano	C0L1	Palmeira/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	21/11/2000	500 Kg B
	C0L2	Bituruna/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	11/11/2000	125 Kg AI
	C1L1	Palmeira/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	22/10/2002	400 Kg AI
	C1L2	Cruz Machado/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	07/10/2002	400 Kg AI
	C2L1	Palmeira/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	25/10/2004	400 Kg AI
	C2L2	Cruz Machado/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	09/10/2004	400 Kg AI
Carioca	C0L1	São Mateus do Sul/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	29/10/2000	500 Kg AI
	C0L2	Bituruna/PR	00/01	10x10	3	C125	AG1051	31/10/2000	500 Kg AI
	C1L1	São Mateus do Sul/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	13/10/2002	400 Kg AI
	C1L2	Bituruna/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	18/10/2002	400 Kg AI
	C2L1	São Mateus do Sul/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	19/10/2004	400 Kg AI
	C2L2	Bituruna/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	29/10/2004	400 Kg AI
Palha Roxa	C0L1	Palmeira/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	20/10/2000	125 Kg AI
	C0L2	Bituruna/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	26/10/2000	125 Kg AI
	C1L1	Palmeira/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	15/10/2002	400 Kg AI
	C1L2	Bituruna/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	05/10/2002	400 Kg AI
	C2L1	Palmeira/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	06/10/2004	280 Kg B
Macaco	C0L1	Palmeira/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	09/10/2000	125 Kg AI
	C0L2	Irineópolis/SC	00/01	10x10	4	C125	AG1051	09/11/2000	500 Kg AI
	C1L1	Palmeira/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	10/10/2002	400 Kg AI
	C2L1	Palmeira/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	21/10/2004	800 Kg AI
	C2L2	Irineópolis/SC	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	07/10/2004	500 Kg AI
Maizena	C0L1	Rebouças/PR	01/02	10x10	3	IPTT92	AS3477	23/10/2001	125 Kg AI
	C0L2	Bituruna/PR	01/02	10x10	3	IPTT92	AS3477	26/10/2001	125 Kg AI
	C1L1	Irati/PR	03/04	7x7	6	BR106	IPR114	24/10/2003	400 Kg AI
	C1L2	Bituruna/PR	03/04	7x7	6	BR106	IPR114	30/10/2003	125 Kg AI
Cinq.	C1L1	Fernandes Pinheiro/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	09/10/2002	400 Kg AI
	C1L2	Bituruna/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	19/10/2002	400 Kg AI
	C2L1	Fernandes Pinheiro/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	15/10/2004	800 Kg AI
	C2L2	Bituruna/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	04/11/2004	400 Kg AI

- AE**= Altura da espiga (cm), obtida pela medida linear do nível do solo a inserção da espiga mais alta em relação à superfície, em amostras de três plantas representativas e competitivas por parcela, através de uma régua de quatro metros, graduada a cada cinco centímetros;
- %AC**= porcentagem de plantas acamadas por parcela (%), obtida pela relação do número de plantas na parcela com ângulo de inclinação superior a 35º, em relação ao eixo vertical; **%QUE**= porcentagem de plantas quebradas por parcela (%), obtida pela relação do número de plantas com colmo quebrado na parcela, a baixo da inserção da primeira espiga;
- %ED**= porcentagem de espiga danificada, obtida pela relação do número de espigas danificadas no total de espigas;
- ST** = estande observado através da contagem do número de plantas por parcela;
- PE** = Peso de espigas (gramas), obtido pela pesagem das espigas despalhadas da parcela;
- PG**= Peso de grãos (gramas), obtido pela pesagem dos grãos das espigas debulhadas da parcela;
- PGC**= Peso de grãos corrigidos (g planta^{-1}), para estande ideal de 20 plantas por parcela e umidade de 13,5%;
- U%**= Porcentagem de umidade do grão observada (%), mensurada por aparelho digital *Multi-Grain* da empresa *Dikey-John Corporation*, utilizando-se uma amostra de 200 g de grãos retirada de cada parcela;
- RGE**= relação entre PG/PE;
- RE**= relação de número de espigas por planta.

O peso de grãos foi corrigido para umidade padronizada de 13,5% (PGu), a partir da expressão:

$$\text{PGu} = \text{PG} \times (100 - \text{U}\%) / (100 - 13,5)$$

Correções do peso de grãos para estande ideal (STi) foram realizadas através da metodologia da covariância, modificada por Miranda Filho, J. B. (Vencovsky e Barriga, 1992). Através das análises de variância e covariância para estande e produtividade, estimou-se o coeficiente de regressão linear b, obtido por $b = \text{SP}_{xy} / \text{SQ}_x$, onde x é o estande

observado (ST) e y é a produção, SP_{xy} a soma de produtos residual da análise de covariância e SQ_x é a soma de quadrados residual da análise de variância para estande.

As correções foram obtidas pela expressão:

$$PGC = PG_u - b(ST - ST_i)$$

3.3 ANÁLISE ESTATÍSTICA

As análises de variâncias individuais e agrupadas foram realizadas pelo procedimento GLM do programa estatístico SAS (SAS Institute Inc., 2005). Através destas análises foram estimadas as variâncias e covariâncias: ambiental, genética de progênie e aditiva, fenotípica entre progênies, coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, em nível de média de família e os ganhos esperados com a seleção.

3.3.1 Análises de Variâncias Individuais e Agrupadas

As análises individuais de variâncias para os delineamentos em látice foram realizadas segundo o modelo linear proposto por (Cochran e Cox, 1957). O modelo matemático para tal análise foi:

$$Y_{ik(j)} = \mu + p_i + r_j + (b/r)_{k(j)} + e_{ik(j)}, \text{ onde:}$$

$Y_{ik(j)}$ = observação das progênies i ($i = 1, \dots, I$), no bloco k ($k = 1, \dots, K$) dentro da repetição j ($j = 1, \dots, J$);

μ = a média geral, constante comum a todas as observações;

p_i = o efeito aleatório da progênie i ; $p_i \sim \text{NID}(0, \sigma_p^2)$;

r_j = o efeito aleatório da repetição j ;

$(b/r)_{k(j)}$ = o efeito aleatório de bloco k dentro da repetição j ;

$e_{ik(j)}$ = erro ou resíduo associado à observação $Y_{ik(j)}$ (erro intrabloco); $e_{ik(j)} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

Na Tabela 5 é apresentado o esquema da análise de variância individual dos ensaios de cada população em cada local, e a esperança do quadrado médio segundo Silva et al., 2000.

Tabela 5 – Esquema da análise de variância individual para delineamento em látices triplos 10 x 10 e 7 x7 e esperanças dos quadrados médios E(QM).

Fontes de Variação	GL	QM	E(QM)
Repetições	J-1	Q ₄	---
Bloco/Rep (ajustado)	J(K-1)	Q ₃	---
Progênes (ajustado)	I-1	Q ₂	$\sigma^2 + (K/(K+1))J\sigma_p^2$
Resíduo	(K-1)(JK-K-1)	Q ₁	σ^2

Para todos os caracteres foram determinados os coeficientes de variação ambiental em porcentagem (CV%) e a eficiência média do látice. As análises individuais dos experimentos foram agrupadas em cada local, levando em conta a variedade e ciclo de seleção. Foi mantida basicamente a estrutura das análises individuais da Tabela 5, segundo o modelo:

$$Y_{ik(j)(n)} = \mu + c_n + (r/c)_{j(n)} + (p/c)_{i(n)} + (b/r/c)_{k(j)(n)} + e_{ik(j)(n)}, \text{ onde:}$$

$Y_{ik(j)(n)}$ = observação dos tratamentos i ($i = 1, \dots, I$) no bloco k ($k = 1, \dots, K$) dentro da repetição j ($j = 1, \dots, J$), dentro do experimento n ($n = 1, \dots, N$);

μ = média geral, constante comum a todas as observações;

c_n = efeito aleatório do experimento n ;

$(r/c)_{j(n)}$ = efeito aleatório da repetição j , dentro do experimento n ;

$(p/c)_{i(n)}$ = efeito aleatório da progênie i , dentro do experimento n ; $(p/c)_{i(n)} \sim \text{NID}(0, \sigma_p^2)$

$(b/r/c)_{k(j)(n)}$ = efeito aleatório de bloco k , dentro da repetição j , do experimento n ;

$e_{ik(j)(n)}$ = resíduo associado à observação $Y_{ik(j)(n)}$ (erro intrabloco); $e_{ik(j)(n)} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

Na Tabela 6 é apresentado o esquema da análise de variância agrupada dos ensaios de cada população em cada local.

Tabela 6 – Esquema da análise de variância agrupada para delineamento em látices triplos 10 x 10 e 7 x7 e esperanças dos quadrados médios E(QM), em modelo aleatório.

Fontes de Variação	GL	QM	E(QM)
Experimentos	N-1	Q ₅	---
Repetições/Exp.	N(J-1)	Q ₄	---
Bloco/Rep/Exp (ajustado)	NJ(K-1)	Q ₃	---
Prog/Exp (ajustado)	N(I-1)	Q ₂	$\sigma^2 + (K/(K+1))J\sigma_p^2$
Resíduo	(K-1)(JK-K-1)	Q ₁	σ^2

Antes de se realizarem a análise agrupada, foi testada a homogeneidade de variâncias residuais entre os experimentos, através do Teste de Pearson e Hartley (Gomes, 1990), sendo a razão do máximo quadrado médio do erro dividido pelo mínimo quadrado médio do erro intrablocos dos experimentos individuais ($QM_{E \text{ máximo}}/QM_{E \text{ mínimo}}$).

A partir das análises agrupadas (Tabela 6) foram obtidas as estimativas de componentes de variância residual ($\hat{\sigma}^2$) e variância genética entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) para todos os caracteres avaliados, onde:

$$\hat{\sigma}^2 = Q_1;$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = \left[\frac{(K+1)}{K} \right] \left[\frac{(Q_2 - Q_1)}{r} \right];$$

Destas foram estimados os componentes de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) variância fenotípica entre progênes ($\hat{\sigma}_F^2$) e coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, em nível de média de família (h^2), sendo que:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2;$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \left[\frac{(K+1)}{K} \right] \left[\frac{(Q_2)}{r} \right];$$

$$h^2 = \left[\frac{(Q_2 - Q_1)}{Q_2} \right] = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_F^2};$$

Na UEL foram selecionadas aproximadamente 50 progênies por população. Esta intensidade de seleção foi realizada para permitir a manutenção de um tamanho efetivo da ordem de $N_e = 200$, que segundo Souza Júnior (1995), representa um número suficientemente grande para não restringir a variabilidade. Neste trabalho, o ganho de seleção das progênies (GS) foi calculado adotando-se intensidades de seleção de 12% para o ciclo C0 e 16,3% para os ciclos C1 e C2, sendo selecionadas 48 progênies por população. A partir das médias de progênies selecionadas (M_s) e da população antes da seleção (M_o), foi obtido o diferencial de seleção ($ds = M_s - M_o$), utilizado para prever o ganho de seleção ($GS = ds \cdot h^2$) em cada ciclo, que posteriormente foi utilizado para estimar o ganho de seleção em percentagem ($GS\% = 100 \cdot GS / M_o$) e a previsão da média da população melhorada ($M_m = M_o + GS$).

As estimativas dos componentes de variância e a dos coeficientes de herdabilidade serviram como indicativos da expressão da variabilidade e do potencial genético para a seleção recorrente, no sentido de aumentar a frequência de alelos favoráveis.

3.3.2 Análise de Covariância

As análises de covariância entre os caracteres dois a dois seguiram um esquema semelhante aos das análises de variância, sendo obtidas através das análises agrupadas dos ensaios de cada população em cada local (Tabela 7). Os procedimentos para obtenção dos produtos médios foram os mesmo apresentados por Vencovsky e BARRIGA (1992).

Tabela 7 – Esquema da análise de covariância para delineamento em látices triplos e esperanças dos produtos médios E(PM).

Fontes de Variação	GL	PM	E(PM)
Experimentos	N-1	PM ₆	---
Repetições/Experimentos	N(J-1)	PM ₅	---
Bloco/Rep/Exp (ajustado)	NJ(K-1)	PM ₄	---
Progênies/Exp (ajustado)	N(I-1)	PM ₃	$COV_E + (k/(k+1))rCOV_P$
Erro médio	(K-1)(JK-K-1)	PM ₁	COV_E

Através da análise da Tabela 7 foram obtidos os estimadores e as estimativas de componentes de covariância residual (COV_E), covariância genética entre progênies (COV_P), covariância genética aditiva (COV_A), covariância fenotípica entre progênies (COV_F), onde:

$$COV_E = PM_1;$$

$$COV_P = \left[\frac{(K+1)}{K} \right] \left[\frac{(PM_2 - PM_1)}{r} \right];$$

$$COV_A = 4COV_P;$$

$$COV_F = \left[\frac{(K+1)}{K} \right] \left[\frac{(PM_2)}{r} \right];$$

Nas análises de variâncias individuais e agrupadas, utilizadas na determinação dos coeficientes de correlação, adotou-se o procedimento de descartar todo os dados obtidos para a parcela, caso esta não contivesse observações para todos os caracteres estudados, visando evitar viés na estimação de correlações, pois é necessário coincidir o número de observações entre os caracteres para adequada estimação de suas correlações.

3.3.3- Correlações

A correlação entre dois caracteres X e Y foi estimada pelos coeficientes de correlações fenotípica (r_F), genotípica (r_A) e ambiental (r_E), de acordo com Vencovsky e Barriga (1992):

$$r_F = \frac{CÔV(X,Y)_F}{\hat{\sigma}_{(X)_F} \cdot \hat{\sigma}_{(Y)_F}}, \quad r_A = \frac{CÔV(X,Y)_A}{\hat{\sigma}_{(X)_A} \cdot \hat{\sigma}_{(Y)_A}} \quad \text{e} \quad r_E = \frac{CÔV(X,Y)_E}{\hat{\sigma}_{(X)_E} \cdot \hat{\sigma}_{(Y)_E}}$$

onde:

$\hat{C}\hat{O}V(X,Y)_F$ = estimativa da covariância fenotípica entre o caráter X e Y;

$\hat{C}\hat{O}V(X,Y)_A$ = estimativa da covariância genética aditiva entre o caráter X e Y;

$\hat{C}\hat{O}V(X,Y)_E$ = estimativa da covariância ambiental entre o caráter X e Y;

$\hat{\sigma}_{(X)F}$ = estimativa do desvio fenotípico do caráter X;

$\hat{\sigma}_{(X)A}$ = estimativa do desvio genético aditivo do caráter X;

$\hat{\sigma}_{(X)E}$ = estimativa do desvio ambiental do caráter X;

$\hat{\sigma}_{(Y)F}$ = estimativa do desvio fenotípico do caráter Y;

$\hat{\sigma}_{(Y)A}$ = estimativa do desvio genético aditivo do caráter Y;

$\hat{\sigma}_{(Y)E}$ = estimativa do desvio ambiental do caráter Y;

As significâncias dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica aditiva e ambiental foram avaliadas pelo teste t em níveis de 5% e 1% de probabilidade. Esse teste verifica a hipótese de que o coeficiente de correlação seja igual a zero ($H_0: r = 0$), determinando a existência de correlação linear significativa entre as duas variáveis, utilizando a distribuição de Student com $n-2$ graus de liberdade (Steel e Torrie, 1960; Gomes, 1990).

$$t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \sqrt{n-2}$$

onde:

r = coeficiente de correlação entre os caracteres X e Y;

r^2 = grau de ajuste da reta de regressão aos dados;

n = graus de liberdade correspondente ao das progênies.

