

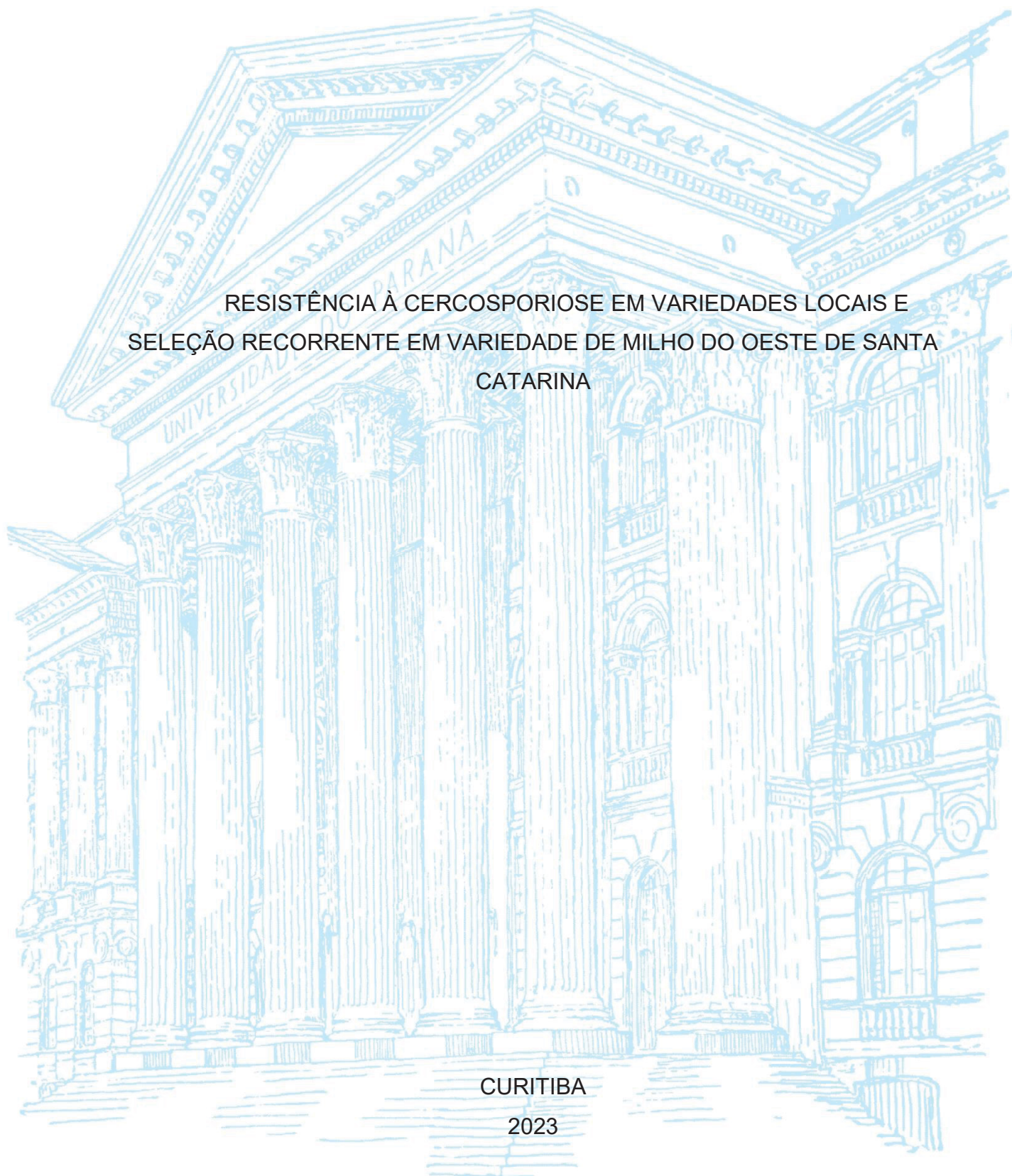
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

TAINÁ CAROLINE KUHN

RESISTÊNCIA À CERCOSPORIOSE EM VARIEDADES LOCAIS E
SELEÇÃO RECORRENTE EM VARIEDADE DE MILHO DO OESTE DE SANTA
CATARINA

CURITIBA

2023



TAINÁ CAROLINE KUHN

RESISTÊNCIA À CERCOSPORIOSE EM VARIEDADES LOCAIS E
SELEÇÃO RECORRENTE EM VARIEDADE DE MILHO DO OESTE DE SANTA
CATARINA

Dissertação apresentada ao curso de Pós-Graduação em Agronomia, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências.

Orientador: Prof. Dr. Bruno Portela Brasileiro

Coorientador: Prof. Dr. Volmir Kist

CURITIBA

2023

DADOS INTERNACIONAIS DE CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO (CIP)
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SISTEMA DE BIBLIOTECAS – BIBLIOTECA DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

Kuhn, Tainá Caroline

Resistência à cercosporiose em variedades locais e seleção
recorrente em variedade de milho do oeste de Santa Catarina/
Tainá Caroline Kuhn. – Curitiba, 2023.
1 recurso online: PDF.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Paraná,
Setor de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em
Agronomia (Produção Vegetal).

Orientador: Prof. Dr. Bruno Portela Brasileiro
Coorientador: Prof. Dr. Volmir Kist

1. Milho. 2. Fungo. 3. Genética. I. Brasileiro, Bruno Portela.
II. Kist, Volmir. III. Universidade Federal do Paraná. Programa de
Pós-Graduação em Agronomia (Produção Vegetal). IV. Título.

Bibliotecária: Telma Terezinha Stresser de Assis CRB-9/944



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO AGRONOMIA
(PRODUÇÃO VEGETAL) - 40001016031P6

TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação AGRONOMIA (PRODUÇÃO VEGETAL) da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da dissertação de Mestrado de TAINÁ CAROLINE KUHN intitulada: **RESISTÊNCIA À CERCOSPORIOSE EM VARIEDADES LOCAIS E SELEÇÃO RECORRENTE EM VARIEDADE DE MILHO DO OESTE DE SANTA CATARINA**, sob orientação do Prof. Dr. BRUNO PORTELA BRASILEIRO, que após terem inquirido a aluna e realizada a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua APROVAÇÃO no rito de defesa. A outorga do título de mestra está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

CURITIBA, 05 de Setembro de 2023.

Assinatura Eletrônica

05/09/2023 18:58:35.0

BRUNO PORTELA BRASILEIRO

Presidente da Banca Examinadora

Assinatura Eletrônica

05/09/2023 19:47:16.0

VOLMIR KIST

Coordenador(a)

Assinatura Eletrônica

06/09/2023 09:02:16.0

RONALDO SIMÃO DE OLIVEIRA

Avaliador Externo (INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA BAIANO)

Rua dos Funcionários, 1540 - CURITIBA - Paraná - Brasil
CEP 80035-050 - Tel: (41) 3350-5601 - E-mail: pgapv@ufpr.br

Documento assinado eletronicamente de acordo com o disposto na legislação federal Decreto 8539 de 08 de outubro de 2015.
Gerado e autenticado pelo SIGA-UFPR, com a seguinte Identificação Única: 312695
Para autenticar este documento/assinatura, acesse <https://siga.ufpr.br/siga/visitante/autenticacaoassinaturas.jsp>
e insira o código 312695

AGRADECIMENTOS

Ao meu orientador, professor Dr. Bruno Portela Brasileiro, por ter aceito a orientação, pela paciência e por todo auxílio prestado.

Ao professor do Instituto Federal Catarinense – *Campus* Concórdia, Dr. Volmir Kist, e ao Grupo de Pesquisa Agrobio, deste mesmo Instituto. Sem vocês a realização deste trabalho não teria sido possível.

A todos os docentes das disciplinas cursadas, por todo ensinamento e comprometimento com a profissão. Vocês são grandes responsáveis por toda a evolução pessoal e profissional durante o período do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, pela concessão de bolsa durante um período de 8 meses.

Ao Instituto Federal Catarinense – *Campus* Concórdia e aos agricultores que cederam áreas para a condução dos experimentos.

A Cooperativa dos Agricultores Familiares de Novo Horizonte – COOPERAL, a Associação dos Pequenos Agricultores Plantadores de Milho Crioulo Orgânico e Derivados - ASSO e a Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina – EPAGRI, por conceder as sementes das variedades utilizadas nos estudos.

A Daniele Patricia Mathias pela elaboração dos mapas.

A todos que contribuíram para a realização deste trabalho de alguma forma.

Muito obrigada!

RESUMO

No oeste do estado de Santa Catarina, sul do Brasil, há um microcentro de diversidade de milho. As variedades presentes nesta região possuem variabilidade genética entre e dentro de suas populações. Com isso, este estudo objetivou identificar variedades locais do oeste catarinense com resistência a cercosporiose, e posteriormente realizar um ciclo de seleção recorrente entre famílias de meio-irmãos em uma variedade de milho com boas características agronômicas. Na safra agrícola 2017/18 foram analisadas 11 variedades de polinização aberta para a resistência a cercosporiose e na safra 2018/19 foram avaliadas 12 variedades, sendo que destas, oito estiveram presentes nos dois anos agrícolas. A variedade MPA1 demonstrou maior resistência à cercosporiose sob maiores pressões da doença. A partir desta informação, foi conduzido um ciclo de seleção, com o intuito de obter uma nova variedade de polinização aberta mais produtiva. Na safra 2021/22 foi realizado um ciclo de seleção entre 144 famílias de meio-irmãos oriundas da variedade MPA1. Foi identificada variabilidade genética para a característica produtividade e a seleção das 25% famílias de meio-irmãos mais produtivas pode promover um ganho de seleção de 4,4%. Há variedades locais de maior resistência à cercosporiose e a variedade MPA1 demonstrou um notável grau de resistência quantitativa. Após um primeiro ciclo de seleção entre famílias de meio-irmãos, foi identificado que, além do nível de resistência à cercosporiose, as famílias em seleção também podem apresentar tolerância ao déficit hídrico.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; *Cercospora zae-maydis*; *Cercospora zeina*; variabilidade genética; ganhos de seleção.