4 ARTIGO

4.1 PARÂMETROS GENÉTICOS EM MILHO CRIOULO PARA CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE EM SITEMAS DE AGRICULTURA FAMILIAR

GENETICS PARAMETERS IN CORN LANDRACES FOR CYCLES OF RECURRENT SELECTION IN FAMILY FARMERS SYSTEMS

Artigo redigido, conforme as normas técnicas da Revista Scientia Agrícola.

PARÂMETROS GENÉTICOS EM MILHO CRIOULO PARA CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE EM SISTEMAS DE AGRICULTURA FAMILIAR

GENETICS PARAMETERS IN CORN LANDRACES FOR CYCLES OF RECURRENT SELECTION IN FAMILY FARMERS SYSTEMS

Resumo

Trabalhos envolvendo ensaios de competição revelam o potencial das variedades de milho crioulo. Entretanto, são escassos estudos genéticos quantitativos em variedades crioulas, sobretudo em sistemas de agricultura familiar. Os objetivos foram estimar parâmetros genéticos para variedades crioulas em diferentes locais e ciclos de seleção recorrente, em propriedades de agricultores familiares; comparar com a literatura a magnitude das estimativas genéticas destas variedades crioulas e estimar os ganhos de seleção no Programa de Melhoramento Genético Participativo. O número de progênies de meio-irmãos variaram de 400 a 294 e foram avaliadas em látice triplos 10x10 e 7x7, respectivamente, com parcelas simples de 4 m de comprimento no espaçamento 0,20 m x 1,00 m. Foram realizadas análises agrupadas de variância para estimar os parâmetros genéticos dos caracteres produtividade, florescimento médio, alturas de planta e de espiga, porcentagem de plantas acamadas, quebradas e porcentagem de espigas danificadas. As variedades foram competitivas em relação às testemunhas, sendo que 46,7% das médias originais das variedades revelaram diferenças de produtividade entre - 0,2 a 0,5 t ha⁻¹, em relação a melhor testemunha. As melhores médias originais de produtividade das variedades foram 7,9 (Caiano); 6,5 (Carioca); 8,2 (Palha Roxa); 7,0 (Macaco); 5,0 (Maizena) e 4,2 t.ha⁻¹ (Cinquentinha), nos ciclos e locais. As variedades crioulas apresentam potencial e suficiente variabilidade genética para os caracteres estudados, permitindo ganhos com a seleção recorrente de meio-irmãos, em propriedades de agricultura familiar, com o Programa de Melhoramento Genético Participativo.

Palavras-chaves: *Zea mays* L. Estimativas genéticas. Variedades locais e melhoramento genético participativo.

Abstract

Studies involving competition essays demonstrated the potential of the corn landraces. However, there are just a few number of quantitative genetics studies over the landraces, especially in family farmers systems. The objectives were: to evaluate genetic parameters for corn landraces on different locations and cycles of recurrent selection, within family farmers systems; to compare, with the current published researches, the magnitude of the genetic estimates for these landraces; and to evaluate the selection responses in Participative Genetics Improvement Program. The number of half-sib progenies varied of 400 and 294 and were evaluated in 10x10 and 7x7 triple lattices, respectively, with single row plots measuring 4 meters long, leaving 1 meter spaces between rows and 0,20 meter between plants. Grouped variance analysis were made to evaluate the genetic parameters of the following

characteristics: yield, average of days to maturity, plant and ear heights, percentage of lodging plants, percentage of stiff stalk plants and percentage of damaged ears. The varieties were competitive in relation with the testers, because 46,7% of the originating productivity averages demonstrated differences in production of -0,2 a 0,5 t ha⁻¹, comparing with the best check. The best original averages of variety productivity were 7,9 (Caiano); 6,5 (Carioca); 8,2 (Palha Roxa); 7,0 (Macaco); 5,0 (Maizena) e 4,2 t.ha⁻¹ (Cinquentinha), on cycles and locations. The corn landraces show genetic potential and sufficient genetic variability for the evaluated characteristics, allowing gains with recurrent selection of half-sibs, in family farmers conditions, with the Participative Genetics Improvement Program.

Keywords: Zea mays L. Genetics estimates. Landraces and participative genetic improvement.

Introdução

As variedades crioulas, também conhecidas como variedades locais ou landraces, foram produzidas, mantidas, desenvolvidas ou adaptadas por agricultores familiares ou indígenas, e sofreram processos de melhoramento de forma empírica, através da seleção de plantas mais adaptadas às regiões que foram desenvolvidas (Paterniani, 1998).

Vários trabalhos envolvendo ensaios de competição revelam o elevado potencial das variedades de milho crioulo com ou sem utilização de insumos externos (Siqueira et al., 1993; Spaner, Brathwaite e Mather, 1995; Bernal et al., 1996; Bisognin et al., 1997; Machado, Pereira e Pereira, 1998; Machado, Machado e Furlani, 1998; Machado, 1998; Machado et al., 1999; Calderón, Robledo e Naranjo, 1999; Coimbra, Carvalho e Ciprandi, 1999; Bonomo et al; 2000; Araújo e Nass, 2002; Guadagnin, 2002). Estas populações são citadas como materiais importantes para o melhoramento, pelo potencial de adaptação para condições ambientais específicas, sendo fontes para busca por genes de tolerância ou resistência a fatores de estresse. Segundo Kageyama (1998), Paterniani et al. (2000) e Araújo e Nass (2002), as variedades crioulas são fontes de variabilidade genética possuindo alelos que conferem adaptação, tolerância e resistência aos fatores bióticos e abióticos. Spaner et al. (1995) e Machado et al. (1998a) relataram tolerância a solos ácidos e secos. Álvarez e Miranda Filho (2002) evidenciaram resistência a insetos e Machado e Fernandes (2001) relataram eficiência no uso de nitrogênio.

Apesar das sucessivas afirmações da importância do milho crioulo como fonte para o melhoramento, existem poucos estudos genéticos quantitativos nestas variedades, como os realizados por Bonomo et al. (2000) e Camolesi (2002) com uma e duas variedades

crioulas, respectivamente, e estimaram a variabilidade genética, herdabilidade e demais parâmetros. A estimação de parâmetros genéticos permite obter informações sobre o tipo de ação dos genes, que controla o caráter e condições para a avaliação dos programas de melhoramento genético, auxiliando na escolha dos métodos de melhoramento, dos locais de condução dos experimentos, do número de repetições a ser utilizado e a predição de progresso genético com a seleção (Robinson e Cockerham, 1965; Vencovsky, 1969; Borém, 1998).

Desta forma, os objetivos foram: a) estimar parâmetros genéticos de seis variedades crioulas em diferentes ciclos de seleção recorrente com progênies de meioirmãos, em propriedades de agricultores familiares, de acordo com as condições e sistemas de cultivo dessas propriedades; b) comparar a magnitude das estimativas genéticas destas variedades crioulas em sistema de agricultura familiar, com os observados na literatura para outros tipos de populações de milho em diferentes sistemas de produção; c) Determinar as previsões de ganhos de seleção no Programa de Melhoramento Genético Participativo.

Material e Métodos

No ano de 1999 foi iniciado o Programa de Melhoramento Genético Participativo de Variedades de Milho Crioulo, junto a agricultores familiares de 22 municípios da Região Centro Sul do Paraná, coordenado pelo Departamento de Biologia Geral da UEL (Universidade Estadual de Londrina) e assessorado pela AS-PTA (Assessoria e Serviços á Projetos em Agricultores Alternativa) do Paraná, objetivando a conservação e melhoramento de variedades crioulas. Deste Programa foram utilizadas seis variedades, sendo quatro de endosperma amarelo (Caiano, Carioca, Macaco e Palha Roxa) e duas branco (Cinquentinha e Maizena).

O melhoramento destas variedades foi conduzido de forma independente, através de dois a três ciclos de seleção recorrente com progênies de meio-irmãos (MI) para ambos os sexos, segundo a metodologia apresentada por Paterniani e Miranda Filho (1987) e Hallauer e Miranda Filho (1995). As progênies de MI do ciclo inicial de seleção (C0) foram obtidas de lavouras destas variedades, em lotes isolados, nas propriedades dos agricultores. Para o ciclo 1 (C1) e 2 (C2) a recombinação e multiplicação de sementes de cada variedade foram conduzidas em dois lotes isolados nas mesmas comunidades de agricultores.

As progênies obtidas foram avaliadas pelos agricultores em ensaios instalados em sete municípios do Estado do Paraná (PR), com altitudes variando de 815 (Rebouças) a 940 m (Cruz Machado), e um no município de Irineópolis (762 m de altitude)

no Estado de Santa Catarina (SC), todos classificados como possuindo clima subtropical úmido. Os municípios de instalação dos ensaios de avaliação de progênes de cada variedade, locais e ciclos de seleção, safra agrícola, tipos de látices triplo, número de experimentos, testemunhas intercalares, datas de semeaduras e adubação orgânicas utilizadas são apresentadas na Tabela 1. Os adubos orgânicos foram o Bokashi (B) e Adubo da Independência (AI), uma adaptação do primeiro adubo, produzida pelos próprios agricultores, com utilização de produtos disponíveis nas propriedades (Equipe da AS-PTA, 2001).

Tabela 1 – Municípios de instalação dos ensaios de progênes de cada variedade, locais e ciclos de seleção, safra agrícola, tipos de látices triplo, número de experimentos (Exp), testemunhas intercalares, datas de semeaduras e adubação orgânicas.

Var	Ciclo		Safra	Látice	Exp	Testemunhas			Adubo
	Local	Município/Estado				T1	T2	Semeadura	
Caiano	C0L1	Palmeira/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	21/11/2000	500 Kg B
	C0L2	Bituruna/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	11/11/2000	125 Kg AI
	C1L1	Palmeira/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	22/10/2002	400 Kg AI
	C1L2	Cruz Machado/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	07/10/2002	400 Kg AI
	C2L1	Palmeira/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	25/10/2004	400 Kg AI
	C2L2	Cruz Machado/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	09/10/2004	400 Kg AI
Carioca	C0L1	São Mateus do Sul/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	29/10/2000	500 Kg AI
	C0L2	Bituruna/PR	00/01	10x10	3	C125	AG1051	31/10/2000	500 Kg AI
	C1L1	São Mateus do Sul/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	13/10/2002	400 Kg AI
	C1L2	Bituruna/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	18/10/2002	400 Kg AI
	C2L1	São Mateus do Sul/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	19/10/2004	400 Kg AI
	C2L2	Bituruna/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	29/10/2004	400 Kg AI
Palha Roxa	C0L1	Palmeira/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	20/10/2000	125 Kg AI
	C0L2	Bituruna/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	26/10/2000	125 Kg AI
	C1L1	Palmeira/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	15/10/2002	400 Kg AI
	C1L2	Bituruna/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	05/10/2002	400 Kg AI
	C2L1	Palmeira/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	06/10/2004	280 Kg B
Macaco	C0L1	Palmeira/PR	00/01	10x10	4	C125	AG1051	09/10/2000	125 Kg AI
	C0L2	Irineópolis/SC	00/01	10x10	4	C125	AG1051	09/11/2000	500 Kg AI
	C1L1	Palmeira/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	10/10/2002	400 Kg AI
	C2L1	Palmeira/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	21/10/2004	800 Kg AI
	C2L2	Irineópolis/SC	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	07/10/2004	500 Kg AI
Maizena	C0L1	Rebouças/PR	01/02	10x10	3	IPTT92	AS3477	23/10/2001	125 Kg AI
	C0L2	Bituruna/PR	01/02	10x10	3	IPTT92	AS3477	26/10/2001	125 Kg AI
	C1L1	Irati/PR	03/04	7x7	6	BR106	IPR114	24/10/2003	400 Kg AI
	C1L2	Bituruna/PR	03/04	7x7	6	BR106	IPR114	30/10/2003	125 Kg AI
Cinq.	C1L1	Fernandes Pinheiro/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	09/10/2002	400 Kg AI
	C1L2	Bituruna/PR	02/03	7x7	6	BR106	IPR114	19/10/2002	400 Kg AI
	C2L1	Fernandes Pinheiro/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	15/10/2004	800 Kg AI
	C2L2	Bituruna/PR	04/05	7x7	6	BR106	IPR114	04/11/2004	400 Kg AI

Foram utilizados o delineamento de látice triplo 10x10 para o ciclo 0, com três e quatro experimentos de 100 progênes cada, e látice 7x7 para os ciclos 1 e 2, com seis experimentos de 49 progênes cada. As parcelas dos ensaios foram constituídas por fileiras simples de 4,00 metros de comprimento, no espaçamento de 1 metro entre as fileiras e de 0,20 metros entre as plantas dentro da fileira, conforme definido pelos agricultores.

Duas testemunhas foram intercaladas a cada 20 e 21 parcelas de progênes para o látice triplo 10x10 e 7x7, respectivamente. As testemunhas C125 e AG1051 (híbridos duplos da Monsanto), IPTT92 (híbrido triplo experimental do IAPAR), AS3477 (híbrido triplo da Agroeste), BR106 (variedade da EMBRAPA) e IPR114 (variedade do IAPAR).

Não houve tratamento das sementes das progênes utilizadas e nem foram realizadas aplicações de inseticidas ou herbicidas durante a condução dos experimentos, sendo utilizado o sistema de produção orgânico da região.

Avaliaram-se as seguintes características: peso dos grãos corrigidos (PGC, em $g\ pl^{-1}$), para umidade de 13,5% e para estande ideal de 20 plantas por parcela, realizada através da metodologia da covariância, modificada por Miranda Filho (Vencovsky e Barriga, 1992); florescimento médio (FLO, em dias), obtido pela média do número de dias para florescimento masculino e feminino contado a partir da semeadura; altura da planta (AP, em cm); altura da espiga (AE, em cm); porcentagem de plantas acamadas por parcela (%AC); porcentagem de plantas quebradas por parcela (%QUE) e porcentagem de espiga danificada (%ED).

Foram realizadas análises individuais de variância para os delineamentos em látice, segundo o proposto por Silva et al. (2000). As análises individuais dos experimentos foram agrupadas em cada local, levando em conta a variedade e ciclo de seleção. Antes de serem realizadas as análises agrupadas foi testada a homogeneidade de variâncias residuais entre os experimentos, através do Teste de Pearson e Hartley (Gomes, 1990). A partir das análises agrupadas foram estimados as variâncias residual, genética entre progênes, genética aditiva, fenotípica, coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, em nível de média de família e o ganho de seleção das progênes.

A seleção das progênes foi realizada através da escolha dos melhores valores, para cada um dos caracteres individualizados. O ganho de seleção das progênes (GS) foi estimado adotando-se intensidade de seleção de 12% para o ciclo C0 e 16,3% para os ciclos C1 e C2, sendo selecionadas 48 progênes por população, pretendendo manter iguais os tamanhos efetivos.

As análises de variância individual e agrupada foram determinadas pelo procedimento GLM do programa estatístico SAS (SAS Institute Inc., 2005).

Resultados e Discussão

Na Tabela 2 observam-se diferenças significativas de progênies dentro de experimentos ($P < 0,05$ e $P < 0,01$) para todas as variedades nos ciclos e locais para as características produtividade, florescimento, altura de planta e espigas. A variedade Caiano apresentou diferenças significativas de progênies nos ciclos e locais, também para os caracteres percentagem de espigas danificas e de quebramento. Estes resultados mostram a existência de variabilidade dentro destas variedades, que possibilitam a seleção e o melhoramento desses materiais em sistemas de agricultura familiar.