ABSTRACT

In the west of the state of Santa Catarina, southern Brazil, there is a microcenter of corn diversity. The varieties present in this region have genetic variability between and within their populations. Therefore, this study aimed to identify local varieties from western Santa Catarina with resistance to gray leaf spot, and subsequently carry out a cycle of recurrent selection among half-sib families in a corn variety with good agronomic characteristics. In the 2017/18 agricultural harvest, 11 open-pollinated varieties were analyzed for resistance to gray leaf spot and in the 2018/19 harvest, 12 varieties were evaluated, of which eight were present in the two agricultural years. The MPA1 variety demonstrated greater resistance to gray leaf spot under greater disease pressures. Based on this information, a selection cycle was conducted, with the aim of obtaining a new, more productive open-pollinated variety. In the 2021/22 harvest, a selection cycle was carried out among 144 half-sib families originating from the MPA1 variety. Genetic variability was identified for the productivity trait and the selection of the 25% most productive half-sib families can promote a selection gain of 4.4%. There are local varieties with greater resistance to gray leaf spot and the MPA1 variety demonstrated a notable degree of quantitative resistance. After a first cycle of selection among half-sibling families, it was identified that, in addition to the level of resistance to cercosporiosis, the families under selection may also present tolerance to water deficit.

Keywords: *Zea mays* L.; *Cercospora zeae-maydis*; *Cercospora zeina*; genetic variability; selection gains.

SUMÁRIO

| | |
|---|-----------|
| 1 INTRODUÇÃO GERAL..... | 8 |
| 1.1 REFERÊNCIAS..... | 12 |
| 2 CAPÍTULO 1 - RESISTÊNCIA À CERCOSPORIOSE DE VARIEDADES DE MILHO DO OESTE CATARINENSE | 15 |
| 2.1 INTRODUÇÃO | 17 |
| 2.2 MATERIAL E MÉTODOS..... | 18 |
| 2.2.1 Implantação e condução dos ensaios..... | 18 |
| 2.2.2 Material vegetal..... | 20 |
| 2.2.3 Avaliação das variedades quanto à resistência à cercosporiose | 21 |
| 2.3 RESULTADOS..... | 23 |
| 2.4 DISCUSSÃO | 27 |
| 2.5 CONCLUSÕES | 32 |
| 2.6 REFERÊNCIAS..... | 32 |
| 3 CAPÍTULO 2 – PARÂMETROS GENÉTICOS EM FAMÍLIAS DE MEIO-IRMÃOS DE UMA VARIEDADE DE MILHO DO OESTE DE SANTA CATARINA, BRASIL .. | 39 |
| 3.1 INTRODUÇÃO | 41 |
| 3.2 MATERIAL E MÉTODOS..... | 42 |
| 3.2.1 Obtenção das famílias de meio-irmãos..... | 43 |
| 3.2.2 Implantação dos ensaios | 43 |
| 3.2.3 Caracteres avaliados | 45 |
| 3.3 RESULTADOS..... | 47 |
| 3.4 DISCUSSÃO | 52 |
| 3.5 CONCLUSÕES | 56 |
| 3.6 REFERÊNCIAS..... | 56 |
| 4 CONCLUSÕES GERAIS | 62 |
| 5 REFERÊNCIAS GERAIS | 63 |

1 INTRODUÇÃO GERAL

Sementes de milho (*Zea mays* L.) híbrido com alta tecnologia embutida são amplamente comercializadas e utilizadas em lavouras de produção de grãos e silagem. No entanto, o alto custo de aquisição dessas sementes é um dos fatores que levam alguns agricultores a não cultivarem milhos híbridos (KIST *et al.*, 2010). Para estes agricultores, variedades de milho de polinização aberta ainda possuem grande importância e podem ser uma alternativa para viabilizar o seu sistema de produção, em decorrência da redução dos custos.

São denominadas variedades de polinização aberta (VPA's) as populações alógamas que possuem acasalamento aleatório. Essa forma de reprodução gera populações que se aproximam do equilíbrio de Hardy – Weinberg (BRESEGHELLO *et al.*, 2013), onde as frequências genéticas e alélicas permanecem constantes quando atendem aos seguintes pressupostos: não haver seleção, acasalamento direcionado, migração e mutação (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). O equilíbrio de Hardy – Weinberg presente em VPA's possibilita ao agricultor guardar parte da produção para utilizar como semente em safras subsequentes. Mas, nem sempre as VPA's estão em equilíbrio completo, em virtude da seleção de plantas praticada pelos agricultores no momento de obterem as sementes para a próxima safra (QI-LUN *et al.*, 2008; BRESEGHELLO *et al.*, 2013).

As VPA's são altamente heterogêneas e parcialmente heterozigotas. Em contrapartida, milhos híbridos são homogêneos e apresentam heterose devido ao vigor híbrido, resultando em maiores produtividades quando comparados às VPA's (KUTKA *et al.*, 2011; LANGNER *et al.*, 2019). Porém, o uso de parte da produção de grãos de milhos híbridos como sementes é inviabilizada. A lavoura resultante destas sementes possui plantas com características altamente heterogêneas e de baixa produtividade, em função da perda de heterose (LANGNER *et al.*, 2019).

O cultivo de VPA's representa uma parcela quase irrisória da produção nacional de milho (FARIA *et al.*, 2022). Isso é reflexo da infinidade de híbridos disponíveis altamente adaptados para as mais diversas condições de clima (LANA *et al.*, 2017). No entanto, a base genética estreita de híbridos pode ser um grande empecilho quando as cultivares são expostas a estresses bióticos e abióticos, devido as plantas serem geneticamente semelhantes (MULATO, 2009). Já a ampla base

genética de VPA's gera respostas satisfatórias quando essas são submetidas a circunstâncias desfavoráveis como, por exemplo, estresse hídrico e ataque de diversas pragas e doenças (LANA *et al.*, 2017; TROYJACK *et al.*, 2019).

Em geral, as VPA's são comercializadas por instituições ou são encontradas em regiões onde os próprios agricultores mantêm as variedades locais. Além disso, os produtores são capazes de gerar suas próprias variedades de polinização aberta, por meio de cruzamentos e seleção visual (KUTKA *et al.*, 2011; LANGNER *et al.*, 2019; MANSILLA *et al.*, 2021). Estudos demonstram que VPA's melhoradas podem apresentar produtividade semelhante à de alguns híbridos (BARROS *et al.*, 2019), pois por meio de processos de seleção e recombinação de plantas de características superiores é possível aumentar a frequência de alelos favoráveis (BRESEGHELLO *et al.*, 2013).

A definição mais apropriada de variedades locais vem sendo discutida ao longo dos tempos (CASAÑAS *et al.*, 2017). Na década de 90, havia sido determinado que as variedades locais são aquelas com alta capacidade de tolerar estresses bióticos e abióticos, e com alta estabilidade para uma produtividade mediana, usando baixas quantias de insumos agrícolas (ZEVEN *et al.*, 1998). Mas tal definição, considera primordialmente as características das populações, não explanando questões relacionadas a história das mesmas, bem como a forma de multiplicação usada pelos agricultores e a utilização ou não de métodos de seleção (CASAÑAS *et al.*, 2017).

Nos anos 2000, um estudo realizado por Villa *et al.* (2005) procurou identificar os aspectos em comum que as variedades locais apresentam para então propor uma definição mais abrangente. A partir disso, foi sugerido que as variedades locais são “uma população dinâmica de uma planta cultivada que tem origem histórica, identidade distinta e carece de melhoramento genético, além de ser geneticamente diversa, localmente adaptada e associada à sistemas de agricultura tradicional”. Mas, em vista do progresso da agricultura como um todo, seria inapropriado considerar que as variedades locais não progridem conjuntamente. Os conceitos amplamente difundidos, que são conservadores, descrevem que as variedades locais somente podem evoluir sem o uso de técnicas de melhoramento genético, mas com isso o cultivo dessas se tornaria cada vez mais inviável, pois elas não conseguiriam competir com variedades modernas. Portanto, o seguinte complemento ao conceito desenvolvido por Zeven *et al.* (1998) foi sugerido: “raças tradicionais são variedades

cultivadas que evoluíram e podem continuar a evoluir, usando técnicas de melhoramento genético convencionais ou modernas, em ambientes agrícolas tradicionais ou novos dentro de uma área ecogeográfica definida e sob a influência da cultura humana local” (CASAÑAS *et al.*, 2017).

Como prova da importância de se aprimorar o desempenho de variedades locais por meio do uso de melhoramento genético, um estudo realizado na Itália observou que agricultores inconscientemente selecionavam, para compor seus novos plantios, as variedades que apresentavam introgressão de alelos de híbridos e esses foram responsáveis por favorecer a adaptação das raças tradicionais (BITOCCHI *et al.*, 2015; CASAÑAS *et al.*, 2017). Além disso, a simples seleção empírica realizada ao longo dos anos também foi capaz de melhorar caracteres agronômicos de importância em populações locais de milho (HERRERA-CABRERA *et al.*, 2013). Esses relatos corroboram com a importância da atualização do conceito de variedades tradicionais.

O cruzamento entre populações locais pode acentuar a variabilidade genética, ou até gerar novas variedades (KIST *et al.*, 2010; CASAÑAS *et al.*, 2017; ARDENGHI *et al.*, 2018). Esses eventos são favorecidos por razão do milho ser uma espécie alógama e pela livre polinização (ARDENGHI *et al.*, 2018). Vale ressaltar que essa é uma cultura de elevada diversidade genética, com mais de 300 raças identificadas (MACHADO; MACHADO; NASS, 2011) e que possui vários centros de diversidade espalhados pelo mundo. No extremo oeste de Santa Catarina há um microcentro de diversidade, ou seja, uma pequena área geográfica com grande diversidade de milho. Este localiza-se mais precisamente nos municípios de Anchieta e Guaraciaba, com cerca de 136 populações de parentes silvestres e 1513 populações de variedades tradicionais de milho (1078 de pipoca, 337 de milho comum, 61 de milho doce e 37 de milho farinha), que possuem grande variabilidade de cores, usos e com particularidades que as fazem ser facilmente reconhecidas pelos agricultores familiares (COSTA; SILVA; OGLIARI, 2016).

A conservação *on farm* é exercida sobretudo por pequenas comunidades e agricultores familiares (LANGNER *et al.*, 2019). É comprovada que essa forma de conservação tem sido eficaz em preservar a diversidade genética da cultura do milho, mesmo que por muitas vezes os pequenos produtores não tenham acesso a informações sobre os mais adequados métodos para a manutenção da diversidade (ARDENGHI *et al.*, 2018; STAGNATI *et al.*, 2021). Indubitavelmente, estes povos vêm

desempenhando um papel crucial como guardiões de um precioso recurso genético (ARDENGGHI *et al.*, 2018).

Além destas variedades serem mantidas por diversas qualidades intrínsecas que exibem, elas fazem parte da história e representam um modo de vida das comunidades que as cultivam (COSTA; SILVA; OGLIARI, 2016; LUCA *et al.*, 2017). Grande parte da sua produção é utilizada para consumo próprio e, de modo geral, é averiguado que raças locais possuem ótima qualidade sensorial e elevadas propriedades nutracêuticas quando comparadas a cultivares modernas. Outra desvantagem que cultivares superiores apresentam em relação às populações locais é a ausência de laços culturais, o que as faz serem facilmente substituídas por novos híbridos (CASAÑAS *et al.*, 2017).

Mesmo que exista ciência sobre as qualidades nutricionais de milhos locais devido a um conhecimento tradicional, muitos estudos estão sendo conduzidos com estes grãos, a fim de determinar as quantidades de alguns importantes constituintes. Estes estudos atestaram o potencial biofortificante de muitas variedades locais, em função de quantias apreciáveis de carotenoides, antocianinas, zinco e proteína que elas apresentam (KUHNEN *et al.*, 2011; KIST *et al.*, 2014; PUGLISI *et al.*, 2018; MANSILLA *et al.*, 2021). Além disso, foram identificadas variedades com tolerância à seca, resistência a doenças e com resultados de produtividade promissores (SASSE, 2008; MACHADO; MACHADO; NASS, 2011; OGLIARI; KIST; CANCI, 2013; SIBIYA *et al.*, 2013). Isso reforça que as variedades tradicionais são importantes bancos de genes para tolerância a diversos tipos de estresses e para a manutenção da segurança alimentar (MACHADO; MACHADO; NASS, 2011).

Todos esses fatores tornam os milhos locais uma oportunidade econômica bem atrativa, e por isso novos produtos alimentícios vêm sendo desenvolvidos com o uso dos mesmos. Na Itália, que produzia essencialmente polenta e biscoitos a base de variedades tradicionais, atualmente já está fabricando cervejas, pizzas e sorvetes (ARDENGGHI *et al.*, 2018). Além disso, é crescente a preocupação da população em consumir alimentos mais saudáveis, e que sejam provenientes de uma agricultura mais sustentável. Portanto, há um importante nicho de mercado a ser explorado por pequenos agricultores, que podem incrementar sua renda pela agregação de valor dos produtos derivados de milhos tradicionais (KIST *et al.*, 2014; PUGLISI *et al.*, 2018).

Ao considerar as potencialidades das variedades locais, bem como a existência de um microcentro de diversidade destas no oeste catarinense, este estudo objetivou identificar variedades com resistência a cercosporiose (*Cercospora zeae-maydis* e *Cercospora zeina*), e posteriormente realizar um ciclo de seleção recorrente em uma variedade que apresentasse boas características agrônômicas.

1.1 REFERÊNCIAS

ARDENGHI, N. M. G. *et al.* Back to beaked: zea mays subsp. mays rostrata group in northern italy, refugia and revival of open-pollinated maize landraces in an intensive cropping system. **Peerj**, v. 6, 4 jul. 2018.

BITOCCHI, E. *et al.* European flint landraces grown in situ reveal adaptive introgression from modern maize. **Plos One**, v. 10, n. 4, 8 abr. 2015.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Populações alógamas. *In*: BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: Ufv, 2017. Cap. 20. p. 279-295.

BRESEGHELLO, F. *et al.* Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 61, n. 35, p. 8277-8286, 3 abr. 2013.

CASAÑAS, F. *et al.* Toward an evolved concept of landrace. **Frontiers in Plant Science**, v. 08, 8 fev. 2017.

COSTA, F. M.; SILVA, N. C. A.; OGLIARI, J. B. Maize diversity in southern Brazil: indication of a microcenter of *Zea mays* L. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, n. 4, p. 681-700, 23 mar. 2016.

FARIA, S. V. *et al.* Phenotypic and molecular characterization of a set of tropical maize inbred lines from a public breeding program in Brazil. **Bmc Genomics**, v. 23, n. 54, jan. 2022.

HERRERA-CABRERA, B. E. *et al.* Superior populations within the maize diversity from eastern state of México. **Fitotecnia Mexicana**, v. 36, n.1, jan. 2013.

KIST, V. *et al.* Genetic potential of a maize population from Southern Brazil for the modified convergent–divergent selection scheme. **Euphytica**, v. 176, n. 1, p. 25-36, 1 jul. 2010.

KIST, V. *et al.* Genetic variability for carotenoid content of grains in a composite maize population. **Scientia Agricola**, v. 71, n. 6, p. 480-487, dez. 2014.

- KUHNEN, S. *et al.* Carotenoid and anthocyanin contents of grains of Brazilian maize landraces. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 91, n. 9, p. 1548-1553, 28 mar. 2011.
- KUTKA, F. *et al.* Open-pollinated vs. hybrid maize cultivars. **Sustainability**, v. 3, n. 9, p. 1531-1554, 22 set. 2011.
- LANA, M. A. *et al.* Yield stability and lower susceptibility to abiotic stresses of improved open-pollinated and hybrid maize cultivars. **Agronomy for Sustainable Development**, v. 37, n. 4, 24 jul. 2017.
- LANGNER, J. A. *et al.* Maize: key agricultural crop in food security and sovereignty in a future with water scarcity. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 23, n. 9, p. 648-654, set. 2019.
- LUCA, D. *et al.* Conservation and genetic characterisation of common bean landraces from Cilento region (southern Italy): high differentiation in spite of low genetic diversity. **Genetica**, v. 146, n. 1, p. 29-44, 13 out. 2017.
- MACHADO, A. T.; MACHADO, C. T. T.; NASS, L. L. Manejo da diversidade genética e melhoramento participativo de milho em sistemas agroecológicos. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 6, n. 1, jun. 2011.
- MANSILLA, P. S. *et al.* Agronomic and chemical description of open-pollinated varieties of opaque-2 and purple maize (*Zea mays* L.) adapted to semiarid region of Argentina. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 13 fev. 2021.
- MULATO, B. M. **Diversidade genética em germoplasma de soja identificada por marcadores por marcadores SSR, EST-SSR e caracteres agromorfológicos.** 2009. 87 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Ciências, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.
- OGLIARI, J. B.; KIST, V.; CANCI, A. The participatory genetic enhancement of a local maize variety in Brazil. In: BOEF, W. S. *et al.* **Community Biodiversity Management: promoting resilience and the conservation of plant genetic resources.** London: 2013.
- PUGLISI, D. *et al.* Traditional farmers' varieties: a valuable source of genetic variability for biofortification programs. **Maydica**, v. 63, n. 2, 2018.
- QI-LUN, Y. *et al.* Genetic diversity based on SSR markers in maize (*Zea mays* L.) landraces from Wuling mountain region in China. **Journal of Genetics**, v. 87, n. 3, p. 287-291, 3 out. 2008.
- SASSE, S. **Caracterização de variedades locais de milho procedentes de Anchieta – SC quanto à resistência a *Exserohilum turcicum*.** 2008. 101 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2008.

SIBIYA, J. *et al.* Smallholder farmers perceptions of maize diseases, pests, and other production constraints, their implications for maize breeding and evaluation of local maize cultivars in KwaZulu-Natal, South Africa. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 17, p. 1790-1798, 9 maio 2013.

STAGNATI, L. *et al.* Microsatellite and morphological characterization of three Rostrato di Val Chiavenna (Sondrio, Italy) maize (*Zea mays* L.) accessions. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 22 maio 2021.

TROYJACK, C. *et al.* Productive performance and multivariate interrelations of open pollinated and hybrid maize in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 3, jul. 2019.

VILLA, T. C. C. *et al.* Defining and identifying crop landraces. **Plant Genetic Resources**, v. 3, n. 3, p. 373-384, dez. 2005.

ZEVEN, A. C. *et al.* Landraces: a review of definitions and classifications. **Euphytica**, v. 104, n. 2, p. 127-139, 1998.

2 CAPÍTULO 1 - RESISTÊNCIA À CERCOSPORIOSE DE VARIEDADES DE MILHO DO OESTE CATARINENSE

RESUMO

Os fitopatógenos são responsáveis por ocasionar grandes perdas de produtividade nas culturas agrícolas. Dentre as doenças que acometem a cultura do milho, a cercosporiose apresenta-se como uma das mais importantes. Uma das principais formas de prevenção e controle desta doença é a resistência genética. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar variedades locais de milho do oeste catarinense com resistência à cercosporiose por meio das estimativas de área abaixo da curva do progresso da doença. Foram avaliadas 15 variedades de polinização aberta, duas comerciais e 13 locais, cultivadas no oeste de Santa Catarina. No total, 11 variedades foram analisadas na safra 2017/18 e 12 em 2018/19, das quais oito variedades foram avaliadas nos dois anos agrícolas. Os ensaios foram conduzidos em três municípios do oeste catarinense, nas duas safras agrícolas, Concórdia (CCO), Iporã do Oeste (IPO) e Novo Horizonte (NHO), em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. Foram realizadas seis avaliações de severidade da doença com auxílio de uma escala diagramática, a partir das quais foram obtidas as áreas abaixo da curva do progresso da doença (AACPD), utilizadas para diferenciar as variedades quanto a resistência à cercosporiose. Os dados de AACPD foram submetidos a análise de modelos mistos REML/BLUP no software SELEGEN. Para todos os ambientes, a herdabilidade para a característica AACPD foi de moderada a alta (0,599 a 0,926). Na safra 2018/19 houve baixa pressão de cercosporiose, o que dificultou a diferenciação das variedades para a resistência à doença. Ocorreu a alteração do ordenamento dos genótipos nos diferentes ambientes. O genótipo Roxo Anchieta se manteve entre as variedades de menor AACPD em todos os seis ambientes, portanto, entre os mais resistentes independente do local de estudo, enquanto que MPA1 foi a variedade de maior resistência em ambientes de alta pressão de cercosporiose. Os ambientes de maiores severidades da cercosporiose foram mais eficientes em discriminar as variedades quanto à resistência e também demonstraram maior variabilidade fenotípica e genotípica para a severidade da doença. Há variedades com resistência quantitativa, expressada pela baixa AACPD, sendo que as variedades MPA1 e Roxo Anchieta se destacam. Portanto, essas duas variedades podem utilizadas em programas de melhoramento para aumentar a resistência das novas populações para a cercosporiose.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; *Cercospora zae-maydis*; *Cercospora zeina*; herdabilidade; resistência quantitativa.