Tabela 2 – Quadrados médios de progênies agrupadas dentro de experimentos(QMp/ex) com nível de significância do teste F, quadrados médios residuais (QMe) e coeficiente de variação experimental em porcentagem (CV) para produtividade (PGC, em t ha⁻¹), porcentagem de espigas danificadas (%ED), dias para florescimento (FLO), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), porcentagem de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE), por ciclo e local.

Var	Ciclo (C) Local(L)	PGC			%ED			FLO			AP			AE			%AC		%QUE	
		QMp/ex	QMe	CV	QMp/ex	QMe	CV	QMp/ex	QMe	CV	QMp/ex	QMe	CV	QMp/ex	QMe	CV	QMp/ex	QMe	QMp/ex	QMe
Cainoa	C0L1	358,56**	169,65	15,2	122,75**	73,002	65,3	11,378**	3,1893	2,1	271,34**	132,23	5,7	178,08**	91,251	9,0	104,02**	82,927	66,139**	67,715
	C0L2	624,89**	447,07	25,0	278,49**	200,95	46,1	9,9009**	2,6865	2,0	380,69**	189,28	5,4	281,24**	124,17	7,7	7,9786**	5,9456	24,928**	17,191
	C1L1	529,45**	358,71	12,0	76,753**	58,213	82,3	13,037**	4,0075	2,3	338,38**	123,77	4,6	260,40**	95,515	6,8	2,8409ns	2,6771	31,627*	25,924
	C1L2	319,49**	209,61	20,1	155,02**	119,22	58,6	16,681**	5,6782	2,4	315,69**	137,82	6,9	162,83**	61,023	9,2	14,089ns	14,751	52,382*	43,853
	C2L1	678,04**	521,63	14,7	163,30*	129,68	72,5	9,2119**	2,7906	2,0	518,93**	272,19	6,4	362,50**	187,79	8,8	63,434ns	53,470	27,047*	22,174
	C2L2	182,66**	138,13	22,1	468,82**	354,50	71,9	17,748**	6,3489	2,3	450,25**	174,06	7,5	254,13**	110,98	12,3	---	---	---	---
Carioca	C0L1	701,09**	522,08	17,5	179,52*	153,83	56,9	8,7726**	5,0470	2,6	584,28**	303,99	5,8	421,37**	225,77	8,2	36,641**	29,697	131,77**	92,016
	C0L2	471,97**	360,16	21,6	158,55**	123,31	72,7	10,623**	3,3593	2,1	687,57**	335,83	7,4	426,81**	182,16	9,7	37,063ns	33,801	26,044ns	22,816
	C1L1	688,98**	350,52	15,3	179,97**	121,79	48,8	8,9885**	3,1413	1,9	429,59**	147,36	4,8	265,84**	101,40	7,0	42,317**	30,253	72,146**	42,799
	C1L2	482,67**	327,54	21,7	55,576ns	56,706	107,8	15,011**	4,3895	2,3	370,20**	209,84	6,6	227,17**	132,46	9,1	36,510ns	31,147	42,752ns	36,064
	C2L1	537,54**	259,08	18,2	253,73**	182,99	42,0	8,8149**	2,4361	1,8	300,89**	143,52	4,3	303,06**	126,42	6,7	---	---	393,59**	213,72
	C2L2	183,02**	98,662	26,7	337,93*	278,55	33,2	11,341**	3,0918	1,8	308,71**	113,71	4,3	348,23**	100,46	7,0	---	---	---	---
Palha Roxa	C0L1	889,25**	330,73	11,7	125,43**	75,01	72,1	5,8564**	2,4496	1,8	480,90**	174,99	4,7	417,57**	161,83	7,3	22,406**	17,949	109,74**	72,234
	C0L2	568,45**	379,78	22,9	199,63**	122,65	54,3	8,7098**	2,7071	1,8	314,21**	114,60	4,1	287,34**	106,24	6,8	71,893**	39,750	32,769**	20,724
	C1L1	948,53**	368,48	11,7	78,665ns	74,966	82,8	5,2664**	1,4755	1,5	561,65**	321,54	6,0	354,85**	208,26	7,8	7,1165ns	8,3831	43,457ns	36,960
	C1L2	697,94**	423,22	16,1	73,834ns	62,328	110,3	5,6263**	2,7067	1,3	398,12**	161,07	5,0	305,46**	123,65	7,6	6,9490ns	6,9769	18,013ns	15,395
	C2L1	519,23**	287,65	13,6	46,288ns	41,141	113,1	1,8331**	1,3571	1,2	576,17**	269,13	6,4	404,42**	205,14	8,2	1,1034ns	1,1412	6,5274**	4,4962
	C2L2	788,87**	507,33	16,0	129,72*	108,96	75,2	3,3058**	1,5835	1,5	495,87**	201,44	5,4	333,46**	151,51	8,0	71,610**	49,128	57,622**	45,835
Macaco	C0L2	747,45**	436,81	17,3	95,560**	72,152	79,8	1,6493**	0,9583	1,2	463,41**	198,47	4,6	371,85**	166,53	6,6	180,36**	119,59	67,240ns	69,250
	C1L1	381,95**	251,98	12,1	136,88**	107,05	52,6	4,8398**	1,1601	1,3	259,28**	73,547	3,3	233,89**	66,364	5,2	368,30**	175,49	84,343**	44,644
	C2L1	510,92**	252,78	13,1	58,211ns	51,366	82,0	5,4470**	1,3516	1,4	287,20**	96,576	3,6	324,38**	103,50	5,9	10,768**	8,2101	21,847*	17,613
	C2L2	235,47**	170,99	26,4	479,25ns	455,68	44,3	8,5109**	3,2309	1,8	440,88**	183,07	5,8	308,82**	127,54	8,8	0,1248ns	0,1276	82,408**	49,904
	C0L1	568,37**	367,88	19,1	253,44**	178,60	45,1	7,9228**	3,2408	1,9	540,39**	262,56	5,6	484,86**	221,51	8,1	81,657ns	69,886	185,09**	109,89
	C0L2	696,78**	466,20	24,8	283,23ns	244,79	41,2	19,690**	12,001	3,4	642,07**	333,93	6,9	490,70**	239,25	9,4	74,208ns	66,110	167,82ns	145,13
Maizena	C1L1	402,29**	189,59	20,8	423,26*	332,17	40,3	17,068**	3,5662	2,0	609,25**	201,66	5,0	532,08**	145,00	7,0	100,58**	68,806	391,92**	211,48
	C1L2	384,39**	270,13	24,3	289,87ns	254,18	36,5	12,753**	4,5171	2,1	486,09**	211,62	5,7	407,29**	157,36	7,9	163,78*	130,50	134,85ns	117,36
	C1L1	278,62**	197,12	16,7	113,81ns	99,915	67,2	6,4907**	2,3742	1,8	513,42**	197,74	6,8	272,85**	116,63	10,2	1,9745ns	2,4120	120,62**	75,440
	C1L2	362,94**	188,64	18,7	50,334ns	52,169	122,4	10,798**	3,2898	1,8	339,74**	121,80	4,8	240,71**	84,166	6,8	70,480**	44,968	53,922**	38,808
Cinq.	C2L1	344,58**	268,80	28,8	93,507ns	91,532	64,1	9,2227**	3,7977	2,1	299,82**	198,51	6,5	256,56**	124,38	8,9	0,5280ns	0,5713	108,62**	76,508
	C2L2	203,38**	115,44	16,9	166,26*	134,07	35,4	5,0455**	1,6199	1,4	184,83**	98,444	4,0	260,24**	103,05	6,6	40,786ns	36,492	31,017ns	27,778

** , * e ns: significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

Os experimentos não apresentaram perda significativa de parcelas, os graus de liberdade residuais ideais para produção, nos látices triplos com três, quatro e seis experimentos foram de 513, 684 e 468, respectivamente, e com a máxima perda de parcelas, os graus de liberdade foram de 449, 643 e 397, na mesma ordem (dados não apresentados).

Os coeficientes de variação do erro experimental em porcentagem (CV) para os caracteres FLO, AP e AE foram baixos, e para PGC, apresentaram-se médios a altos quando comparados com o padrão descrito por Scapim et al. (1995). Os maiores CV para PCG estão relacionados também a natureza genética das variedades crioulas, heterogeneidade ambiental das propriedades dos agricultores, sendo os maiores valores de CVs observados no município de Bituruna, local caracterizado por maior estresse e variação ambiental (Tabela 2).

As estimativas de variância genética aditiva ($g\ pl^{-1}$)² para produtividade, nos ciclos e locais ficaram entre 67,855 e 277,05 para Caiano; 128,53 e 515,75 para Carioca; 276,71 e 883,88 para Palha Roxa; 98,659 e 455,60 para Macaco; 174,10 e 338,18 para Maisena; 115,46 e 265,59 para Cinquentinha (Tabela 3). Com exceção das variedades Caiano e Cinquentinha, as variedades apresentaram estimativas passando pelo intervalo de 278,3 a 761,7 ($g\ pl^{-1}$)² apresentados para outros tipos de variedades por Vencovsky et al. (1988), Lemos et al. (1992), Araújo (1992), Hallauer e Miranda Filho (1995), Nass e Miranda Filho (1999), Paterniani et al. (2000), Anjos e Andrade (2000), Silva et al. (2001). Entretanto, foram superiores aos encontrados por Araújo (1992), Costa et al. (2000), Cunha (2004) e Santos et al. (2005). Os resultados de variância genética aditiva demonstram que as variedades crioulas apresentaram variabilidade genética para produtividade em sistemas de agricultura familiar.

Tabela 3 – Estimativas de variâncias genéticas aditivas (σ_A^2), coeficientes de herdabilidade restrito em porcentagem ($h^2\%$) e ganhos genéticos esperados (GS%) para produtividade (PGC, em t ha⁻¹), porcentagem de espigas danificadas (%ED), dias para florescimento (FLO), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), porcentagem de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE), por ciclo e local.

Var.	Ciclo (C)		PGC			%ED			FLO			AP			AE			%AC			%QUE		
	Local (L)		σ_A^2	$h^2\%$	GS%	σ_A^2	$h^2\%$	GS%	σ_A^2	$h^2\%$	GS%	σ_A^2	$h^2\%$	GS%	σ_A^2	$h^2\%$	GS%	σ_A^2	$h^2\%$	GS%	σ_A^2	$h^2\%$	GS%
Caiano	C0L1		277,05	52,7	11,4	72,969	40,5	-30,0	12,010	72,0	-2,6	204,02	51,3	-4,0	127,34	48,8	-5,8	30,937	20,3	-17,5	----	----	----
	C0L2		260,79	28,5	8,8	113,73	27,8	-14,6	10,581	72,9	-2,9	280,73	50,3	-3,9	230,36	55,8	-6,6	2,9816	25,5	-25,5	11,347	31,0	-31,0
	C1L1		260,18	32,2	4,2	28,250	24,2	-18,7	13,759	69,3	-2,5	327,02	63,4	-4,5	251,25	63,3	-6,5	0,2496	5,8	-5,8	8,6904	18,0	-17,8
	C1L2		167,43	34,4	9,0	54,561	23,1	-14,8	16,766	66,0	-2,4	271,02	56,3	-5,5	155,13	62,5	-8,5	----	----	----	12,996	16,3	-14,5
	C2L1		238,34	23,1	3,8	51,225	20,6	-14,8	9,7848	69,7	-2,3	375,98	47,5	-4,5	266,22	48,2	-6,3	15,182	15,7	-15,3	7,4253	18,0	-17,9
	C2L2		67,855	24,4	6,1	174,21	24,4	-18,3	17,370	64,2	-2,3	420,85	61,3	-7,2	218,12	56,3	-9,9	----	----	----	----	----	----
Carioca	C0L1		262,55	25,5	5,2	37,674	14,3	-8,2	5,4642	42,5	-1,3	411,09	48,0	-3,8	286,88	46,4	-4,9	10,184	19,0	-18,9	58,304	30,2	-23,6
	C0L2		163,96	23,7	5,6	51,673	22,2	-14,5	10,654	68,4	-2,6	515,89	51,2	-5,1	358,81	57,3	-7,7	4,7848	8,8	-8,4	4,7344	12,4	-11,4
	C1L1		515,75	49,1	9,2	88,660	32,3	-16,3	8,9100	65,1	-2,0	430,07	65,7	-5,0	250,58	61,9	-6,5	18,384	28,5	-27,8	44,719	40,7	-34,1
	C1L2		236,39	32,1	8,1	----	----	----	16,185	70,8	-2,9	244,34	43,3	-3,5	144,32	41,7	-4,5	8,1717	14,7	-14,3	10,191	15,6	-13,6
	C2L1		424,32	51,8	12,1	107,80	27,9	-12,3	9,7201	72,4	-2,1	239,80	52,3	-3,0	269,18	58,3	-5,3	----	----	----	274,08	45,7	-16,0
	C2L2		128,53	46,1	15,0	90,496	17,6	-5,7	12,569	72,7	-2,0	297,14	63,2	-3,9	377,55	71,2	-7,9	----	----	----	----	----	----
Palha Roxa	C0L1		819,15	62,8	11,5	73,953	40,2	-32,3	4,9966	58,2	-1,7	448,65	63,6	-4,9	375,08	61,2	-7,3	6,5364	19,9	-19,8	55,010	34,2	-29,3
	C0L2		276,71	33,2	9,7	112,90	38,6	-24,7	8,8040	68,9	-2,0	292,76	63,5	1,3	265,60	63,0	-6,9	47,144	44,7	-40,1	17,665	36,8	-32,8
	C1L1		883,88	61,2	9,9	5,6366	4,7	-3,5	5,7766	72,0	-1,8	365,87	42,8	-3,2	223,37	41,3	-3,9	----	----	----	9,9009	15,0	-14,4
	C1L2		418,61	39,4	7,5	17,533	15,6	-12,9	4,4490	51,9	-1,0	361,23	59,5	-4,6	277,04	59,5	-6,9	----	----	----	3,9904	14,5	-14,5
	C2L1		352,88	44,6	8,0	7,8439	11,1	-9,8	0,7254	26,0	-0,3	467,87	53,3	-4,6	303,66	49,3	-5,1	----	----	----	3,0951	31,1	-31,1
	C2L2		412,92	35,7	6,9	30,453	16,0	-10,8	2,5260	52,1	-1,2	431,82	59,4	-5,0	266,85	54,6	-6,0	32,973	31,4	-26,0	17,287	20,5	-16,5
Macaco	C0L1		455,60	41,6	9,2	34,331	24,5	-19,9	1,0134	41,9	-0,7	388,58	57,2	-4,0	301,13	55,2	-5,3	89,131	33,7	-30,9	----	----	----
	C1L1		198,05	34,0	4,3	45,459	21,8	-11,3	5,6073	76,0	-1,8	283,02	71,6	-4,1	255,28	71,6	-6,4	293,80	52,4	-34,5	60,495	47,1	-35,6
	C2L1		393,36	50,5	8,4	10,431	11,8	-8,5	6,2407	75,2	-2,0	290,47	66,4	-3,6	336,57	68,1	-6,5	3,8983	23,4	-23,8	6,4509	19,4	-19,1
	C2L2		98,659	27,4	7,7	35,906	4,9	-2,1	8,0458	62,0	-1,7	392,85	58,5	-5,2	276,23	58,7	-7,3	----	----	----	49,529	39,4	-35,3
	C0L1		294,05	35,3	7,7	109,76	29,5	-13,5	6,8669	59,1	-1,7	407,48	51,4	-4,2	386,24	54,3	-6,3	17,265	14,4	-11,8	110,29	40,6	-25,1
	C0L2		338,18	33,1	9,6	56,380	13,6	-5,5	11,277	39,1	-1,7	451,94	48,0	-4,6	368,78	51,2	-7,0	11,876	10,8	-10,9	33,287	13,5	-8,9
Cinq.	C1L1		324,11	52,9	15,2	138,80	21,5	-8,6	20,573	79,1	-3,5	621,09	66,9	-5,6	589,82	72,7	-9,5	48,424	31,6	-31,6	274,95	46,0	-33,9
	C1L2		174,10	29,7	7,9	54,380	12,3	-4,6	12,549	64,6	-2,1	418,23	56,5	-4,7	380,83	61,4	-7,9	50,720	20,3	-17,9	26,706	13,0	-10,2
	C1L1		124,20	29,3	5,2	21,170	12,2	-7,5	6,2727	63,4	-1,6	481,04	61,5	-6,3	238,04	57,3	-8,5	----	----	----	68,839	37,5	-29,3
	C1L2		265,59	48,0	11,2	----	----	----	11,441	69,5	-2,1	332,09	64,1	-5,0	238,54	65,0	-7,2	----	----	----	23,031	28,0	-24,0
	C2L1		115,46	22,0	6,8	3,0095	2,1	-1,2	8,2666	58,8	-1,7	154,37	33,8	-2,5	201,42	51,5	-6,2	----	----	----	48,930	29,6	-14,8
	C2L2		134,01	43,2	8,8	49,055	19,4	-7,3	5,2200	67,9	-1,5	131,63	46,7	-2,4	239,53	60,4	-5,9	6,5439	10,5	-8,8	4,9350	10,4	-7,2

As estimativas de variância genética para porcentagem de espigas danificadas estiveram entre 3,0095 e 174,21 %, estando os resultados de Franchini et al. (1998) e Tozetti et al. (1995) dentro deste intervalo.