ABSTRACT

Phytopathogens are responsible for causing major productivity losses in agricultural crops. Among the diseases that affect corn crops, gray leaf spot is one of the most important. One of the main ways to prevent and control this disease is genetic resistance. Thus, the objective of this work was to identify local corn varieties in western Santa Catarina with resistance to gray leaf spot through estimates of the area under the disease progress curve. Fifteen open-pollinated varieties were evaluated, two commercial and 13 local, cultivated in the west of Santa Catarina. In total, 11 varieties were analyzed in the 2017/18 harvest and 12 in 2018/19, of which eight varieties were evaluated in both agricultural years. The trials were conducted in three municipalities in the west of Santa Catarina, in the two agricultural seasons, Concórdia (CCO), Iporã do Oeste (IPO) and Novo Horizonte (NHO), in a randomized complete block design, with three replications. Six disease severity assessments were carried out using a diagrammatic scale, from which the areas below the disease progress curve (AACPD) were obtained, used to differentiate the varieties in terms of resistance to gray leaf spot. AACPD data were subjected to REML/BLUP mixed model analysis in SELEGEN software. For all environments, heritability for the AACPD trait was moderate to high (0.599 to 0.926). In the 2018/19 harvest there was low gray leaf spot pressure, which made it difficult to differentiate varieties for resistance to the disease. There was a change in the ordering of genotypes in different environments. The Roxo Anchieta genotype remained among the varieties with the lowest AACPD in all six environments, therefore, among the most resistant regardless of the study location, while MPA1 was the variety with the greatest resistance in environments with high gray leaf spot pressure. Environments with greater severity of gray leaf spot were more efficient in discriminating varieties in terms of resistance and also demonstrated greater phenotypic and genotypic variability in disease severity. There are varieties with quantitative resistance, expressed by low AACPD, with the varieties MPA1 and Roxo Anchieta standing out. Therefore, these two varieties can be used in breeding programs to increase the resistance of new populations to gray leaf spot.

Keywords: *Zea mays* L.; *Cercospora zea-maydis*; *Cercospora zeina*; heritability; quantitative resistance.

2.1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é a espécie que apresenta o maior potencial de rendimento dentre todos os cereais (VAN GIOI *et al.*, 2017; KUMAR *et al.*, 2022), mas que, de modo geral, não é alcançado em razão dos diversos estresses bióticos e abióticos que a cultura enfrenta durante seu ciclo (SSERUMAGA *et al.*, 2018; WEBBER *et al.*, 2018; KUMAR *et al.*, 2022). Entre os desafios bióticos, os fitopatógenos ocasionam considerável redução de rendimento em diversas espécies vegetais de grande importância social e econômica, essenciais à segurança alimentar, como o milho (LANA *et al.*, 2017; BEKEKO *et al.*, 2018; LANGNER *et al.*, 2019; SAVARY *et al.*, 2019; WANG; HU, 2021; GAYATHRI DEVI *et al.*, 2022). Historicamente, epidemias na agricultura já foram relatadas e causaram, majoritariamente, perdas econômicas. Algumas culminaram em fome, e provocaram consequências trágicas e marcantes para a humanidade (DUAN *et al.*, 2020; WANI *et al.*, 2022).

No Brasil, a cercosporiose (*Cercospora zae-maydis* e *Cercospora zeina*), a mancha branca (*Pantoea ananatis*) e a helmintosporiose (*Exserohilum turcicum*) são as doenças mais importantes do milho (VIEIRA *et al.*, 2009; KISTNER *et al.*, 2021). A cercosporiose, ou mancha cinzenta da folha como é mundialmente conhecida, apresenta os primeiros sintomas nas folhas inferiores da planta, e posteriormente evolui para as folhas superiores. No início as lesões, que possuem formato retangular e que são delimitadas pela nervura, são de cor bronzeada clara e progridem para uma coloração acinzentada (LATTEREL; ROSSI, 1983; GAYATHRI DEVI *et al.*, 2022). Estas lesões reduzem a interceptação da radiação solar pelas folhas, comprometendo a síntese de fotoassimilados e o rendimento de grãos (MONTEMARANI *et al.*, 2018; SAITO *et al.*, 2018).

Entre 2016 a 2019 foram estimadas as perdas decorrentes das 14 doenças mais destrutivas nos Estados Unidos e no estado de Ontário no Canadá. Durante o período, exceto em 2019, a cercosporiose causou a maior perda de rendimento dentre todas as doenças analisadas (MUELLER *et al.*, 2020). No Brasil, foram estimadas perdas de rendimento decorrentes desta doença por volta de 19% (BRITO *et al.*, 2007) e, no estado de Santa Catarina, a cercosporiose é beneficiada pelas condições climáticas e pela monocultura, podendo ocasionar redução significativa de produtividade (WORDELL FILHO; STADNIK, 2009). Esta diminuição da produção de

grãos implica em menor produção de alimentos para humanos e animais e de combustíveis (MUELLER *et al.*, 2020). Logo, é importante a adoção de medidas que mitiguem a ação do patógeno para garantir a segurança alimentar (BEKEKO *et al.*, 2018; SAVARY *et al.*, 2019; DUAN *et al.*, 2020).

O controle e a prevenção de doenças podem ocorrer pelo emprego de defensivos agrícolas, adoção de técnicas de cultivo específicas e pelo uso de variedades resistentes. Esta última tem se destacado como uma medida econômica, efetiva e sustentável, características altamente requeridas nas cultivares (LYIMO; PRATT; MNYUKU, 2012; LI *et al.*, 2018; DUAN *et al.*, 2020; NYANAPAH *et al.*, 2020). Em contrapartida, o cultivo de um híbrido suscetível em extensas áreas pode facilitar a ocorrência de epidemias (MUELLER *et al.*, 2020). Portanto, o estudo e identificação de recursos genéticos vegetais com potencial de resistência são fundamentais (DUAN *et al.*, 2020).

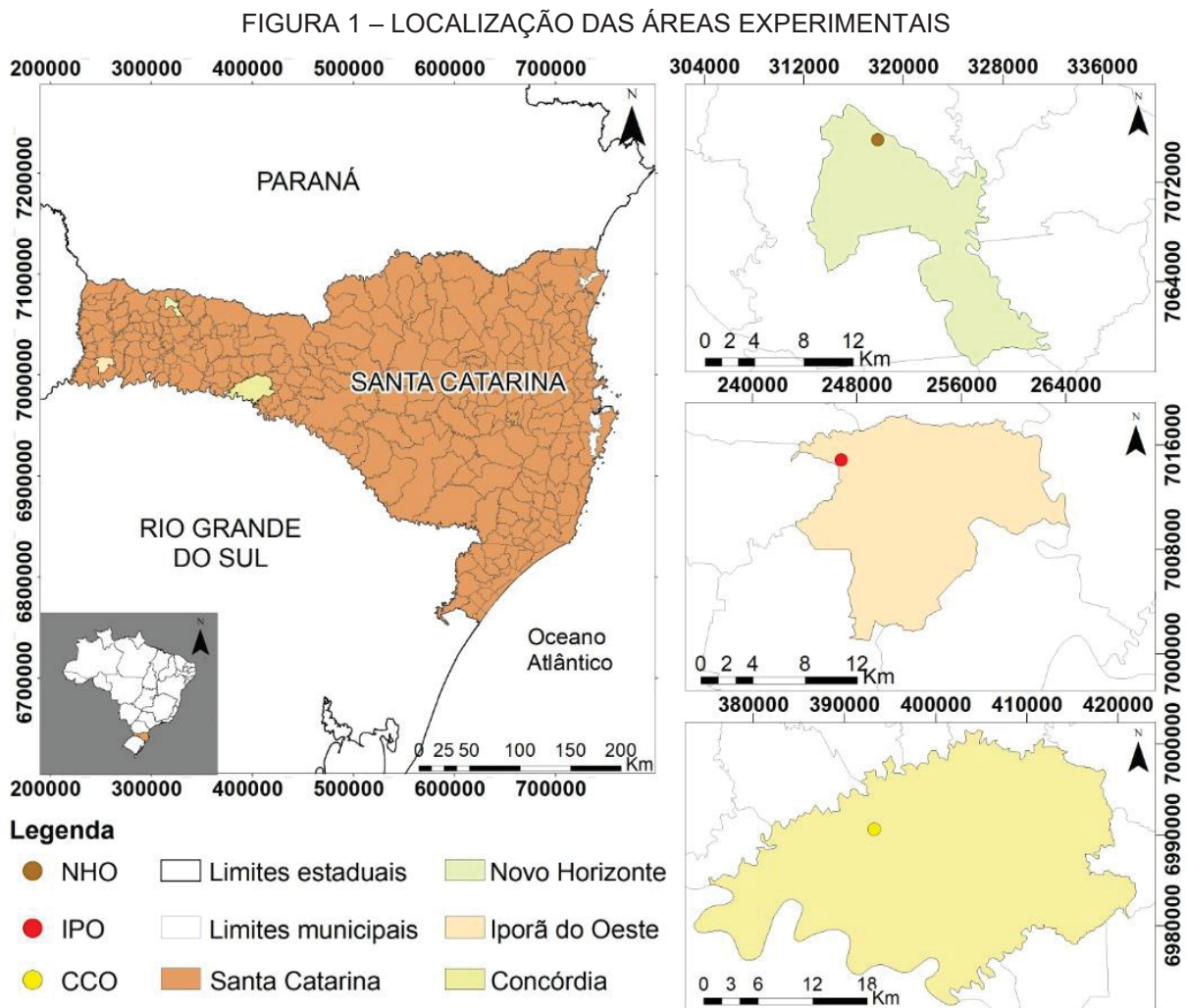
Fontes de resistência à fitopatógenos geralmente são encontradas em variedades crioulas de milho (JIANG *et al.*, 2020), as quais guardam elevada diversidade genética (WANI *et al.*, 2022). Nas Américas, há muito tempo o milho tem sido essencial às populações, o que fez com que variedades locais fossem constantemente melhoradas para diversas características (BEDOYA *et al.*, 2017), podendo ser identificados recursos genéticos com resistência a doenças em variedades locais. No estado de Santa Catarina, há um microcentro de diversidade de milho, onde inúmeras variedades são mantidas e cultivadas por pequenos agricultores (COSTA; SILVA; OGLIARI, 2016). Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar variedades locais de milho do oeste catarinense com resistência à cercosporiose por meio das estimativas de área abaixo da curva do progresso da doença.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

2.2.1 Implantação e condução dos ensaios

Nos anos agrícolas, 2017/18 e 2018/19, foram implantados três ensaios em três municípios do oeste catarinense (Figura 1). As áreas experimentais possuem histórico de cultivo anual de milho e da ocorrência de cercosporiose há muitos anos, sendo que as plantas apresentam sintomas de cercosporiose em todos os anos quando as condições climáticas são favoráveis à doença, havendo grandes

evidências da presença do inóculo do fitopatógeno. Portanto, os locais foram escolhidos estrategicamente em razão da infecção natural da doença durante o período experimental. As diferentes áreas experimentais foram nomeadas: IPO localiza-se no município de Iporã do Oeste; NHO em Novo Horizonte; e CCO em Concórdia, sendo que as duas primeiras foram cedidas por agricultores, e a última foi situada na área experimental do Instituto Federal Catarinense.