Para florescimento médio as estimativas de variância genética aditiva foram de 0,7254 a 20,573 dias². No estudo de 10 populações sintéticas de milho doce, realizado por Saleh et al. (2002), foram de 22,82 e 14,82 dias², para florescimento masculino e feminino, respectivamente. Já no trabalho realizado por Tozetti et al. (1995), observaram variância genética de 1,17 dias² para florescimento masculino. Araújo (1992) observou variâncias genéticas aditivas, para dias de florescimento feminino, de 3,62 e 4,27 para ESALQ-PB1 (R⁻); 4,57 e 6,64 para ESALQ-PB1 (R⁺); 5,47 e 6,11 para ESALQ-PB1 (PO); 1,87 e 4,97 para ESALQ-PB1 (E⁻) e 2,67 e 3,80 para ESALQ-PB1 (R⁺), em Londrina e Vila Velha, respectivamente.

O intervalo das estimativas de variância aditiva para altura de planta foram 131,63 a 621,09 cm² e espiga 127,34 a 589,82 cm². Na literatura as estimativas estão entre 51,4 e 842,83 cm² para altura de planta e 29,7 e 358,4 cm² para altura de espiga (Lemos et al., 1992; Araújo, 1992; Hallauer e Miranda Filho, 1995; Tozetti et al., 1995; Arias e Souza Jr., 1998; Franchini et al., 1998; Pacheco et al., 1998; Pinto et al., 2000; Granate et al., 2002; Saleh et al., 2002; Cunha, 2004; Santos et al., 2005).

Os intervalos das variâncias genéticas aditivas para porcentagem de acamamento e quebramento foram de 0,2496 a 293,80%² e 3,0951 a 274,08%², respectivamente. Estes valores foram superiores aos encontrados por Pacheco et al. (1998) e Granate et al. (2002). Porém, a maioria dos valores encontrados no intervalo para porcentagem de acamamento foi inferior a estimativa de 19,95%²; relatado por Tozetti et al. (1995).

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito (Tabela 3) estão entre 22,0 e 62,8% para produtividade; 2,1 e 40,5% para porcentagem de espigas danificadas; 26,0 e 79,1% para florescimento médio; 33,8 e 71,6% para altura da planta; 41,3 e 72,7% para altura da espiga; 5,8 e 52,4% para porcentagem de acamamento; 10,4 e 47,1% para porcentagem de quebramento. Estes resultados mostram a possibilidade de seleção efetiva para diferentes características destas variedades crioulas em sistemas de agricultura familiar, dentro do Programa de Melhoramento Genético Participativo, e são correspondentes a flutuação de valores observados na literatura (Lemos et al., 1992; Araújo, 1992; González et al., 1994; Hallauer & Miranda Filho, 1995; Tozetti et al., 1995; Arias e Souza Jr., 1998; Franchini et al., 1998; Pacheco et al., 1998; Pinto et al., 2000; Silva et al., 2001; Granate et

al., 2002; Saleh et al., 2002; Rosulj et al., 2002; Vilarinho et al., 2002; Cunha, 2004; Santos et al., 2005).

As estimativas dos ganhos de seleção das progênes em porcentagem indicam a possibilidade melhoramento das variedades crioulas para todas as características avaliadas, nos ciclos e locais (Tabela 3), em condições de agricultura familiar, através da seleção recorrente com progênes de MI. A média de todas as estimativas de ganhos percentuais, em ciclos e locais, foi de 8,5% para produtividade; -12,6% para porcentagem de espigas danificadas; -1,9 % para florescimento médio; -4,2% para altura de planta; -6,7% para altura de espiga, -20,5% e -21,6% para porcentagens de acamamento e quebramento, respectivamente.

Na Tabela 4 estão relacionadas às médias das populações originais, melhoradas e das duas testemunhas, para todos os caracteres. Nos ciclos e locais, as variedades foram competitivas em relação às testemunhas, sendo que 46,7% das variedades revelaram diferenças de produtividade nas médias originais entre -0,2 a 0,5 t ha⁻¹, em relação a melhor testemunha. Para as estimativas de médias destas variedades melhoradas, 66,7% mostraram diferenças de produtividade entre -0,2 a 1,0 t ha⁻¹ em relação a melhor testemunha. Destacaram-se como melhores médias originais as produtividades de 7,9 e 7,7 t ha⁻¹ para a variedade Caiano (C1L1 e C2L1); de 6,5 e 6,1 t ha⁻¹ para a Carioca (C0L1 e C1L1); 8,2 e 7,8 t ha⁻¹ para a Palha Roxa (C0L1 e C1L1); de 7,0 e 6,6 t ha⁻¹ para a Macaco (C0L1 e C1L1); de 5,0 e 4,4 t ha⁻¹ para a Maizena (C0L1 e C0L2) e de 4,2 e 3,7 t ha⁻¹ para a variedade Cinquentinha (C1L1 e C1L2). As menores médias de produtividade observadas para as variedades com dois ciclos de seleção estão, principalmente, relacionada a seca histórica da safra 2004/2005, com conseqüências severas para o Sul do Brasil.

Tabela 4 – Estimativas das médias das populações originais (Mo), melhoradas (Mm) e testemunhas (T1 e T2) para produtividade (PGC, em t ha⁻¹), dias para florescimento (FLO), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm) e porcentagem de espigas danificadas (%ED), plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE).

Var	Ciclo (C) Local (L)	PGC				%ED				FLO				AP				AE				%AC				%QUE			
		Mo	Mm	T1	T2	Mo	Mm	T1	T2	Mo	Mm	T1	T2	Mo	Mm	T1	T2	Mo	Mm	T1	T2	Mo	Mm	T1	T2	Mo	Mm	T1	T2
Caiano	C0L1♣	4,3	4,8	6,1	5,2	13,1	9,2	8,8	5,5	86,6	84,3	85,7	81,9	203	195	193	194	107	100	106	102	9,1	7,5	6,4	4,9	8,2	8,3	4,4	6,1
	C0L2♣	4,2	4,6	5,6	5,1	30,7	26,2	31,2	16,1	84,0	81,6	82,9	79,8	253	243	243	236	144	134	143	133	0,9	0,7	0,2	0,4	2,2	1,5	1,2	1,3
	C1L1♣	7,9	8,2	7,4	7,2	9,3	7,5	8,9	12,2	86,4	84,2	79,3	83,4	244	233	200	219	143	134	107	124	0,3	0,3	0,1	0,2	2,9	2,4	1,5	1,4
	C1L2♣	3,6	3,9	2,7	3,4	18,6	15,9	33,5	21,7	100,2	97,8	103,2	92,5	171	162	161	138	85	78	78	61	0,6	0,6	0,3	0,4	5,0	4,2	3,1	2,3
	C2L1♣	7,7	8,0	7,4	7,8	15,7	13,4	16,1	17,4	83,7	81,8	78,4	78,3	258	247	214	207	156	146	119	117	4,5	3,8	1,1	2,3	2,6	2,1	1,5	0,6
	C2L2♣	2,7	2,8	2,3	2,4	26,2	21,4	45,1	30,4	110,5	107,9	102,9	100,9	177	164	144	135	85	77	62	59	---	---	---	---	---	---	---	---
Carioca	C0L1♣	6,5	6,9	8,2	6,7	21,8	20,0	14,6	14,6	86,8	85,6	85,6	83,8	300	288	279	263	182	173	171	157	3,6	2,9	1,5	1,0	12,1	9,3	4,9	8,7
	C0L2♣	4,4	4,6	6,1	5,1	15,3	13,1	9,8	5,6	85,4	83,1	84,9	82,3	246	234	225	218	139	129	128	117	4,1	3,8	1,5	0,6	3,9	3,4	1,2	1,7
	C1L1♣	6,1	6,7	5,9	5,1	22,6	18,9	28,7	38,2	92,2	90,4	86,4	90,3	253	240	188	210	143	134	93	111	3,6	2,6	0,9	2,1	7,1	4,7	1,3	1,7
	C1L2♣	4,2	4,5	3,3	4,1	7,0	7,0	11,4	9,8	90,5	87,9	91,8	85,0	221	213	195	168	127	121	107	90	3,7	3,2	2,1	0,8	6,4	5,6	3,3	2,9
	C2L1♣	4,4	5,0	4,4	4,3	32,2	28,3	25,1	31,3	88,7	86,8	83,3	82,9	276	268	221	212	169	160	122	115	---	---	---	---	53,7	45,1	39,9	42,8
	C2L2♣	1,9	2,1	2,2	2,2	50,3	47,4	44,3	45,9	96,1	94,1	86,5	86,5	246	236	195	183	144	132	98	90	---	---	---	---	---	---	---	---
Palha Roxa	C0L1♣	7,8	8,7	11,0	8,3	12,0	8,1	5,4	5,0	86,4	84,9	84,7	82,8	281	267	257	247	173	161	157	144	2,6	2,1	0,1	0,2	10,2	7,2	1,9	3,9
	C0L2♣	4,3	4,7	4,9	4,3	20,4	15,4	31,0	17,3	93,9	92,0	94,7	91,4	258	262	237	226	151	141	137	125	7,6	4,5	0,4	0,6	5,4	3,7	1,2	1,1
	C1L1♣	8,2	9,0	8,0	7,7	10,5	10,1	32,3	17,8	79,8	78,3	79,5	76,2	301	291	270	228	184	177	158	127	1,0	1,1	0,4	0,2	3,9	3,4	2,2	1,2
	C1L2♣	6,4	6,9	6,7	6,0	7,2	6,2	17,4	15,1	93,3	92,0	94,9	88,1	253	241	227	185	145	135	124	93	1,3	1,3	1,3	0,8	1,7	1,5	1,0	2,1
	C2L1♣	6,2	6,7	6,0	6,2	5,7	5,1	5,9	6,7	96,5	96,2	89,1	89,1	255	243	211	203	174	165	131	130	0,1	0,1	0,0	0,0	0,8	0,5	0,0	0,1
	C2L2♣	7,0	7,5	7,2	7,4	13,9	12,4	20,7	5,4	83,7	82,6	85,6	82,6	263	249	229	218	154	145	125	117	7,1	5,3	0,6	0,5	7,5	6,3	5,3	3,6
Macaco	C0L2♣	6,0	6,6	7,2	5,8	10,7	8,5	9,7	6,2	81,5	81,0	82,3	80,5	309	297	273	268	197	186	168	161	10,3	7,1	0,4	3,3	8,7	8,7	4,6	3,4
	C1L1♣	6,6	6,9	6,6	7,2	19,7	17,4	31,7	19,5	82,5	81,0	84,1	78,5	264	253	230	194	158	148	126	98	---	---	---	---	8,5	5,5	0,9	0,7
	C2L1♣	6,1	6,6	6,2	6,0	8,7	8,0	6,2	7,3	85,3	83,6	82,5	82,2	275	265	222	208	172	160	122	112	1,2	0,9	0,0	0,1	3,1	2,5	0,1	0,4
	C2L2♣	2,5	2,7	2,8	2,8	48,2	47,2	45,6	50,5	101,4	99,6	98,1	97,2	231	220	138	149	128	119	61	70	---	---	---	---	6,9	4,5	2,7	3,0
Maizena	C0L1♥	5,0	5,4	5,6	7,0	29,7	25,7	31,1	23,2	93,9	92,3	81,6	83,8	288	276	187	236	183	171	97	121	7,0	6,1	0,5	1,9	18,5	13,9	4,2	5,9
	C0L2♥	4,4	4,8	5,8	5,4	37,9	35,8	27,9	21,2	101,3	99,6	92,1	93,8	265	253	172	212	164	153	88	111	4,5	4,0	1,7	1,7	16,6	15,1	6,1	10,7
	C1L1♣	3,3	3,8	2,8	4,0	45,2	41,3	53,9	35,1	96,4	93,1	92,6	84,9	282	266	227	191	172	155	128	96	4,5	3,0	0,3	0,0	21,6	14,3	5,1	13,5
	C1L2♣	3,4	3,6	3,3	3,5	43,7	41,7	49,8	42,5	101,4	99,3	98,9	90,5	257	245	203	177	158	145	111	93	10,4	8,5	7,0	8,6	10,8	9,7	3,1	8,4
Cinq.	C1L1♣	4,2	4,4	4,4	4,8	14,9	13,8	35,6	27,8	87,4	85,9	93,5	86,3	205	193	196	159	106	97	96	73	0,3	0,3	0,0	0,3	11,3	8,0	2,5	1,4
	C1L2♣	3,7	4,1	3,2	3,9	5,9	6,1	11,2	11,3	102,6	100,4	110,5	104,1	231	219	226	195	134	125	129	100	5,1	3,3	1,0	1,4	6,3	4,8	0,4	0,9
	C2L1♣	2,8	3,0	2,7	2,8	14,9	14,7	12,9	16,7	94,3	92,8	93,3	92,0	217	211	184	172	125	118	92	86	0,1	0,1	0,0	0,3	16,7	14,2	10,2	11,9
	C2L2♣	3,2	3,5	3,1	3,1	32,7	30,3	40,4	46,2	89,4	88,1	88,2	88,5	247	241	222	213	155	146	126	122	5,5	5,0	6,1	5,1	7,1	6,6	5,8	6,4

♣, ♠ e ♥: T1=C125 e T2=AG1051, T1=BR106 e T2=IPR114 e T1=IPTT92 e T2=AS3477, respectivamente

Houve uma predominância de menores médias para porcentagem de espigas danificadas nas variedades locais, possivelmente em função do melhor empalhamento das variedades crioulas.

Comparadas com as testemunhas, as variedades apresentaram valores médios mais altos para altura de planta e espigas e porcentagem de acamamento e quebramento, nos ciclos e locais, sendo as menores médias apresentadas pela variedade Caiano. Isto demonstra que estas variedades tendem a ser mais altas, acamarem e quebrarem mais que os materiais comerciais. Entretanto, observam-se médias preditas com a seleção, que demonstram a possibilidade de reduzir sensivelmente este perfil. Em média, as variedades Palha Roxa e Macaco apresentaram os maiores valores para produtividade e os menores para as porcentagens de espigas danificadas, acamamentos e quebramentos, que as demais variedades.

Conclusões

As variedades crioulas apresentam potencial e suficiente variabilidade genética para os caracteres estudados, permitindo ganhos com a seleção recorrente de meioirmãos, em propriedades de agricultura familiar, com o Programa de Melhoramento Genético Participativo. As estimativas de parâmetros genéticos das variedades em sistemas de agricultura familiar são compatíveis com as citadas na literatura.

Agradecimentos

Aos agricultores e agricultoras familiares da Região Centro Sul do Paraná, pelo fornecimento de sementes e condução dos campos de avaliação.

A AS-PTA - Assessoria e Serviços em Projeto de Agricultura Alternativa pelo apoio financeiro e assessoria na condução dos experimentos.

Ao programa de Mestrado em Genética e Biologia Molecular-UEL/CAPES.

Referências

ÁLVAREZ, M. P.; MIRANDA FILHO, J. B. Diallel crossing among maize populations for resistance to fall armyworm. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.59, n.4, 2002.

ANJOS, M. H. G.; ANDRADE, J. A. C. Variabilidade genética no composto Flintista de milho (*Zea mays* L.). CONGRESSO ANCIIONAL DE MILHO E SORGO, 23., Uberlândia,

2000. **Resumos**. Sete Lagoas: ABMS/ Embrapa Milho e Sorgo/ Universidade Federal de Uberlândia, 2000. p.33.

ARAÚJO, P. M. **Variabilidade genética em subpopulações de milho** (*Zea mays* L.) obtidas por seleção divergente. Piracicaba, 1992.153p: Dissertação (Mestrado) – ESALQ.

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

ARIAS, C. A. A.; SOUZA Jr, C. L. Genetic variance and covariance components related to intra – and interpopulation recurrent selection in maize (*Zea mays* L.). **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v.21, n.4, p.537-544, 1998.

BERNAL, R. V. et al. Mejoramiento de maíces criollos tropicales mediante selección recurrente. **Revista Fitotecnia Mexicana**, v.19, p.9-19, 1996.

BISOGNIN, D. A. et al. Potencial de variedades de polinização aberta de milho em condições adversas de ambiente. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v.3, n.1, p.29-34, 1997.

BONOMO, P. et al. Comparação entre ganhos preditos e realizados na produção de grãos da população de milho Palha Roxa. **Revista Ceres**, v.47, n.272, p.383-392, 2000.

BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. 2 ed. Viçosa. Editora UFV, 1998. 453 p.

CALDERÓN, A. E.; ROBLEDO, M. T.; NARANJO, A. T. Variedades mejoradas no convencionales de maiz para agrosistemas de mediana productividad. **Agricultura Técnica en México**, v.25 n.2, p.83-87, jul/dec., 1999.

CAMOLESI, M. R. **Parâmetros genéticos obtidos com progênes de meio-irmãos de duas variedades de milho crioulo em sistemas de agricultura familiar**. Londrina, 2002. 47p: Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2002.

COIMBRA, J. L. M.; CARVALHO, F. I. F.; CIPRANDI, O. Potencial rendimento de grãos de genótipos de milho com diferentes graus de heterose. **Científica Rural**, v.4, n.2, p.83-90, 1999.

COSTA, F. M. P.; MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L. Valor genético de um composto selecionado para resistência à *Phaeosferia maidis*. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., Uberlândia, 2000. **Resumos**. Sete Lagoas: ABMS/Embrapa Milho e Sorgo/ Universidade Federal de Uberlândia, 2000. p.66.

CUNHA, R. N. V. **Efeito do processo dispersivo em subpopulações de tamanho reduzido de milho** (*Zea mays* L.). Piracicaba, 2004. 126p: Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura, São Paulo, 2004.

EQUIPE DA AS-PTA – ASSESSORIA E SERVIÇOS A PROJETOS EM AGRICULTURA ALTERNATIVA. **Apostila para formação de Liderança**. 2001, p.13.

FRANCHINI, C. R. B.; et al. Avaliação dos parâmetros genéticos em progênes de meio-irmãos de uma sub-população de milho composto "Flint" para resistência à lagarta-da-espiga

Helicoverpa zea (Bod.). **Anais da Sociedade Entomológica do Brasil**, Londrina, v.27, n.4. 1998.

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 12 ed. Piracicaba: Livraria Nobel S. A., 1990. 467 p.

GONZÁLEZ, P. A. et al. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em dois ciclos de seleção no milho dentado composto. **Pesquisa agropecuária brasileira**. Brasília, v.29, n.3. p 419-425. 1994.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganhos em famílias de meio-irmãos do milho-pipoca CMS 43. **Ciência Agrotecnológica**, Lavras, v.26, n.6, p.1228-1235, 2002.

GUADAGNIN, J. P. Avaliação de milho crioulos na FEPAGRO – 2001/2002. In: 47ª REUNIÃO TÉCNICA ANUL DO MILHO, 2002, Porto Alegre. **Anais**. Porto Alegre: EMBRAPA, 2002. v.01.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. Iowa State University Press, Ames – Iowa, p. 468, 1995.

KAGEYAMA, P. **Diversidade genética/espécies domesticadas e parentes silvestres** 1998. Disponível em <<http://www.bdt.org.br>>. Acesso em 12 março 2006.

LEMOS, M. A.; et al.. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais em progênies de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 27, n.12, p.1563-1569, 1992.

MACHADO, A.T. Resgate e conservação de germoplasma de milho realizado pelas instituições de pesquisa pública e sua interação com a agricultura familiar. In: SOARES, A.C. et al (Orgs.). **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. p.39-42.

MACHADO, A.T.; PEREIRA, M.B.; PEREIRA, M.E. Avaliação de variedades locais e melhoradas de milho em diferentes regiões do Brasil. In: SOARES, A. C. et al. (Org.). 1.ed. **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. Cap. 4, p. 93-106.

MACHADO, A.T.; FERNANDES, M.S. Participatory maize breeding for low nitrogen tolerance. **Euphytica**. v.122, n.3, p.567-573, 2001.

MACHADO, A. T.; MACHADO, C.T.T.; FURLANI, P.R. Avaliação e caracterização de variedades locais de milho para condições adversas de ambiente. In: SOARES, A.C. et al (Orgs.). **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA — Assessoria e serviços a projetos em agricultura alternativa, 1998. p.151-185.

MACHADO, C. T. T. et al. Variabilidade entre genótipos de milho para eficiência no uso de fósforo. **Bragantia**, Campinas. v.58, n.1, 1999.

NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Synthesis of new composites of maize (*Zea mays* L.) for population improvement in Brazil. In: REUNION LATINOAMERICANA DEL MAIZ, 18., Sete Lagoas, 1999. **Memórias**. México: CIMMYT; EMBRAPA - CNPMS, 1999. p.309.

PACHECO, C. A. P.; et al. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações cms-42 e cms-43 de milho pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.12, p.1995-2001, 1998.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. p.202-256.

PATERNIANI, E. Diversidade genética e raças de milho no Brasil. In: SOARES, A. C. et al. (Ed.) **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. cap.2, p.28-31.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. et al. Variedade de milho IAC V3: variabilidade genética e potencial de produção. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., Uberlândia, 2000. **Resumos**. Sete Lagoas: ABMS/ Embrapa Milho e Sorgo/Universidade Federal de Uberlândia, 2000. p. 87.

PINTO, R.M.C.; LIMA NETO, F. P.; SOUZA Jr. C. L. Estimativas do número apropriado de progênies S1 para a seleção recorrente em milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, 2000.

ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C. C. Estimación y significado de los parâmetros genéticos. **Fitotecnia latinoamericana**, Caracas, 2:23-28,1965.

ROSULJ, M.; TRIFUNOVIC, S.; HUSIC, I. Nine cycles of mass selection for increasing oil content in two maize (*Zea mays* L.) synthetics. **Genetics and Molecular Biology**. São Paulo, v.25, n.4, 2002.

SALEH, G. B.; ALAWI, S. A. S.; PANJAITAN, K. Performance, correlation and herdability studies on selected sweet corn synthetic populations. **Pakistan Journal of Biological Sciences**. v.5, n.3, p.251-254, 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**. São Paulo, v.28, n.4, p.781-788, 2005.

SAS Institute Inc., 2005. **Proprietary software release V6.12 for Windows**, Cary, North Carolina, USA.

SCAPIM, C. A.; PORTELA, C. G.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p.683-686, 1995.

SILVA, E. S. et al. Estimação de parâmetros genéticos no composto de milho ESAM- 1. **Caatinga**. Mossoró-RN, 14 (1/2), p. 43-52, 2001.

SILVA, H. D.; FERREIRA, D. F.; PACHECO, C. A. P. Avaliação de quatro alternativas de análise de experimentos em látice quadrado, quanto à estimação de componentes de variância. **Bragantia**, Campinas, v.59, n.1, p.117-123, 2000.

SIQUEIRA, H. M. et al. Milho híbrido versus milho crioulo: opções e perspectivas para os pequenos produtores da zona da mata mineira. In: 31º CONGRESSO BRASILEIRO DE ECONOMIA E SOCIOLOGIA RURAL, Ilhéus, 1993. **Anais**. Brasília, Sober, 1993. p.28-43.

SPANER, D.; BRATHWAITE, R. A. I.; MATHER, D. E. Comparison of openpollinated stress-tolerant and landrace maize for production under stress conditions in trinidad. **Maydica**, v.40, p.331-337, 1995.

TOZETTI, A. D.; OSUNA, J. A.; BANZATTO, D. A. Avaliação genotípica de progênies de meio-irmãos do composto dentado (*Zea mays* L.) para condições de safrinha. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.30, n.12, p.1411-1416, 1995.

VENCOVSKY, R. Genética Quantitativa. In: Kerr, W.E. (Org.). **Melhoramento e Genética**. São Paulo, Editora Melhoramento. P.17-38, 1969.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Associação entre caracteres. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: cap.5, p. 335-429, 1992.

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J. B.; SOUZA Jr, C. L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Haleigh, 1987, **Proceedings, Sunderland, Sinauer**, 1988, 465-77.

VILARINHO, A. A. et al. **Seleção de progênies endogâmicas S1 e S2 em um programa de melhoramento intrapopulacional.**

4.2 CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS, GENOTÍPICAS E AMBIENTAIS EM SEIS VARIEDADES DE MILHO
CRIOULAS AVALIADAS EM SISTEMAS DE AGRICULTURA FAMILIAR

EVALUATION OF PHENOTYPIC, GENOTYPIC AND ENVIRONMENT CORRELATIONS OF CORN
LANDRACES IN FAMILY FARMERS SYSTEMS

Artigo redigido conforme as normas técnicas da Revista Scientia Agrícola.

**CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS, GENOTÍPICAS E AMBIENTAIS EM SEIS
VARIEDADES DE MILHO CRIOULAS AVALIADAS EM SISTEMAS DE
AGRICULTURA FAMILIAR**

**EVALUATION OF PHENOTYPIC, GENOTYPIC AND ENVIRONMENT
CORRELATIONS OF CORN LANDRACES IN FAMILY FARMERS SYSTEMS**

Resumo

O conhecimento da natureza e magnitude das correlações entre caracteres de interesse é importante para obtenção de progresso genético nas populações melhoradas. Vários estudos de associação entre caracteres foram realizados com diferentes tipos de milhos. Entretanto, a literatura não apresenta estudos com variedades crioulas. Os objetivos foram determinar a existência de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais para auxiliar o melhoramento variedades crioulas em sistema de agricultura familiar e verificar sua concordância com as estimativas apresentadas na literatura. Foram avaliadas 400 e 294 progênies subdivididas em látices triplos 10x10 e 7x7, respectivamente, em sistemas de agricultura familiar. As parcelas foram constituídas por fileiras simples de 4,00 m de comprimento com espaçamento de 0,20m x 1,00m. As estimativas de coeficiente de correlação envolveram peso dos grãos, razão de peso de grãos por espiga, prolificidade, florescimento médio, alturas de planta e de espiga, porcentagens de plantas acamadas, quebradas e de espiga danificadas. As estimativas de correlações foram obtidas através dos componentes variâncias fenotípicas das análises agrupadas. Houve uma elevada frequência de correlação genéticas aditivas (r_A) significativas entre produtividade e os demais caracteres, nas diferentes variedades, ciclos e locais. Com produtividade as maiores médias das de estimativas de r_A foram com prolificidade (0,667), peso de grãos por espiga (0,471) e porcentagem de espigas danificadas (-0,628). Ao contrário da literatura, observaram-se correlações negativas entre produtividade e dias para florescimento.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Correlação. Variedades locais. Seleção recorrente e melhoramento genético participativo.

Abstract

The knowledge of the type and magnitude of the correlations between traits of interest are important to obtain genetic progress in breeding populations. Several studies on trait association were made with different types of corn. However, there are no studies, in the current literature, about landraces varieties. The objectives were to determine the existence of phenotypic, genotypic and environment correlations in order to assist the genetic enhancement in landraces varieties on family agriculture environments; and to compare the results with the current published researches. The 400 and 294 half-sib progenies of each variety were evaluated in subdivisions of 10x10 and 7x7 triple lattices, respectively, in family agriculture environments. The segments were divided in single row plots measuring 4 meters long, leaving 1 meter spaces between rows and 0,20 meter between plants. The estimates of

correlation coefficients involved the following characteristics: grain yield, grain yield/ear yield ratio, ears per plant, average of days to flower, plant and ear heights, percentage of lodging plants, percentage of stiff stalk, and percentage of damaged ears. The correlation estimates were obtained through phenotypic variance components from the grouped analysis. A high frequency of significant additive genetic correlation (r_A) was obtained in grain yield, and the another traits, in different varieties, cycles and locations. For grain yield, the best averages of the r_A estimative were with ears per plant (0,667), grain weight per ear weight quotient (0,471) and percentage of damaged ears (-0,628). In contrast of the current published researches, negative correlations between grain yield and average of days to flower were observed.

Keywords: *Zea mays* L. Correlation. Landraces recurrent. Selection and participative genetic improvement.