FONTE: EPAGRI; INPE. Elaborado por Daniele Patricia Mathias.

Conforme a classificação de Koeppen, a região de abrangência do estudo possui clima subtropical - Cfa, caracterizado por verões quentes com temperaturas acima de 22 °C e com precipitação mensal acima de 30 mm nos meses mais secos. O tipo de solo conforme caracterização biofísica de Santa Catarina (EPAGRI) e a altitude aproximada, respectivamente, das áreas experimentais são: Latossolo Vermelho e 550 m (IPO), Nitossolo Vermelho e 730 m (NHO) e, Nitossolo Vermelho e

620 m (CCO). A declividade da área dos três ensaios foi classificada de plana a suavemente ondulada. Os dados climatológicos do período de monitoramento para averiguação da presença de sintomas e de avaliação de severidade da doença encontram-se na Tabela 1. A estação meteorológica de São Miguel do Oeste é próxima ao município de Iporã do Oeste (aproximadamente 28 km de distância em linha reta) e a de Clevelândia situa-se a 46 km em linha reta de Novo Horizonte.

TABELA 1 - DADOS CLIMATOLÓGICOS DOS TRÊS LOCAIS NAS SAFRAS 2017/18 E 2018/19.

| Variável | Safrá 2017/18 | | | | | | | | |
|------------------------|------------------------|------|------|---------------------|-------|-------|-------------|------|------|
| | Concórdia | | | São Miguel do Oeste | | | Clevelândia | | |
| | Nov. | Dez. | Jan. | Nov. | Dez. | Jan. | Nov. | Dez. | Jan. |
| Temperatura média (°C) | 23,4 | 27,1 | 25,9 | 22,0 | 25,5 | 25,1 | 18,6 | 21,2 | 20,3 |
| Umidade relativa (%) | 67,6 | 65,5 | 76,0 | 68,95 | 73,01 | 81,96 | 64,7 | 68,1 | 75,5 |
| Variável | Safrá 2018/19 | | | | | | | | |
| | Nov. | Dez. | Jan. | Nov. | Dez. | Jan. | Nov. | Dez. | Jan. |
| | Temperatura média (°C) | 24,8 | 26,2 | 27,8 | 22,6 | 24,5 | 27,5 | 20,1 | 21,7 |
| Umidade relativa (%) | 70,1 | 76,0 | 76,3 | 69,1 | 67,0 | 75,3 | 73,9 | 67,9 | 78,1 |

FONTE: AGRITEMPO; EMBRAPA; INMET.

Todos as sementeiras foram realizadas em meados de setembro e outubro, de forma manual. Para a adubação e calagem, foi realizada a análise de solo e a partir dos resultados procedeu-se com a recomendação seguindo o manual de calagem e adubação para os estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina (SBCS, 2016).

O delineamento utilizado foi o de blocos completos casualizados, com três repetições e em todos os experimentos foi implantado uma linha de milho na borda do experimento. As parcelas foram constituídas por quatro linhas de cinco metros de comprimento, com espaçamento de 80 cm entre linhas. A densidade populacional utilizada foi de 50.000 plantas por hectare após o desbaste (BALBINOT *et al.*, 2007). Foi considerada como área útil àquela ocupada pelas duas linhas centrais da parcela, excluindo-se 50 centímetros de cada extremidade.

2.2.2 Material vegetal

Os tratamentos consistiram em 15 variedades de milho de polinização aberta, 13 variedades locais e outras duas comerciais (Colorado e Fortuna). Oito, das 15 variedades, estiveram presentes nas duas safras agrícolas. No total, 11 variedades foram analisadas no ano agrícola 2017/18 e 12 em 2018/19 (Quadro 1). A

indisponibilidade de sementes de alguns acessos impossibilitou a presença de todas as variedades nas duas safras agrícolas.

QUADRO 1 – VARIEDADES DE POLINIZAÇÃO ABERTA ANALISADAS NOS ENSAIOS NAS SAFRAS 2017/18 E 2018/19.

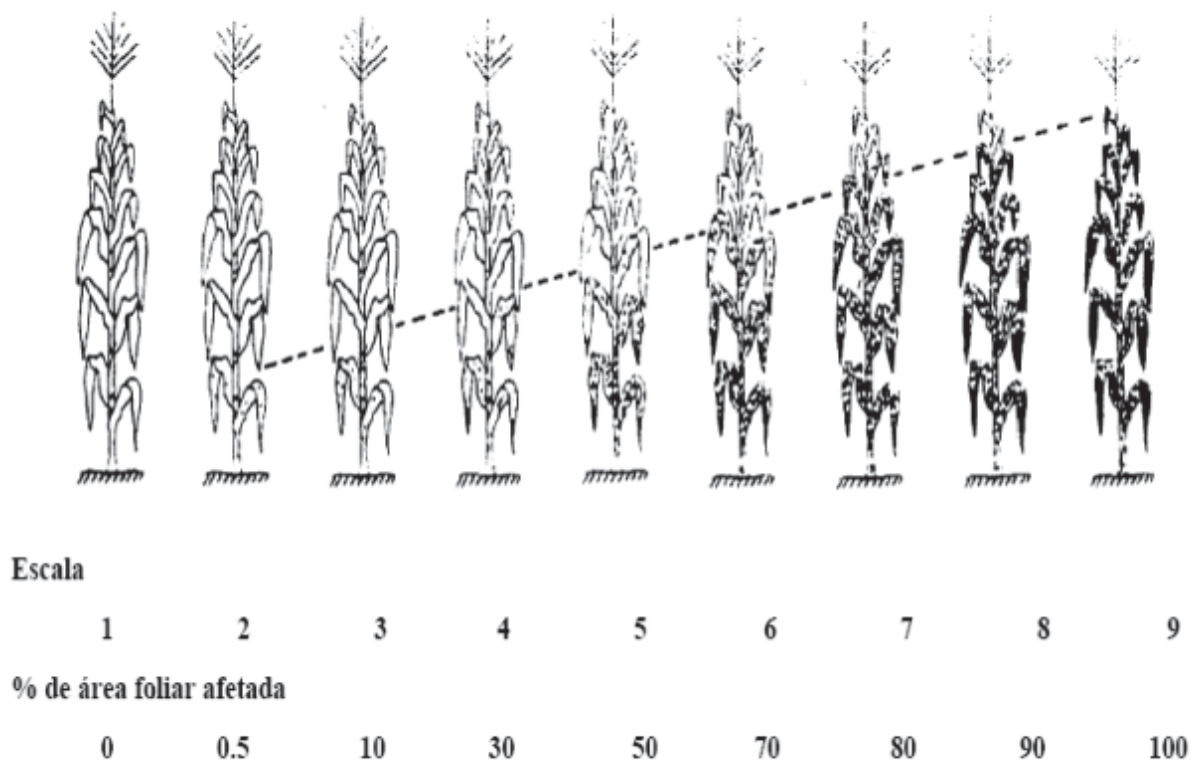
| Variedade | Safra 2017/18 | Safra 2018/19 |
|------------------|----------------------|----------------------|
| Pixurum 5 | X | X |
| MPA 1 | X | X |
| Roxo Anchieta | X | X |
| Amarelo Rajado | X | X |
| Amarelão | X | X |
| Milho Branco | X | X |
| Colorado | X | X |
| Fortuna | X | X |
| Maia | | X |
| Rajado Rosa | | X |
| Lindoia | | X |
| Pinhaozinho | | X |
| Neves | X | |
| Roxo Pedro | X | |
| Rajado colorido | X | |

As sementes das variedades utilizadas na condução do experimento foram obtidas em instituições parceiras junto à COOPERAL (Cooperativa dos Agricultores Familiares de Novo Horizonte) e à ASSO (Associação dos Pequenos Agricultores Plantadores de Milho Crioulo Orgânico e Derivados). As variedades de polinização aberta comerciais foram disponibilizadas pela EPAGRI (Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina), unidade de Chapecó.

2.2.3 Avaliação das variedades quanto à resistência à cercosporiose

A severidade da cercosporiose foi avaliada com base na porcentagem de área foliar lesionada em todas as plantas da parcela útil, mediante o uso da escala diagramática do Guia Agrocere de Sanidade, que possui notas que variam de 1 a 9 (Figura 2) (AGROCERES, 1996). Foram realizadas seis avaliações de severidade, com intervalos que variaram de cinco a 12 dias. As avaliações iniciaram a partir da manifestação inicial dos sintomas da doença.

FIGURA 2 – ESCALA DIAGRAMÁTICA PARA AVALIAÇÃO DE SEVERIDADE DE DOENÇAS FOLIARES DO MILHO



FONTE: Agroceres (1996).

Através das notas de severidade foram obtidas as áreas abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), pela fórmula (CAMPBELL; MADDEN, 1990):

$$AACPD = i \sum_{n-1} [(x_i + x_{i+1}) \div 2 (t_{i+1} - t_i)]$$

Onde:

n: é o número de avaliações;

x: é a severidade da doença;

($t_{i+1} - t_i$): é o intervalo de tempo entre duas avaliações consecutivas.

Os dados de AACPD foram submetidos a análise de modelos mistos REML/BLUP no software SELEGEN. O modelo estatístico foi o de delineamento em blocos completos para avaliação em um só local e uma só colheita (RESENDE, 2016):

$$y = Xr + Zg + e$$

Em que:

y: é o vetor de dados;

r: é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

g: é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

e: é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios);

As letras maiúsculas (X e Z) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A classificação quanto ao grau de resistência à cercosporiose das variedades ocorreu através dos valores genotípicos das AACPDs, em que os menores valores representaram genótipos mais resistentes.

2.3 RESULTADOS

Observou-se a ocorrência da cercosporiose em ambos os anos agrícolas. Na safra 2017/18 a severidade da doença variou entre as variedades e locais de 1,6% a 71,5% e na safra 2018/19 variou entre 0% a 23,3%. Em contraste com a safra 2017/18, durante a safra 2018/19, houve um atraso significativo na manifestação dos sintomas, com um acréscimo de duas a quase quatro semanas a partir da data de semeadura, mas em todos os locais e anos estes apareceram no estágio reprodutivo. Iporã do Oeste (IPO) foi o ambiente de maior severidade de cercosporiose em 2017/18 e Novo Horizonte (NHO) manifestou a maior severidade em 2018/19. Concórdia (CCO) foi o local de menor visualização de sintomas nos dois anos agrícolas (Figura 3).

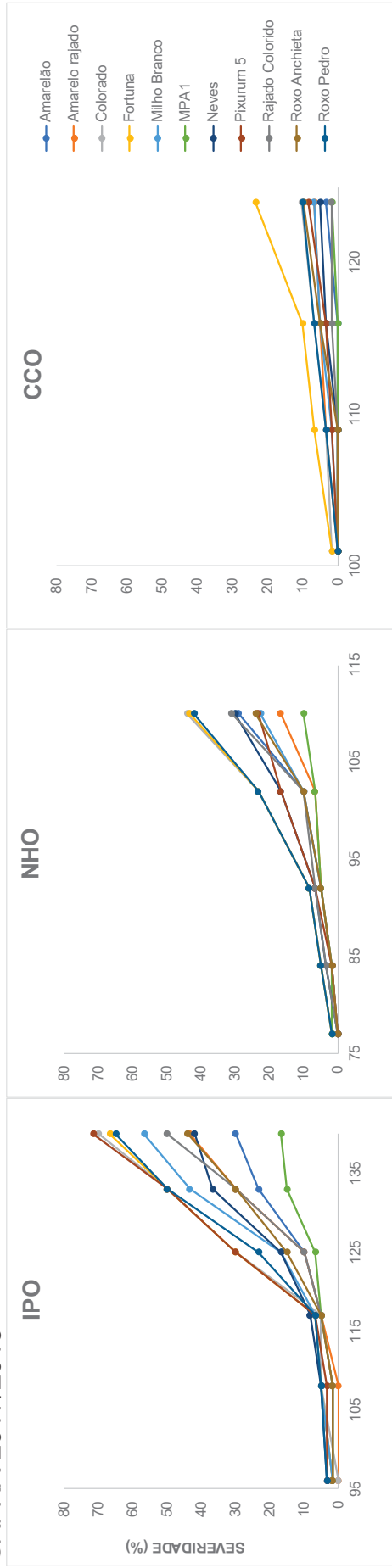
Todas as variedades analisadas apresentaram sintomas de cercosporiose. Na safra 2017/18, a variedade MPA1 apresentou as menores severidades e áreas abaixo da curva do progresso da doença (AACPD) nos três municípios (Figura 3). As menores AACPDs estão associadas a uma evolução lenta dos sintomas e, em suma, as variedades de menor AACPD coincidiram com as variedades que exibiram as menores severidades obtidas na última avaliação.

As variedades Pixurum 5 e Colorado apresentaram cerca de 70% de sua área foliar comprometida pelos sintomas em IPO, experimento com a maior pressão da doença. Já no ensaio conduzido em NHO, Colorado, Fortuna e Roxo Pedro demonstraram as maiores severidades da doença, acima de 40%. Em CCO, Fortuna foi a variedade com maior manifestação da doença, atingindo mais que o dobro da severidade em relação ao segundo genótipo (Colorado, Tabela 3) com maior expressão de sintomas. Ao considerar os três locais, observou-se-se que Colorado, Fortuna e Roxo Pedro mantiveram-se entre os fenótipos de maior suscetibilidade, em que os dois primeiros são as variedades comerciais de polinização aberta.

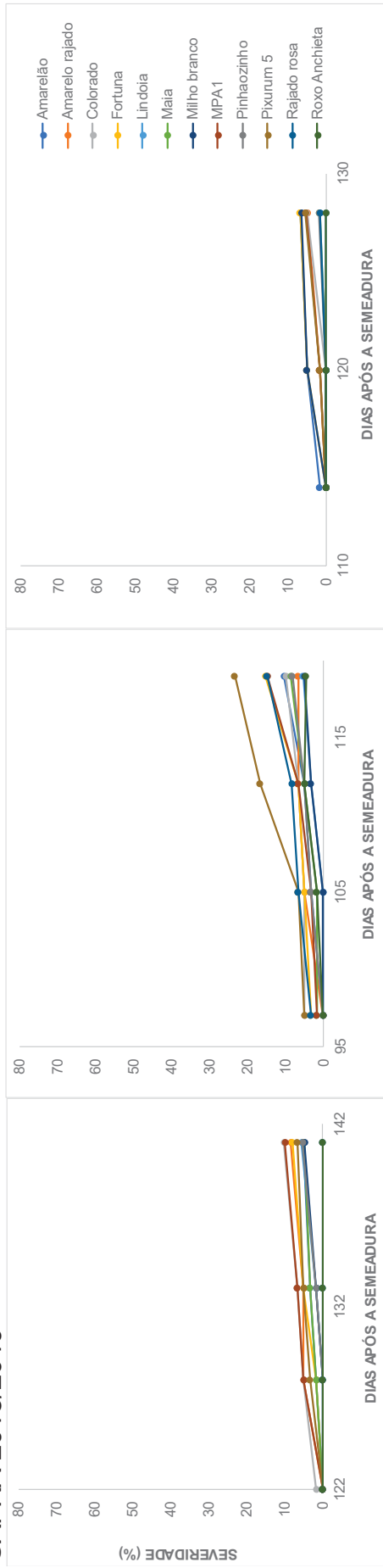
Na safra 2018/19, que teve baixa ocorrência de cercosporiose, visualizou-se pequena diferença entre as variedades quanto a severidade da doença (Figura 3). NHO apresentou as maiores severidades nesta safra (4,6% a 23,3%), enquanto IPO teve severidade máxima de 10,1% e CCO de 6,8%. As baixas severidades nesta safra dificultaram a distinção das variedades, conforme visualizado nas Figura 3.

FIGURA 3 – CURVAS DE PROGRESSO DA CERCOSPORIOSE (PORCENTAGEM DA ÁREA FOLIAR AFETADA PELOS SINTOMAS AO LONGO DO TEMPO) DURANTE AS SAFRAS 2017/18 E 2018/19 NAS LOCALIDADES DE IPORÁ DO OESTE (IPO), NOVO HORIZONTE (NHO) E CONCÓRDIA (CCO)

SAFRA 2017/2018



SAFRA 2018/2019



As maiores variações fenotípicas encontradas para AACPD entre as variedades foram nos ambientes IPO e NHO no ano agrícola 2017/18. O ambiente de CCO, em ambas as safras, e IPO e NHO em 2018/19 demonstraram variação fenotípica de magnitude muito baixa. Para todos os ambientes, as variações genotípicas representaram a maior parte da variação total observada, resultando em altas herdabilidades (COELHO *et al.*, 2022), exceto para NHO safra 2018/19, que apresentou elevada variância ambiental e herdabilidade de magnitude moderada. As acurácias foram todas elevadas (RESENDE; DUARTE, 2007), variando de 0,774 a 0,957 (Tabela 2).

TABELA 2 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS ESTIMADOS A PARTIR DAS AACPDS DAS VARIEDADES VIA REML/BLUP PARA TRÊS MUNICÍPIOS EM DOIS ANOS AGRÍCOLAS

| Parâmetros | Safrá 2017/18 | | | Safrá 2018/19 | | |
|-------------------|---------------|--------|--------|---------------|--------|--------|
| | CCO | IPO | NHO | CCO | IPO | NHO |
| Vg | 0,378 | 4,255 | 1,284 | 0,060 | 0,148 | 0,283 |
| Ve | 0,090 | 4,242 | 1,070 | 0,020 | 0,041 | 0,571 |
| Vf | 0,468 | 8,496 | 2,353 | 0,080 | 0,189 | 0,854 |
| h ² mv | 0,926 | 0,750 | 0,783 | 0,902 | 0,915 | 0,599 |
| Acurácia | 0,962 | 0,866 | 0,885 | 0,950 | 0,957 | 0,774 |
| CV % | 37,993 | 29,529 | 31,657 | 50,746 | 36,227 | 62,763 |
| Média | 0,791 | 6,975 | 3,267 | 0,276 | 0,560 | 1,203 |

Vg = variância genotípica; Ve = variância ambiental; Vf = variância fenotípica; h²mv = herdabilidade média de variedades; CV % = coeficiente variação experimental; CCO = Concórdia; IPO = Iporã do Oeste; NHO = Novo Horizonte.

A partir dos valores genotípicos de AACPD para cada uma das variedades em cada um dos seis ambientes (Tabela 3) percebeu-se que ocorreu alteração no ordenamento das variedades conforme o ambiente analisado. Esta alteração foi mais abrupta quando se comparou o ordenamento das variedades entre os dois anos. Na safra 2017/18 as variedades MPA1, Amarelão e Roxo Anchieta apresentaram média genotípica de AACPD menor em relação a média do local nos três ensaios, enquanto que na safra 2018/19 as variedades Roxo Anchieta, Lindoia, Maia e Pinhaozinho se destacaram quando considerado todos os locais. No entanto, conforme também demonstrado através dos componentes de variância, houve pequena diferenciação das variedades quanto à AACPD na segunda safra analisada.