Introdução

Correlação é a medida da intensidade de associação entre duas variáveis ou a medida do grau da variação conjunta dessas (Steel e Torrie, 1960; Hallauer e Miranda Filho, 1995). O conhecimento da natureza e a magnitude das relações existentes entre caracteres são importantes, pois o melhoramento busca aprimorar o genótipo para um conjunto de caracteres, simultaneamente (Vencovsky e Barriga, 1992). Os progressos genéticos esperados para os componentes primários do rendimento dependem de suas correlações genéticas com a produtividade de grãos e também da herdabilidade desta, que é normalmente baixa (Ramalho et al., 1993). Devido à importância das correlações genéticas nos programas de melhoramento genético, muitos trabalhos foram desenvolvidos para identificá-las e quantificá-las em diferentes tipos de milho (Lemos et al., 1992; González et al., 1994; Cavalett et al., 2000; Pinto et al., 2000; Silva et al., 2001; Farias Neto e Miranda Filho, 2001; Saleh et al., 2002; Granate et al., 2002; Daros et al., 2004; Santos et al., 2005). Entretanto, a literatura não apresenta estudos de correlações em variedades crioulas.

As variedades crioulas, conhecidas como variedades locais ou *landraces*, se originaram de raças indígenas, introduções da América Central e do Norte e vários materiais comerciais, dando origem a muitas variedades com particularidades adaptativas aos locais de cultivo e diferentes finalidades de utilização, principalmente, por agricultores familiares (Paterniani, 1998; Paterniani et al., 2000a). Essas variedades sofreram processo de melhoramento de forma empírica, através da seleção de plantas mais adaptadas às regiões que foram desenvolvidas, ao longo das gerações (Weid e Dantas, 1998; Barbieri, 2003).

Estudos de correlações nestas variedades seriam de grande importância para direcionar o melhoramento genético de milho crioulo. Assim, os objetivos foram estimar correlações genéticas que auxiliem na seleção em variedades crioulas, para sistemas de agricultura familiar, e verificar sua concordância com as estimativas apresentadas na literatura.

Material E Métodos

Foram utilizadas seis variedades crioulas, quatro de endosperma amarelo (Caiano, Carioca, Macaco e Palha Roxa) e duas de endosperma branco (Cinquentinha e Maizena). O melhoramento destas variedades foi conduzido pelo Programa de Melhoramento Genético Participativo de Variedades Crioulas (Tardin et al., 2004), individualmente, através de dois a três ciclos de seleção recorrente com progênes de meio-irmãos (MI) em ambos os sexos, segundo a metodologia apresentada por Paterniani e Miranda Filho (1987) e Hallauer e Miranda Filho (1995).

Foram obtidas 400 progênes de MI do ciclo inicial de seleção (C0), em lavouras já plantadas nas propriedades de agricultores familiares. Para o ciclo 1 (C1) e 2 (C2) a recombinação e multiplicação de sementes de cada variedade foram conduzidas em dois lotes nas mesmas comunidades de agricultores que fizeram as avaliações dos ensaios de progênes, onde foram obtidas 200 progênes de cada um dos lotes isolados. As progênes foram avaliadas nas propriedades de agricultores familiares, em municípios da Região Centro Sul do Paraná, que apresentam clima subtropical úmido e altitudes variando de 762 a 940 metros (Tabela 1).

Tabela 1 – Variedades, ciclos, locais, municípios de condução dos ensaios, tipos de látices, números de ensaios, datas de semeadura.

Var	Ciclo (C)/Local (L)	Municípios	Safras	Látices	Nº. Ensaios	Semeadura
Caiano	C0L1	Palmeira	00/01	10x10	4	21/11/2000
	C0L2	Bituruna	00/01	10x10	4	11/11/2000
	C1L1	Palmeira	02/03	7x7	6	22/10/2002
	C1L2	Cruz Machado	02/03	7x7	6	07/10/2002
	C2L1	Palmeira	04/05	7x7	6	25/10/2004
	C2L2	Cruz Machado	04/05	7x7	6	09/10/2004
Carioca	C0L1	São Mateus do Sul	00/01	10x10	4	29/10/2000
	C0L2	Bituruna	00/01	10x10	3	31/10/2000
	C1L1	São Mateus do Sul	02/03	7x7	6	13/10/2002
	C1L2	Bituruna	02/03	7x7	6	18/10/2002
	C2L1	São Mateus do Sul	04/05	7x7	6	19/10/2004
	C2L2	Bituruna	04/05	7x7	6	29/10/2004
Palha Roxa	C0L1	Palmeira	00/01	10x10	4	20/10/2000
	C0L2	Bituruna	00/01	10x10	4	26/10/2000
	C1L1	Palmeira	02/03	7x7	6	15/10/2002
	C1L2	Bituruna	02/03	7x7	6	05/10/2002
	C2L1	Palmeira	04/05	7x7	6	06/10/2004
Macaco	C0L1	Palmeira	00/01	10x10	4	09/10/2000
	C0L2	Irineópolis	00/01	10x10	4	09/11/2000
	C1L1	Palmeira	02/03	7x7	6	10/10/2002
	C2L1	Palmeira	04/05	7x7	6	21/10/2004
	C2L2	Irineópolis	04/05	7x7	6	07/10/2004
Maizena	C0L1	Rebouças	01/02	10x10	3	23/10/2001
	C0L2	Bituruna	01/02	10x10	3	26/10/2001
	C1L1	Irati	03/04	7x7	6	24/10/2003
	C1L2	Bituruna	03/04	7x7	6	30/10/2003
Cinq.	C1L1	Fernandes Pinheiro	02/03	7x7	6	09/10/2002
	C1L2	Bituruna	02/03	7x7	6	19/10/2002
	C2L1	Fernandes Pinheiro	04/05	7x7	6	15/10/2004
	C2L2	Bituruna	04/05	7x7	6	04/11/2004

O delineamento experimental utilizado foi o látice triplo (10 x 10), com três a quatro experimentos por variedade no ciclo 0 (C0), e o látice triplo (7 x 7), com seis experimentos por variedade nos ciclos 1 (C1) e 2 (C2), para avaliação de um total de 400 a 294 progênies, respectivamente (Tabela 1). As parcelas dos ensaios foram constituídas por fileiras simples de 4,00 metros de comprimento, com espaçamento de 1 metro entre as fileiras e de 0,20 metros entre as plantas dentro da fileira, visando um estande ideal de 20 plantas por parcela. Os ensaios foram conduzidos utilizando o sistema orgânico de produção.

Os caracteres avaliados foram: peso dos grãos corrigidos para estande ideal de 20 plantas por parcela e uma umidade de 13,5% (PGC, em g pl⁻¹), conforme a metodologia

da covariância, sugerida por Miranda Filho (Vencovsky e Barriga, 1992); relação entre peso de grãos e peso de espiga (RGE); número de espigas por planta (RE); florescimento médio (FLO, em dias), obtido pela média do número de dias para florescimento masculino e feminino, contado a partir da semeadura; altura da planta (AP, em cm); altura da espiga (AE, em cm); porcentagens de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE) por parcela e porcentagem de espiga danificada por pragas ou doenças (%ED).

As análises individuais de variância em látice triplo foram realizadas segundo o proposto por Silva et al. (2000) e agrupadas por local, dentro de cada ciclo de seleção. A partir das análises agrupadas foram estimados os componentes de variância e coeficientes de correlações fenotípica (r_F), genotípica (r_A) e ambiental (r_E) entre dois caracteres, de acordo com Vencovsky e Barriga (1992). A significância dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica aditiva e ambiental foi avaliada pelo teste t, em 5% e 1% de significância (Steel e Torrie, 1960; Gomes, 1990).

Resultados e Discussão

As análises agrupadas dos experimentos apresentaram efeitos significativos de progênies dentro de ensaios em todas as variedades nos ciclos e locais para os caracteres PGC, FLO, AP e AE, e para a maioria dos demais caracteres (tabela 2). Estes resultados indicam a existência de variabilidade genética para os caracteres estudados.

Tabela 2 – Médias gerais ajustadas das progênies agrupadas e nível de significância da fonte de variação progênies dentro de experimentos para produtividade (PGC, em t ha⁻¹), relação entre PG/PE (RGE), relação de número de espigas por planta (RE), porcentagem de espigas danificadas (%ED), valor médio entre o florescimento masculino e feminino (FLO, em dias), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), porcentagem de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE), por ciclo e local.

Variedade	PGC	RGE	RE	%ED	FLO	AP	AE	%AC	%QUE	
Caiano	C0L1	4,29**	0,80**	1,04**	13,1**	86,6**	203**	107**	9,1**	8,2ns
	C0L2	4,23**	0,75**	0,98**	30,7**	84,0**	253**	144**	0,9**	2,2**
	C1L1	7,92**	0,82**	0,99**	9,3**	86,4**	244**	143**	0,3ns	2,9*
	C1L2	3,61**	0,80**	0,90**	18,6**	100,2**	171**	85**	0,6ns	5,0*
	C2L1	7,75**	0,80ns	1,10**	15,7*	83,7**	258**	156**	4,5ns	2,6*
	C2L2	2,66**	0,67*	0,92**	26,2**	110,5**	177**	85**	----	----
Carioca	C0L1	6,55**	0,81**	1,01**	21,8*	86,8**	300**	182**	3,6**	12,1**
	C0L2	4,40**	0,78*	0,99ns	15,3**	85,4**	246**	139**	4,1ns	3,9ns
	C1L1	6,11**	0,85**	0,92**	22,6**	92,2**	253**	143**	3,6**	7,1**
	C1L2	4,17**	0,80*	0,88ns	7,0ns	90,5**	221**	127**	3,7ns	6,4ns
	C2L1	4,42**	0,72**	0,95**	32,2**	88,7**	276**	169**	0,0ns	53,7**
	C2L2	1,86**	0,62**	0,88**	50,3*	96,1**	246**	144**	----	----
Palha Roxa	C0L1	7,77**	0,83**	1,05**	12,0**	86,4**	281**	173**	2,6**	10,2**
	C0L2	4,25**	0,78ns	0,97ns	20,4**	93,9**	258**	151**	7,6**	5,4**
	C1L1	8,18**	0,86**	1,00**	10,5ns	79,8**	301**	184**	1,0ns	3,9ns
	C1L2	6,41**	0,85**	0,98ns	7,2ns	93,3**	253**	145**	1,3ns	1,7ns
	C2L1	6,24**	0,84**	0,97**	5,7ns	96,5**	255**	174**	0,1ns	0,8**
Macaco	C0L1	7,03**	0,83**	0,99ns	13,9*	83,7**	263**	154**	7,1**	7,5**
	C0L2	6,03**	0,83*	0,93**	10,7**	81,5**	309**	197**	10,3**	8,7ns
	C1L1	6,58**	0,84**	0,93**	19,7**	82,5**	264**	158**	24,3**	8,5**
	C2L1	6,08**	0,84**	0,91**	8,7ns	85,3**	275**	172**	1,2**	3,1*
	C2L2	2,48**	0,69*	0,62**	48,2**	101,4**	231**	128**	0,0ns	6,9**
Maisena	C0L1	5,03**	0,77ns	1,07ns	29,7**	93,9**	287**	183**	7,0ns	18,5**
	C0L2	4,36**	0,72ns	1,03ns	37,9ns	101,3**	265**	164**	4,5ns	16,6ns
	C1L1	3,31**	0,79**	0,98**	45,2*	96,4**	282**	172**	4,5**	21,6**
	C1L2	3,38**	0,77ns	0,83*	43,7ns	101,4**	257**	158**	10,4*	10,8ns
Cinquentinha	C1L1	4,20**	0,83ns	0,94**	14,9ns	87,4**	205**	106**	0,3ns	11,3**
	C1L2	3,68**	0,83**	0,86**	5,9ns	102,6**	231**	134**	5,1**	6,3**
	C2L1	2,85**	0,79ns	0,84**	14,9ns	94,3**	217**	125**	0,1ns	16,7**
	C2L2	3,19**	0,69**	1,12*	32,7*	89,4**	247**	155**	5,5ns	7,1ns

As estimativas de médias originais máximas e mínimas das variedades, nos ciclos e locais, variaram de 8,18 a 1,86 t ha⁻¹ para produtividade; 0,85 a 0,62 para a relação de peso de grão por espiga; 1,12 a 0,62 para a relação do número de espigas por planta; 50,3% a 5,7% para porcentagem de espigas danificadas; 111 a 80 dias para o florescimento; 309 a 171 cm para altura de planta; 197 a 85 cm para altura de espiga; 24,3% a 0% para porcentagem de acamamento e 53,7% e 0,8% para porcentagem de quebramento.

Na tabela 3 encontram-se os coeficientes de correlações genéticas aditivas entre produtividade e os demais caracteres estudados. A maioria dos caracteres está correlacionada ($P < 0,01$) com produtividade, sendo que as características RGE, RE e %ED apresentaram, freqüentemente, valores significativos e elevadas magnitudes. Correlações altas entre produtividade e número de espigas por planta, também são apresentadas por Lemos et al. (1992), González et al. (1994) e Silva et al. (2001). Para os caracteres FLO, AP, AE, %AC e %QUE predominaram menores correlações com produtividade, mas em sua maioria significativas. Os graus de liberdade incluídos no teste t devem ter contribuído para observação de significâncias dos valores baixos de correlação, de acordo com as observações de Vasconcelos et al. (1998) e Kurek et al. (2002). A partir das correlações, observa-se que a seleção para aumento da relação peso de grão por espiga e prolificidade, com a redução da porcentagem de espigas danificadas auxiliam no aumento de produtividade destas variedades crioulas em sistemas de agricultura familiar.

Tabela 3 – Estimativas dos coeficientes de correlações genéticas aditivas entre produtividade (PGC, em t ha⁻¹) e os demais caracteres, relação entre PG/PE (RGE), relação de número de espigas por planta (RE), porcentagem de espigas danificadas (%ED), valor médio entre o florescimento masculino e feminino (FLO, em dias), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), porcentagem de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE), por ciclo e local.

Variedade		RGE	RE	%ED	FLO	AP	AE	%AC	%QUE
Caiano	C0L1	0,644**	0,689**	-0,732**	-0,245**	0,155**	0,181**	0,176**	----
	C0L2	0,580**	0,495**	-0,924**	-0,260**	-0,090ns	0,031ns	-0,105*	0,244**
	C1L1	0,425**	0,510**	-0,261**	-0,159**	0,382**	0,334**	0,831**	0,747**
	C1L2	0,364**	0,640**	-0,703**	0,051ns	0,368**	0,401**	----	0,282**
	C2L1	0,232**	0,541**	-0,519**	0,110ns	0,312**	0,356**	-0,300**	0,541**
	C2L2	0,802**	0,999**	-0,281**	-0,336**	0,577**	0,625**	----	----
Carioca	C0L1	0,539**	0,376**	-0,746**	-0,018ns	0,102*	0,094 ns	0,392**	-0,056 ns
	C0L2	0,724**	0,974**	-0,446**	0,052 ns	0,028 ns	-0,009 ns	0,017 ns	0,075 ns
	C1L1	0,314**	0,713**	-0,643**	-0,476**	-0,037 ns	-0,112 ns	0,119*	0,035 ns
	C1L2	0,764**	----	----	-0,036 ns	0,435**	0,318**	0,409**	0,923**
	C2L1	0,284**	0,769**	-0,891**	-0,343**	0,096 ns	0,090 ns	----	-0,066 ns
	C2L2	0,384**	0,861**	----	-0,525**	-0,053 ns	-0,215**	----	----
Palha Roxa	C0L1	0,410**	0,399**	-0,387**	0,145**	0,408**	0,382**	0,104*	0,137**
	C0L2	0,908**	----	-0,826**	-0,043ns	0,008 ns	-0,034 ns	-0,316**	-0,129**
	C1L1	0,376**	0,762**	-0,954**	0,276**	0,467**	0,449**	----	0,019 ns
	C1L2	0,343**	0,666**	-0,708**	-0,065 ns	0,180**	0,131*	-0,006ns	-0,383**
	C2L1	0,284**	0,722**	-0,264**	0,073 ns	0,460**	0,394**	----	-0,121**
Macaco	C0L1	0,406**	0,070ns	-0,608**	0,131**	0,257**	0,178**	-0,048ns	0,084ns
	C0L2	0,650**	0,625**	-0,518**	-0,100*	0,203**	0,228**	-0,583**	----
	C1L1	0,310**	0,452**	-0,553**	-0,203**	-0,048ns	-0,033 ns	-0,088ns	0,235**
	C2L1	0,359**	0,871**	----	-0,265**	0,095ns	0,041 ns	-0,599**	0,496**
	C2L2	0,474**	0,838**	-0,383**	-0,512**	0,299**	0,346**	----	0,390**
Maizena	C0L1	----	0,668**	-0,969**	-0,457**	0,289**	0,114*	-0,195**	-0,283**
	C0L2	----	----	-0,924**	-0,034ns	0,397**	0,302**	0,017ns	-0,273**
	C1L1	0,563**	0,651**	-0,447**	-0,513**	-0,215**	-0,152**	-0,283**	0,136**
	C1L2	----	0,966**	-0,193**	-0,204**	-0,044ns	-0,071ns	-0,087ns	-0,828**
Cinquentinha	C1L1	0,118*	0,798**	-0,817**	0,433**	0,510**	0,508**	----	0,210**
	C1L2	0,608**	0,865**	----	-0,088ns	0,305**	0,366**	-0,128*	0,114*
	C2L1	----	0,716**	----	0,084ns	0,020ns	0,259**	----	-0,099ns
	C2L2	0,372**	0,379**	-1,000**	-0,416**	0,087ns	0,146*	-0,025ns	-0,116*

As correlações significativas entre produtividade e dias para o florescimento, embora não sendo de valores elevados, foram predominantemente negativas, sugerindo que a escolha de plantas mais precoces resultaria em maior produtividade, o que também foi observado por Araújo (1992), diferente da média positiva de 13 correlações citada Hallauer e Miranda Filho (1995). Por outro lado, resultados concordantes com a literatura, onde se verificam correlações positivas e significativas entre produtividade e alturas de planta e espigas (Tabela 3). As correlações estimadas entre produtividade e porcentagens de acamamento e quebraamento não apresentaram um comportamento consistente, oscilando entre estimativas positivas e negativas, com elevada significância.

As estimativas médias dos coeficientes de correlação ambiental (r_E), genética aditiva (r_A) e fenotípica (r_F), das seis variedades nos ciclos e locais, estão relacionadas na Tabela 4. Para a maioria dos caracteres pode se observar uma concordância na direção e na magnitude dos coeficientes r_E , r_A e r_F . Os poucos casos em que houve discordância, podem ser atribuídos a efeitos modificadores do ambiente e a diferentes mecanismos fisiológicos controlando a expressão dos caracteres (Falconer, 1964). Em quase todas as associações as correlações genéticas aditivas apresentaram magnitudes superiores aos outros tipos de correlações, com exceção das correlações entre PGC x FLO, PGC x AP, PGC x AE, PGC x %AC, RE x FLO e RE x %AC.

A média das correlações genéticas aditivas entre os caracteres PGC e RE foi elevada e positiva (0,667), mostrando que a seleção de plantas prolíficas deverá resultar no ganho de seleção para produtividade. Resultados semelhantes a este foram relatados por Lemos et al. (1992), Santos et al., (2005) e González et al.(1994).

Entre PGC e %ED foi observada uma média de correlações genéticas aditivas alta e negativa (-0,628), possibilitando a seleção simultânea de plantas que contenham menos espigas danificadas e com maiores produtividades. Daros et al. (2004) relatam uma estimativa entre PGC e %ED igual a -0,112; em um trabalho com milho pipoca.

O número de dias para o florescimento apresentou alta correlação genética aditiva positiva com altura de planta (0,562) e espiga (0,595), este resultado indica que a seleção para a redução do intervalo de dias entre florescimento masculino e feminino ocasionará uma diminuição na estatura da planta e na altura da inserção da espiga na planta. Altas correlações genéticas para altura de planta com florescimento masculino (0,67) e feminino (0,53) foram evidenciadas por Saleh et al. (2002), em estudo de dez populações sintéticas de milho. Porém, no trabalho desenvolvido por Santos et al. (2002) as correlações fenotípicas entre altura de planta e florescimentos feminino e florescimento masculino, altura

de espiga e florescimentos feminino e florescimento masculino, separadamente, apresentaram-se não significativos e com baixa magnitude.

Como esperado, constatou-se alta correlação positiva genética aditiva entre altura de planta e altura de espiga (0,902), mostrando elevada associação entre estes caracteres. O que é confirmado através dos resultados de estimativas de correlação genética encontrada por vários autores 0,89 e 0,95 por Pinto et al. (2000); 0,84 por Silva et al.(2001); 0,778 e 0,800 por Farias Neto e Miranda Filho (2001); 0,966 por Granate et al. (2002); 0,81 e 0,82 por Santos et al. (2005).

Não foram observadas expressivas médias de correlações ambientais, exceto para a associação entre altura de planta e altura de inserção da espiga na planta, com uma média de coeficientes igual a 0,750. Os valores positivos de correlação ambiental demonstram que ambos caracteres foram prejudicados ou beneficiados pelas mesmas variações do ambiente e valores negativos, indicam que o ambiente favoreceu uma das características em detrimento da outra (Falconer, 1964). As maiores médias de correlações ambientais negativas foram observadas entre produtividade e os caracteres dias para o florescimento (-0,312) e porcentagem de espigas danificadas (-0,355), revelando que as condições ambientais, que conduzem ao aumento dos dias para florescimento e espigas danificadas, promovem uma redução da produtividade. Esta tendência pode ser também verificada através nos resultados apresentados na Tabela 2.

As correlações fenotípicas foram altas e positivas apenas para associação entre PGC x RE e AP x AE, nestas associações também foram observadas magnitudes similares para os coeficientes de correlação genética aditiva, o que possibilita inferir que a seleção indireta para uma destas características acarretará em maiores alterações nas outra característica.

Na tabela 4 também são mostrados os desvios das médias de correlações ambientais, genéticas aditivas e fenotípicas entre os caracteres. Os desvios médios das correlações genéticas aditivas mostraram maior magnitude em relação aos outros desvios, com exceção do desvio para as médias de correlação entre altura de planta e espiga (0,044), o menor destes desvios, que foi semelhante ao desvio ambiental (0,054). Foi observado, através dos desvios, que as correlações entre alguns caracteres apresentaram sempre o mesmo sentido (PGC x RGE, PGC x RE, PGC x %ED, RGE x %ED, RGE x FLO, %ED x FLO, FLO x AP, FLO x AE e AP x AE).

Tabela 4 – Média geral de correlações ambiental (r_E), genética aditiva (r_A) e fenotípica (r_F) de todas as variedades crioulas nos diferentes ciclos e locais (acima da diagonal) e respectivos desvios destas médias (abaixo da diagonal) para produtividade (PGC, em t ha⁻¹), relação entre PG/PE (RGE), relação de número de espigas por planta (RE), porcentagem de espigas danificadas (%ED), valor médio entre o florescimento masculino e feminino (FLO, em dias), altura da planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), porcentagem de plantas acamadas (%AC) e quebradas (%QUE).

Caráter		PGC	RGE	RE	%ED	FLO	AP	AE	%AC	%QUE
PGC	r_E		0,386	0,482	-0,355	-0,312	0,232	0,210	-0,083	-0,052
	r_A		0,471	0,667	-0,628	-0,131	0,199	0,188	-0,033	0,089
	r_F		0,403	0,529	-0,432	-0,218	0,214	0,193	-0,089	-0,010
RGE	r_E	0,115		0,004	-0,242	-0,090	0,063	0,050	-0,027	-0,011
	r_A	0,193		0,183	-0,427	-0,268	-0,108	-0,063	-0,202	0,188
	r_F	0,102		0,064	-0,294	-0,161	-0,011	-0,005	-0,055	0,029
RE	r_E	0,112	0,050		0,019	-0,134	0,083	0,077	-0,029	0,023
	r_A	0,215	0,221		-0,377	-0,114	0,125	0,121	0,029	0,053
	r_F	0,134	0,082		-0,087	-0,120	0,097	0,089	-0,052	0,047
%ED	r_E	0,104	0,144	0,090		0,137	-0,087	-0,076	0,020	-0,005
	r_A	0,251	0,368	0,345		0,391	0,086	0,096	0,105	-0,030
	r_F	0,121	0,168	0,106		0,203	-0,030	-0,014	0,044	-0,024
FLO	r_E	0,112	0,054	0,089	0,077		-0,120	-0,114	0,070	0,011
	r_A	0,248	0,216	0,271	0,272		0,562	0,595	0,232	-0,115
	r_F	0,142	0,109	0,136	0,093		0,294	0,316	0,100	-0,035
AP	r_E	0,115	0,070	0,072	0,090	0,116		0,750	-0,030	-0,004
	r_A	0,208	0,253	0,222	0,337	0,162		0,902	0,294	0,008
	r_F	0,109	0,095	0,088	0,088	0,119		0,838	0,052	0,009
AE	r_E	0,109	0,054	0,069	0,082	0,105	0,054		-0,030	0,012
	r_A	0,210	0,249	0,217	0,298	0,167	0,044		0,298	0,099
	r_F	0,122	0,095	0,081	0,088	0,120	0,029		0,052	0,053
%AC	r_E	0,078	0,049	0,093	0,057	0,085	0,074	0,063		-0,002
	r_A	0,324	0,228	0,462	0,369	0,266	0,267	0,265		0,126
	r_F	0,089	0,066	0,103	0,057	0,091	0,082	0,087		0,031
%QUE	r_E	0,079	0,040	0,107	0,048	0,049	0,062	0,063	0,182	
	r_A	0,360	0,295	0,390	0,384	0,194	0,313	0,284	0,377	
	r_F	0,066	0,074	0,131	0,070	0,073	0,088	0,091	0,220	

Conclusões

A seleção em milho crioulo para aumento de produtividade está relacionada à seleção de plantas mais prolíficas, menor porcentagem de espigas danificadas, maior relação peso de grãos por espiga e maior precocidade. Existe uma associação positiva entre plantas mais altas e mais tardias, mas com magnitude que possibilitam a seleção para plantas mais produtivas com menor altura de plantas e maior precocidade. Com exceção do carácter

florescimento médio, as correlações observadas para milho crioulo, em sistemas de agricultura familiar, são semelhantes a da literatura, tendo em alguns casos magnitude diferenciadas.

Agradecimentos

Aos agricultores e agricultoras familiares da Região Centro Sul do Paraná, pelo fornecimento de sementes e condução dos campos de avaliação.

A AS-PTA - Assessoria e Serviços em Projeto de Agricultura Alternativa pelo apoio financeiro e assessoria na condução dos experimentos.

Ao programa de Mestrado em Genética e Biologia Molecular-UEL/CAPES.

Referências

ARAÚJO, P. M. **Variabilidade genética em subpopulações de milho (*Zea mays* L.) obtidas por seleção divergente**. Piracicaba, 1992.153 f. Dissertação (Mestrado) – Escola de Agricultura “Luiz de Queiros”.

BARBIERIE, R. L. Conservação e uso de recursos genéticos vegetais. In.:FREITAS,L.B., BERED, F. **Genética e evolução vegetal**. Porto Alegre: Ed.UFRGS, 2003. p.403-413.

CAVALLET, L. E. et al. Produtividade do milho em resposta à aplicação de nitrogênio e inoculação das sementes com *Azospirillum spp*. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**. Campina Grande-PB, v.4, n.1, p.129-132, 2000.

DAROS, M. et al. Correlações entre caracteres agrônômicos entre dois ciclos de seleção recorrente em milho pipoca. **Ciência Rural**. Santa Maria, v.34, n.5, p.1389- 1394, 2004.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 2.ed. New York: Roland Press,1964. 365p.

FARIAS NETO, A. L. ; MIRANDA FILHO, J. B. Genetic correlation between traits in the ESALQ-PB1 maize population divergently selected for tassel size and ear height. **Scientia Agrícola**, v.58, n.1, p.119-123, 2001.

GOMES, F. P. **Curso de Estatística Experimental**. 13 ed. Piracicaba: livraria Nobel S.A., 1990, 468p.

GONZÁLEZ, P. A. et al. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em dois ciclos de seleção no milho dentado composto. **Pesquisa agropecuária brasileira**. Brasília, v.29, n.3. p 419-425. 1994.

GRANATE, M. J. et al. Predição de ganhos em famílias de meios irmãos do milhopipoca CMS 43. **Ciência agrotecnológica**, Lavras, v.26, n.6, p.1228-1235, 2002.

HALLAUER, A. R. ; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. Iowa State University Press, Ames – Iowa, p. 468, 1995.

KUREK, A. J. et al. Coeficiente de correlação agrônomicos e de qualidade de grãos e sua utilidade na seleção de plantas de aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.32, n.3, p.371-376, 2002.

LEMOS, M. A. et al. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais em progênies de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 27, n.12, p.1563-1569, 1992.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas : Fundação Cargill, 1978. p.202-256.

PATERNIANI, E. Diversidade genética e raças de milho no Brasil. In: SOARES, A. C.; MACHADO, A. C.; SILVA, B. M.; WEID, J. M. (Ed.) **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. cap.2, p.28-31

PATERNIANI, E.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil. In: UDRY, C. V.; DUARTE, W. (Ed.) **Uma história brasileira do milho - o valor dos recursos genéticos**. Brasília: Paralelo 15, 2000a. cap.1, p.11-42.

PINTO, R. M. C.; LIMA NETO, F. P.; SOUZA Jr. C. L. Estimativas do número apropriado de progênies S_1 para a seleção recorrente em milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, 2000.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicação no melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

SALEH, G. B.; ALAWI, S. A. S.; PANJAITAN, K. Performance, correlation and heritability studies on selected sweet corn synthetic populations. **Pakistan Journal of Biological Sciences**. v.5, n.3, p.251-254, 2002.

SANTOS, J.; VENCOSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agrônomicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*, L.). **Ciência e Prática**, Lavras, v.10, n.3, p.265-272, 1986.

SANTOS, P. G. et al. Avaliação do desempenho agrônomico de híbridos de milho em Uberlândia, MG. **Pesquisa agropecuária brasileira**. Brasília, v.37, n.5, p.597-602, 2002.

SANTOS, M. F. et al. Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. **Genetics and Molecular Biology**. São Paulo, v.28, n.4, p.781-788, 2005.

SILVA, E. S. et al. Estimação de parâmetros genéticos no composto de milho ESAM- 1. **Caatinga**. Mossoró-RN, 14 (1/2), p. 43-52, 2001.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. L. **Principles and procedures of statistics**. New York: McGraw Hill. 1960. 481p.

VASCONCELLOS, N. J. S. et al. Efeito do ambiente e correlação entre componentes do grão em genótipos de aveia cultivados no Sul do Brasil. **Revista brasileira de agrocência**, Pelotas, v.2, n.2, p.85-88, 1998.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Associação entre caracteres. **Genética Biométrica** no Fitomelhoramento. Ribeirão Preto: cap.5, p. 335-429, 1992.