TABELA 3 - MÉDIAS GENOTÍPICAS DE AACPD DAS VARIEDADES COM AS RESPECTIVAS POSIÇÕES, ENTRE PARÊNTESES, NOS SEIS AMBIENTES

| Variedade | Safr 2017/18 | | | Safr 2018/19 | | |
|-----------------|----------------------|---------------------|----------------------|---------------------|----------------------|---------------------|
| | IPO | NHO | CCO | IPO | NHO | CCO |
| MPA1 | 3,95 ⁽¹⁾ | 2,04 ⁽¹⁾ | 0,12 ⁽¹⁾ | 0,55 ⁽⁴⁾ | 1,30 ⁽⁷⁾ | 0,31 ⁽⁴⁾ |
| Amarelão | 5,23 ⁽²⁾ | 2,80 ⁽⁴⁾ | 0,18 ⁽²⁾ | 0,51 ⁽³⁾ | 1,05 ⁽⁵⁾ | 0,69 ⁽⁶⁾ |
| Amarelo rajado | 5,49 ⁽³⁾ | 2,15 ⁽²⁾ | 0,88 ⁽⁸⁾ | 0,90 ⁽⁷⁾ | 1,13 ⁽⁶⁾ | 0,31 ⁽⁴⁾ |
| Rajado Colorido | 5,87 ⁽⁴⁾ | 3,02 ⁽⁵⁾ | 0,24 ⁽³⁾ | | | |
| Roxo Anchieta | 5,99 ⁽⁵⁾ | 2,60 ⁽³⁾ | 0,78 ⁽⁷⁾ | 0,05 ⁽¹⁾ | 0,87 ⁽²⁾ | 0,03 ⁽¹⁾ |
| Neves | 7,02 ⁽⁶⁾ | 3,49 ⁽⁷⁾ | 0,48 ⁽⁴⁾ | | | |
| Milho branco | 7,56 ⁽⁷⁾ | 2,60 ⁽³⁾ | 0,77 ⁽⁶⁾ | 0,33 ⁽²⁾ | 0,73 ⁽¹⁾ | 0,58 ⁽⁵⁾ |
| Roxo Pedro | 8,68 ⁽⁸⁾ | 4,69 ⁽⁸⁾ | 1,12 ⁽⁹⁾ | | | |
| Colorado | 8,91 ⁽⁹⁾ | 4,69 ⁽⁸⁾ | 1,23 ⁽¹⁰⁾ | 1,16 ⁽⁸⁾ | 1,41 ⁽⁸⁾ | 0,21 ⁽³⁾ |
| Fortuna | 9,00 ⁽¹⁰⁾ | 4,69 ⁽⁸⁾ | 2,19 ⁽¹¹⁾ | 0,73 ⁽⁵⁾ | 1,44 ⁽⁹⁾ | 0,58 ⁽⁵⁾ |
| Pixurum 5 | 9,03 ⁽¹¹⁾ | 3,18 ⁽⁶⁾ | 0,71 ⁽⁵⁾ | 0,76 ⁽⁶⁾ | 2,18 ⁽¹¹⁾ | 0,31 ⁽⁴⁾ |
| Lindoia | | | | 0,33 ⁽²⁾ | 0,73 ⁽¹⁾ | 0,03 ⁽¹⁾ |
| Maia | | | | 0,51 ⁽³⁾ | 1,01 ⁽³⁾ | 0,09 ⁽²⁾ |
| Pinhaozinho | | | | 0,33 ⁽²⁾ | 1,02 ⁽⁴⁾ | 0,09 ⁽²⁾ |
| Rajado rosa | | | | 0,05 ⁽¹⁾ | 1,59 ⁽¹⁰⁾ | 0,09 ⁽²⁾ |
| Média | 6,98 | 3,27 | 0,79 | 0,52 | 1,21 | 0,28 |

IPO = Iporã do Oeste; NHO = Novo Horizonte; CCO = Concórdia. A posição de cada variedade em cada ambiente, da menor ⁽¹⁾ AACPD para a maior ⁽¹¹⁾, encontra-se entre parênteses e sobrescrito.

2.4 DISCUSSÃO

Em todos os experimentos, a cercosporiose surgiu de forma natural, o que indica que ocorreram condições para a manifestação da mesma, ou seja, ambiente favorável, hospedeiro suscetível e patógeno virulento (BEDENDO, 1995; AGRIOS, 2005). No entanto, a severidade foi muito inferior para os três locais na safra 2018/19. Neste ano agrícola, os primeiros sintomas apareceram com uma diferença de até 27 dias em relação à 2017/18, limitando o período de desenvolvimento da doença em virtude da proximidade com a fase de senescência das plantas. Este atraso no surgimento da fitopatologia designa que pelo menos uma das condições necessárias não esteve presente de forma totalmente favorável. Ao analisar o triângulo da doença e considerar que na safra 2017/18 algumas variedades apresentaram maior severidade da doença, representando o hospedeiro suscetível, e que os ambientes de estudo foram os mesmos contendo histórico da doença, o patógeno virulento, deduz-se que o ambiente nesta safra deve ter sido o responsável pela menor expressão da cercosporiose. As temperaturas no ano agrícola 2018/19 foram mais

elevadas em todos os municípios de avaliação, o que acelerou a evaporação da lâmina de orvalho sobre a bainha foliar do milho. Juntamente com elevada umidade relativa do ar e temperaturas moderadas, o molhamento foliar é uma condição ambiental ideal ao desenvolvimento da cercosporiose (BOOTHROYD, 1964; WARD *et al.*, 1999; PAUL; MUNKVOLK, 2005; SIBIYA *et al.*, 2012; BERGER *et al.*, 2020). A ocorrência desta doença está altamente associada a presença destas condições ambientais, o que favorece a alta variação da intensidade ano a ano e entre locais (VIVEK *et al.*, 2010; DUAN *et al.*, 2020).

A identificação de variedades resistentes em condições naturais de infecção com experimentos conduzidos em campo são um importante indicativo da resistência real dos genótipos (DUAN *et al.*, 2020). Quando os estudos desta natureza são desenvolvidos em ambientes com distribuição natural do inóculo, há também redução de custos na condução da pesquisa, já que não é preciso realizar a inoculação (KISTNER *et al.*, 2021). Na safra 2018/19 ocorreu baixa severidade da doença nos três locais estudados, contudo, todos são locais com histórico da doença, e, provavelmente, a inoculação neste ano agrícola acarretaria apenas em dispêndios de tempo e recursos, pois a baixa severidade ocorreu em virtude das condições ambientais não terem sido totalmente favoráveis ao patógeno.

A maior discrepância entre as severidades é observada entre anos, mas, os locais dentro de anos também se mostraram diferentes (Figura 3). As diferenças ambientais encontradas comprovam que os locais e os anos de condução dos experimentos foram heterogêneos (KIBE *et al.*, 2020). Considerando a média genotípica de AACPD dos dois anos agrícolas por localidade (Tabela 2), foi identificado que IPO demonstrou ser o local de maior pressão da doença (AACPD média de 3,77), NHO intermediária (AACPD média de 2,24) e CCO o de menor (AACPD média de 0,53). Ambientes com maior pressão da doença discriminam melhor os tratamentos e fornecem mais informações quanto aos genótipos estudados para a resistência (VIEIRA *et al.*, 2011; SIBIYA *et al.*, 2012).

Em todos os ensaios, os primeiros sintomas surgiram a partir do estágio VT (pendoamento), o que comumente ocorre com todas as doenças foliares do milho (WANG *et al.*, 2014). Logo, as avaliações deste trabalho foram conduzidas durante o estágio reprodutivo do milho. Melhores predições de AACPD foram relatadas quando as avaliações foram realizadas nos estádios mais avançados da cultura (NYANAPAH

et al., 2020) e maiores severidades são detectadas neste momento (ALMEIDA *et al.*, 2019).

Nenhuma das variedades pode ser classificada como altamente resistente, ou seja, com resistência completa ou qualitativa expressa pela ausência de sintomas, e nem como altamente suscetível, que são aqueles genótipos com severidade média acima de 80% (KAMWERU *et al.*, 2023). Portanto, as variedades de desempenho superior podem ser detentoras de resistência parcial, a qual é caracterizada pela presença de sintomas (VILAS BOAS *et al.*, 2016), mas com um progresso lento (SAITO *et al.*, 2018). A resistência parcial é quantitativa, governada por múltiplos genes de pequeno efeito (LYIMO *et al.*, 2011; NIKS; QI; MARCEL, 2015; KIBE *et al.*, 2020; KUMAR *et al.*, 2022), e é apreciada por oferecer resistência a diversas raças patogênicas e tornar difícil a quebra da resistência pelo patógeno (POLAND *et al.*, 2009; JOSHI *et al.*, 2021). Por ser mais durável e não específica a uma única raça, como é o caso da resistência qualitativa, a resistência quantitativa é priorizada pelos programas de melhoramento genético de culturas (KUMAR *et al.*, 2022).

A resistência parcial foi expressa pela baixa AACPD (NYANAPAH *et al.*, 2020), especialmente quando foram considerados ambientes com maior pressão do patógeno. Dentre os diversos métodos de quantificação de resistência, a estimativa de AACPD é uma das mais eficientes e úteis devido ser mais improvável uma classificação errônea dos genótipos como suscetível ou resistente (BRITO *et al.*, 2011; NYANAPAH *et al.*, 2020, 2022). Via de regra, as variedades com menores médias de AACPD também foram aquelas com menor severidade, o que coincide com outros trabalhos (BEKEKO *et al.*, 2018).

Apesar da resistência abordada ser de origem quantitativa, altamente influenciada pelo ambiente, as herdabilidades das estimativas de AACPD foram altas nos ambientes de estudo. Isso evidencia que a seleção de variedades dentro dos ambientes pode ser eficiente (VILAS BOAS *et al.*, 2016; AWATA *et al.*, 2021), em decorrência de grande parte do fenótipo ser transmitido aos descendentes (LYIMO *et al.*, 2011). As altas acurácias observadas também favorecem a seleção (RESENDE; DUARTE, 2007), caso esta fosse realizada.

Mesmo com grande proporção da variação fenotípica sendo explicada pela variação genotípica, os ambientes CCO nas duas safras agrícolas, IPO e NHO em 2018/19 dispuseram de baixa variação entre as variedades, associada a baixa

pressão da doença. A baixa variabilidade tornou difícil a distinção dos genótipos nestes ambientes (VIEIRA *et al.*, 2011; SIBIYA *et al.*, 2012).

A diferença no ordenamento dos genótipos entre os seis ambientes comprovou a necessidade de realizar os ensaios em vários locais e de analisá-los separadamente para haver a adequada classificação dos genótipos (LI *et al.*, 2018; AWATA *et al.*, 2021), pois ambientes com características divergentes podem favorecer ou desfavorecer a expressão de determinadas características (AMELEWORK *et al.*, 2022). A presença da alteração no ordenamento comprova a heterogeneidade dos ambientes utilizados e, por vezes, reafirma a existência de diversidade genética entre variedades testadas (JIANG *et al.*, 2020). Em se tratando de resistência parcial, respostas diferentes dos genótipos em diversos ambientes são esperadas (VILAS BOAS *et al.*, 2016).

Para a cercosporiose do milho, a classificação de genótipos quanto a resistência pode sofrer alteração entre locais não apenas pelas diferenças ambientais de clima, que podem propiciar ou não o aumento da severidade da doença em materiais específicos, mas também pela variabilidade dos patógenos. A cercosporiose possui mais de um agente causal, a *Cercospora zeina* e a *Cercospora zea-maydis*, consequentemente, variedades resistentes a *C. zeina* podem ser suscetíveis a *C. zea-maydis* e vice-versa (MULLER *et al.*, 2016; PEREIRA *et al.*, 2017). No sul do Brasil prevalece a espécie *Cercospora zeina* (NEVES *et al.*, 2015), portanto, é provável que as variedades com menor AACPD possuam mecanismos de defesa eficientes para esta espécie (MULLER *et al.*, 2016) por serem tradicionalmente cultivadas no oeste catarinense há muito tempo, o que faz com que elas sejam, dessa forma, adaptadas às condições existentes nesta região (GAIKPA *et al.*, 2021).