WEID, J.M.; DANTAS, R. Impactos potenciais do programa de sementes de milho crioulo. In: In: SOARES, A.C. (Org.) 1.ed. **Milho crioulo**: conservação e uso da biodiversidade. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. p.13-18.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, P.; FREIRE, A. G. Sementes que frutificam: duas histórias de paixão pelas sementes. **Agriculturas: Experiências em Agroecologia**. AS-PTA, v.1, n.1. p.44-47, 2004.
- ÁLVAREZ, M. P.; MIRANDA FILHO, J. B. Diallel crossing among maize populations for resistance to fall armyworm. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.59, n.4, 2002.
- ANJOS, M. H. G.; ANDRADE, J. A. C. Variabilidade genética no composto Flintista de milho (*Zea mays* L.). CONGRESSO ANCIIONAL DE MILHO E SORGO, 23., Uberlândia, 2000. **Resumos**. Sete Lagoas: ABMS/ Embrapa Milho e Sorgo/ Universidade Federal de Uberlândia, 2000. p.33.
- ARAÚJO, P. M. **Variabilidade genética em subpopulações de milho (*Zea mays* L.) obtidas por seleção divergente**. Piracicaba, 1992.153 f.: Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de agricultura “Luiz de Queiroz”.
- ARAÚJO, P. M.; NASS, L. L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.59, n.3, p.589-593, 2002.
- ARIAS, C. A. A.; SOUZA Jr, C. L. Genetic variance and covariance components related to intra - and interpopulation recurrent selection in maize (*Zea mays* L.). **Genetics and Molecular Biology**, v.21, n.4, p.537-544, 1998.
- BARBIERIE, R. L. Conservação e uso de recursos genéticos vegetais. In: FREITAS, L.B., BERED, F. **Genética e Evolução Vegetal**. Porto Alegre: Ed.UFRGS, 2003. p.403-413.
- BARROS, L. B. et al. Correlações fenotípicas em populações originadas do cruzamento de milho crioulo e melhorado. In: 51º Congresso Brasileiro de Genética, 2005, Águas de Lindóia. **Resumos**. Águas de Lindóia. p.520. CDROM.
- BONOMO, P. et al. Comparação entre ganhos preditos e realizados na produção de grãos da população de milho Palha Roxa. **Revista Ceres**, v.47, n.272, p.383-392, 2000.
- BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. 2 ed. Viçosa. Editora UFV, 1998. 453 p.
- CAMOLESI, M. R. **Parâmetros genéticos obtidos com progênies de meio-irmãos de duas variedades de milho crioulo em sistemas de agricultura familiar**. Londrina, 2002. 47p: Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual Londrina, 2002..
- CANCI, A. **Sementes Crioulas: construindo soberania, a semente na mão do agricultor**. São Miguel do Oeste SC: Mclee, 2002, 161 p.
- CANCI, A. **A diversidade de espécies crioulas em Anchieta-SC: Diagnóstico, resultado de pesquisa e outros apontamentos para conservação da agrobiodiversidade/ Adriano Canci**. São Miguel do Oeste: Mclee, 2004, 112 p.
- CARVALHO, H. W. L. et al. Adaptabilidade e estabilidade de comportamento de cultivares de milho em treze ambientes nos tabuleiros costeiros do nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.12, p.2225-2234, 1999.

CAVALLET, L. E. et al. Produtividade do milho em resposta à aplicação de nitrogênio e inoculação das sementes com *Azospirillum spp.* **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande-PB, v.4, n.1, p.129-132, 2000.

CHAUDAURY, D. et al. Genetic variability and correlation for yield components in rice. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, New Delhi, v.43, n.2, p.181-184, 1973.

COCHRAN, W. G.; COX, G. M. **Experimental designs**. A Wiley International Edition, Canadá, 1957. 611 p.

COSTA, F. M. P.; MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L. Valor genético de um composto selecionado para resistência à *Phaeosferia maidis*. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., Uberlândia, 2000. **Resumos**. Sete Lagoas: ABMS/Embrapa Milho e Sorgo/ Universidade Federal de Uberlândia, 2000. p.66.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Correlações genotípica, fenotípica e de ambiente. In: CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1994. Cap.3, p.73-101.

CUNHA, R. N. V. B. **Efeito do processo dispersivo em subpopulações de tamanho reduzido de milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba, 2004. 126p: Tese (Doutorado) – Escola Superior Agricultura “Luiz de Queiroz”.

DAROS, M. et al. Correlações entre caracteres agronômicos entre dois ciclos de seleção recorrente em milho pipoca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.34, n.5, p.1389- 1394, 2004.

EQUIPE DA AS-PTA – ASSESSORIA E SERVIÇOS A PROJETOS EM AGRICULTURA ALTERNATIVA. **Apostila para formação de Liderança**. 2001, p.13.

FALCONER, D. S. Introduction to quantitative genetics. 2.ed. New York: Roland Press,1964. 365p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**.4 ed. New York: Longman Scientific and Technical. 1996. 464p.

FARIA, R. T.; MONTALVÁN, R. Variabilidade genética e germoplasma. In: FARIA, R.T., MONTALVÁN, R. **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: Editora UEL, cap.3, p.27-35, 1999.

FARIAS NETO, A. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Genetic correlation between traits in the ESALQ-PB1 maize population divergently selected for tassel size and ear height. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.58, n.1, p.119-123, 2001.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York : MacMillan, 1987. v.1, 536p.

FRANCHINI, C. R. B.; et al. Avaliação dos parâmetros genéticos em progênies de meio-irmãos de uma sub-população de milho composto "Flint" para resistência à lagarta-da-espiga *Helicoverpa zea* (Bod.). **Anais da Sociedade Entomológica do Brasil**, Londrina, v.27, n.4. 1998.

GOODMAN, M. M. Genetic and germplasm stocks worth prospects, and remedies. **Iowa State Journal of Research**, v.59, p.497-527, 1990.

GOMES, F. P. **Curso de Estatística Experimental**. 13 ed. Piracicaba: livraria Nobel S.A., 1990, 468p.

GONZÁLEZ, P. A. et al. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em dois ciclos de seleção no milho dentado composto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.29, n.3. p 419-425. 1994.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganhos em famílias de meios irmãos do milho-pipoca CMS 43. **Ciência Agrotecnológica**, Lavras, v.26, n.6, p.1228-1235, 2002.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. Iowa State University Press, Ames – Iowa, 1995. 468 p.

HIDALGO, J.A.F. **Top crosses intra grupo de variedades de milho crioulo visando a síntese de compostos para agricultura familiar**. Londrina, 2004. 107p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual Londrina, 2004.

INCRA – Instituto Nacional de Colonização e Reforma Agrária. MDA quer tratamento especial para a agricultura familiar na Alca. Disponível em <http://www.incra.gov.br/noticias/news/ano/2006/mes/março/semana2/02_MDA_tratamento_especial_agricultura_familiar_alca.htm>. Acesso em 12 março 2006.

KAGEYAMA, P. **Diversidade genética/espécies domesticadas e parentes silvestres 1998**. Disponível em <<http://www.bdt.org.br>>. Acesso em 12 março 2006.

KAPLUM, P.R. et al. Potencial agrônômico de 24 variedades crioulas melhoradas para sistemas de agricultura familiar In: **XIV ENCONRO ANUAL DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA**, 2005, Guarapuava. CDROM.

KOSTETZER, V. et al. Potencial genético de populações oriundas do cruzamento de milho crioulo com variedades melhoradas. In: 51º Congresso Brasileiro de Genética, 2005, Águas de Lindóia. **Resumos**. Águas de Lindóia. p.660. CDROM.

LEMOS, M. A.; GAMA, E. E. G.; OLIVEIRA, A. C. et al. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais em progênies de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 27, n.12, p.1563-1569, 1992.

MACHADO, A. T. Resgate e conservação de germoplasma de milho realizado pelas instituições de pesquisa pública e sua interação com a agricultura familiar. In: SOARES, A.C. (Org.) 1.ed. **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998b. p.39-42.

MACHADO, A.T.; FERNANDES, M.S. Participatory maize breeding for low nitrogen tolerance. **Euphytica**, v.122, n.3, p.567-573, 2001.

MACHADO, A. T.; MACHADO, C.T. T. ; FURLANI, P.R. Avaliação e caracterização de variedades locais de milho para condições adversas de ambiente. In: SOARES, A.C.; MACHADO, A.T.; SILVA, B. de M.; WEID, J.M. von Der (Orgs.). **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA — Assessoria e serviços a projetos em agricultura alternativa, 1998a. p.151-185.

MACHADO, C. T. T. et al. Variabilidade entre genótipos de milho para eficiência no uso de fósforo. **Bragantia**, Campinas, v.58, n.1, 1999.

MARTINELLI, A. P. et al. Desempenho agrônomico de populações de milho crioulo sob condições rústicas de cultivo avaliadas em sistemas de agricultura familiar. In: **XII ENCONTRO ANUAL DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA**, 2003, Foz do Iguaçu. CDROM.

MENEGUETTI, G. A.; GIRARDI, J. L.; REGINATTO, J. C. Milho crioulo: tecnologia viável e sustentável. **Agroecologia e Desenvolvimento Rural Sustentável**, Porto Alegre, v.3, n.1, 2002.

NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Synthesis of new composites of maize (*Zea mays* L.) for population improvement in Brazil. In: REUNION LATINOAMERICANA DEL MAIZ, 18., Sete Lagoas, 1999. **Memórias**. México: CIMMYT; EMBRAPA - CNPMS, 1999. p.309.

OLIVEIRA, R. B. R. et al. Avaliação de 24 variedades de milho crioulo em sistema de agricultura familiar no município de Irineópolis. In: IX Mostra Acadêmica de Trabalhos em Agronomia - MATA, 2005, Londrina. **Resumos**. Londrina: UEL, 2005. CDROM.

PACHECO, C. A. P. et al. Estimativas de parâmetros genéticos nas populações cms-42 e cms-43 de milho pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.12, p.1995-2001, 1998.

PATERNIANI, E. Diversidade genética e raças de milho no Brasil. In: SOARES, A. C.; MACHADO, A. C.; SILVA, B. M., WEID, J. M. (Ed.) **Milho crioulo**: conservação e uso da biodiversidade. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. cap.2, p.28-31.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 429-485.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e Produção de Milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. p.202-256.

PATERNIANI, E. ; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil. In: UDRY, C. V.; DUARTE, W. (Ed.). **Uma história brasileira do milho - o valor dos recursos genéticos**. Brasília: Paralelo 15, 2000a. cap.1, p.11-42.

PATERNIANI, E. et al. Variedade de milho IAC V3: variabilidade genética e potencial de produção. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., Uberlândia, 2000. **Resumos**. Sete Lagoas: ABMS/ Embrapa Milho e Sorgo/Universidade Federal de Uberlândia, 2000b. p.87.

PINTO, R. de M. C.; LIMA NETO, F. P.; SOUZA Jr. C. L. Estimativas do número apropriado de progênies S1 para a seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, 2000.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicação no melhoramento do feijoeiro. Goiania: UFG, 1993. 271p.

ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C. C. Estimación y significado de los parâmetros genéticos. **Fitotecnia latinoamericana**, Caracas, v.2, p.23-28,1965.

RUSSEL, W.A. **Melhoramento de populações de milho como fontes de linhagens**. Campinas: Fundação Cargill, 1975, 58 p.

SALEH, G. B.; ALAWI, S. A. S.; PANJAITAN, K. Performance, correlation and herdability studies on selected sweet corn synthetic populations. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, v.5, n.3, p.251-254, 2002.

SANTOS, M. F. et al. Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v.28, n.4, p.781-788, 2005.

SANTOS, P. G. et al. Avaliação do desempenho agrônômico de híbridos de milho em Uberlândia, MG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.5, p.597-602, 2002.

SAS Institute Inc., 2005. **Proprietary software release V6.12** for Windows, Cary, North Carolina, USA.

SCHUCH, H. J. **A importância da opção pela agricultura familiar [on line]**. Disponível em: via internet URL: <<http://www.brasil.terravista.pt>>. Acessado em 20 julho 2005.

SILVA, E. S. et al. Estimação de parâmetros genéticos no composto de milho ESAM- 1. **Caatinga**, Mossoró-RN, v.14, p. 43-52, 2001.

SILVA, H. D. ; FERREIRA, D. F.; PACHECO, C. A. P. Avaliação de quatro alternativas de análise de experimentos em látice quadrado, quanto à estimação de componentes de variância. **Bragantia**, Campinas, v.59, n.1, p.117-123, 2000.

SIQUEIRA, H. M. et al. Milho híbrido versus milho crioulo: opções e perspectivas para os pequenos produtores da zona da mata mineira. In: 31º CONGRESSO BRASILEIRO DE ECONOMIA E SOCIOLOGIA RURAL, Ilhéus, 1993. **Resumos**. Brasília, Sober, 1993. p.28-43.

SOARES, A.C.; WEID, J.M.; MACHADO, A. T. et al. **Milho crioulo, conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998.

SOUZA Jr., C. L. **Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intre e inter populacional**. Piracicaba, 1983. 102p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

SOUZA Jr., C. L. **Manutenção de coleções de bancos de germoplasmas**. [publicação didática], Piracicaba, 1995. 25p.

SOUZA Jr., C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S de.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento-plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.159-199.

SPANER, D.; BRATHWAITE, R.A.I.; MATHER, D.E. Comparison of open-pollinated stress-tolerant and landrace maize for production under stress conditions in Trinidad. **Maydica**, v.40, p.331-337, 1995.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. L. **Principles and procedures of statistics**. New York: McGraw Hill. 1960. 481p.

TARDIN, J. M. et al. A organização social dos agricultores da região Centro-Sul do Paraná em busca da autonomia, sustentabilidade e desenvolvimento da agricultura familiar. **Agriculturas: Experiências em Agroecologia**. AS-PTA, v.1, n.0, p.32-36, nov., 2004b.

TARDIN, J. M. et al. A semente que caiu em terra boa: a trajetória de um movimento social em defesa da agrobiodiversidade. **Agriculturas: Experiências em Agroecologia**. AS-PTA. v.1, n.1. p.44-47, nov., 2004b.

TOZETTI, A. D.; OSUNA, J. A.; BANZATTO, D. A. Avaliação genotípica de progênies de meios-irmãos do composto dentado (*Zea mays* L.) para condições de safrinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.12, p.1411-1416, 1995.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.) **Melhoramento do milho no Brasil**. Piracicaba, Fundação Cargill, 1978. p.122-201.

VENCOVSKY, R. Genética Quantitativa. In: Kerr, W.E. (Org.). **Melhoramento e Genética**. Editora Melhoramento, São Paulo, v. ,p.17-38, 1969.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Associação entre caracteres. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: cap.5, p. 335-429, 1992.

VENCOVSKY, R. ; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Haleigh, 1987, **Proceedings**, Sunderland, Sinauer, 1988, 465-77.

VILARINHO, A. A. et al. Seleção de progênies endogâmicas S1 e S2 em um programa de melhoramento intrapopulacional de milho pipoca. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 24, n. 5, p. 1419-1425, 2002.

WEID, J.M.; DANTAS, R. Impactos potenciais do programa de sementes de milho crioulo. In: In: SOARES, A.C. (Org.) 1.ed. **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. p.13-18.

WEILTZIEN, E. et al. **Technical and institutional issues in participatory plant breeding: from the perspective of formal plant breeding: a global analysis of issues, results, and current experience**. Washington: CGIAR, 2000. 106p.