Nos ambientes de maior pressão da doença, IPO e NHO na safra 2017/18, as variedades MPA1, Roxo Anchieta e Amarelão se mantiveram entre os genótipos de menor AACPD, logo, de maior resistência. MPA1 foi a variedade de destaque na primeira safra agrícola, com a menor AACPD nos três locais dentre todas as variedades. Sob baixa pressão de cercosporiose, em CCO duas safras e IPO e NHO ano agrícola 2018/19, Roxo Anchieta, Lindoia, Maia e Pinhaozinho apresentaram os melhores desempenhos expressos pela baixa AACPD. As variedades Lindoia, Maia e Pinhaozinho foram analisadas apenas em 2018/19, em condições de baixa severidade. Por terem apresentado bom desempenho nestes ambientes, futuros

estudos conduzidos em altas pressões da doença são necessários para uma melhor caracterização destes genótipos.

Roxo Anchieta esteve entre as variedades de maior resistência nos seis ambientes, em condições de menor e maior pressão de doença. Esta variedade pode então ser indicada ao cultivo nos diversos ambientes do oeste de Santa Catarina, inclusive em locais onde não há informações sobre a pressão da cercosporiose. Em contrapartida, em ambientes com histórico de elevadas severidades, MPA1 provavelmente se mostrará mais resistente. Este genótipo não esteve entre os de menores AACPDs no ano de baixa ocorrência de cercosporiose, porém, no referido ano agrícola, os tratamentos pouco se diferenciaram, além do que algumas variedades podem ter despendido menos energia com mecanismos de defesa devido a baixa pressão da doença.

A cercosporiose está negativamente correlacionada com o rendimento de grãos (SIBIYA *et al.*, 2012; KIBE *et al.*, 2020; AWATA *et al.*, 2021; KAMWERU *et al.*, 2023), por isso o uso de medidas de controle é de suma importância econômica. O uso de fungicidas costuma surtir o efeito necessário e proporcionar retornos financeiros quando as aplicações são realizadas a partir do estágio VT (pendoamento) (MALLOWA *et al.*, 2015; WISE *et al.*, 2019; TELENKO; RAVELLETTE; WISE, 2020). Neste momento, as aplicações de defensivos agrícolas costumam ser realizadas de forma aérea, mas o acesso de produtores a tais ferramentas de aplicação ainda é restrito e representa elevado custo (WISE *et al.*, 2019; TELENKO; RAVELLETTE; WISE, 2020). Ademais, diversos fungicidas disponíveis no mercado possuem risco de seleção por patógenos resistentes (NEVES; BRADLEY, 2019) e em plantios orgânicos a aplicação de agroquímicos não é cogitada (SHELTON; TRACY, 2015). A capacidade do genótipo suportar os estresses bióticos enfrentados durante seu cultivo está atrelada a alta produtividade desejada (YANG *et al.*, 2021), sendo que em plantios de materiais resistentes, a aplicação de fungicidas pode não melhorar a produtividade (BRITO *et al.*, 2007). Por tudo isso, genótipos com resistência às diversas doenças têm sido almejados pelos agricultores e destacam-se como uma medida sustentável de controle (MACHIDA *et al.*, 2014; DUAN *et al.*, 2020).

Em propriedades pequenas, de baixo poder aquisitivo, é importante priorizar métodos econômicos de controle da doença, considerando o elevado preço de fungicidas. Com isso, para obter bons rendimentos em locais em que há o histórico de ocorrência da doença, boas práticas culturais associadas com o cultivo de

variedades de polinização aberta com maior grau de resistência devem ser preconizados (LYIMO; PRATT; MNYUKU, 2012; mu; MULLER *et al.*, 2016). Embora exista no mercado diversos híbridos com resistência ou tolerância a muitas das fitopatologias, a detecção de novas fontes de resistência é de suma importância à vista de novas raças dos patógenos, mudanças na forma de cultivo e das mudanças climáticas (WANG *et al.*, 2014). Este trabalho buscou identificar variedades locais com resistência a cercosporiose que possam ser utilizadas em programas de melhoramento genético, com intuito de criar cultivares ou variedades mais resistentes, bem como identificar variedades mais resistentes para o cultivo pelos agricultores do oeste de Santa Catarina em locais de histórico de ocorrência da doença.

2.5 CONCLUSÕES

As variedades apresentaram respostas distintas quanto à resistência quantitativa a cercosporiose, existindo variação de resposta entre os ambientes. A variedade MPA1 apresentou maior resistência em ambientes de elevada pressão fitopatológica, portanto, o seu cultivo é indicado nestes ambientes. Por outro lado, a variedade Roxo Anchieta apresentou bons resultados de resistência à doença em todos os ambientes. Portanto, essas duas variedades podem ser utilizadas em programas de melhoramento para aumentar a resistência das novas populações para a cercosporiose.

2.6 REFERÊNCIAS

AGRIOS, G. N. **Plant pathology**. 5th ed. New York, US: Elsevier Academic Press, 2005.

AGRITEMPO. **Dados meteorológicos**. 2019. Disponível em: <<https://www.agritempo.gov.br/agritempo/jsp/PesquisaClima/index.jsp?siglaUF=SC>>. Acesso em: 28 jun. 2019.

AGROCERES. Guia Agrocere de Sanidade. São Paulo: Sementes Agrocere. 1996. 72p.

ALMEIDA, K. S. *et al.* Temporal progression of foliar plant diseases in corn hybrids. **Australian Journal of Crop Science**, v. 13, n.11, p. 1731-1739, 20 nov. 2019.

- AMELEWORK, A. B. *et al.* On-Farm Multi-Environment Evaluation of Selected Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) Cultivars in South Africa. **Plants**, v. 11, n. 23, 1 dez. 2022
- AWATA, L. A. O. *et al.* Adaptation of Hybrid Maize to Greenbelt and Ironstone Plateau Agro-Ecologies of South Sudan. **Plant Breeding and Biotechnology**, v. 9, n. 2, p. 124-138, 1 jun. 2021.
- BALBINOT JUNIOR, A. A. *et al.* Densidade de Plantas em variedades de polinização aberta de milho. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v.6, p.114-124, 2007.
- BEDENDO, I. P. Ambiente e doença. In: BERGAMIN FILHO, A.; KIMATI, H.; AMORIM, L. **Manual de fitopatologia: princípios e conceitos**. v. 1. São Paulo: Editora Agronômica Ceres Ltda, 1995
- BEDOYA, C. A. *et al.* Genetic diversity and population structure of native maize populations in Latin America and the Caribbean. **PLoS ONE**, v. 12, n. 4, 1 abr. 2017.
- BEKEKO, Z. *et al.* Combining ability and nature of gene action in maize (*Zea mays* L) inbred lines for resistance to gray leaf spot disease (*Cercospora zeae maydis*) in Ethiopia. **Crop Protection**, v. 112, p. 39–48, 1 out. 2018.
- BERGER, D. K. *et al.* Benefits of maize resistance breeding and chemical control against northern leaf blight in smallholder farms in South Africa. **South African Journal of Science**, v. 116, n. 11–12, 26 nov. 2020.
- BOOTHROYD, C. W. Effect of elevation, rainfall and temperature upon the incidence of corn diseases in Costa Rica. **Phytopathology**, p.54-127, 1964.
- BRITO, A. H. *et al.* Efeito da cercosporiose no rendimento de híbridos comerciais de milho. **Fitopatologia Brasileira**, v 32, n.6, p. 472-479, dez. 2007.
- BRITO, A. H. *et al.* Reação de híbridos de milho e comparação de métodos para avaliação da Cercosporiose e Mancha Branca. **Tropical Plant Pathology**, v. 36, n. 1, p. 35-41, fev. 2011.
- CAMPBELL, C. L.; MADDEN, L. V. **Introduction to plant disease epidemiology**. New York: John Willey & Sons, 1990. 532p.
- COELHO, I. F. *et al.* Genetic variability analyses considering multi-environment trials in maize breeding. **Euphytica**, v. 218, n. 2, 2022.
- COSTA, F. M.; SILVA, N. C. A.; OGLIARI, J. B. Maize diversity in southern Brazil: indication of a microcenter of *Zea mays* L. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, n. 4, p. 681-700, 23 mar. 2016.
- DUAN, C. X. *et al.* A large-scale screening of maize germplasm for resistance to multiple diseases in multi-plot demonstration for several years under natural

condition. **Acta Agronomica Sinica (China)**, v. 46, n. 8, p. 1135–1145, 12 ago. 2020.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Suínos e Aves. **Dados Agrometeorológicos**. 2019. Disponível em: <<http://www.cnpsa.embrapa.br/meteor/>>. Acesso em: 29 jun. 2019.

Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI). **Caracterização biofísica de Santa Catarina**. Disponível em: <https://www.arcgis.com/apps/View/index.html?appid=f4857a4cb9c14d0db65c1ea8574e377f&extent=-62.6770,-33.0022,-41.5833,-23.9692>. Acesso em: 9 dez. 2022.

Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI). **Mapas Digitais de Santa Catarina**. Disponível em: <https://ciram.epagri.sc.gov.br/mapoteca/>. Acesso em: 2 dez. 2022.

GAIKPA, D. S. *et al.* Exploiting genetic diversity in two European maize landraces for improving Gibberella ear rot resistance using genomic tools. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 134, n. 3, p. 793–805, 1 mar. 2021.

GAYATHRI DEVI, K. *et al.* Accurate Prediction and Classification of Corn Leaf Disease Using Adaptive Moment Estimation Optimizer in Deep Learning Networks. **Journal of Electrical Engineering and Technology**, 1 jan. 2022.

INMET. **Consulta Dados da Estação Automática**: Novo Horizonte (SC). 2019. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/sonabra/pg_dspDadosCodigo_sim.php?QTgxNg==>> Acesso em: 28 jun. 2019.

INPE - Instituto Nacional de Pesquisas. **Divisão de Processamento de Imagens**. Disponível em: http://www.dpi.inpe.br/Ambdata/unidades_administrativas.php. Acesso em: 02 dez. 2022.

JIANG, F. *et al.* Impact of donor QTL on grain yield and gray leaf spot of four recombinant inbred lines of maize. **Crop Science**, v. 60, n. 2, p. 841–851, 1 mar. 2020.

JOSHI, A. *et al.* Responses of maize × teosinte derived backcross inbred lines (BILs) to maydis leaf blight (MLB) disease. **Euphytica**, v. 217, n. 12, 28 nov. 2021.

KAMWERU, I. *et al.* Genetic analyses of tropical maize lines under artificial infestation of fall armyworm and foliar diseases under optimum conditions. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, 20 jan. 2023.

KIBE, M. *et al.* Genetic Dissection of Resistance to Gray Leaf Spot by Combining Genome-Wide Association, Linkage Mapping, and Genomic Prediction in Tropical Maize Germplasm. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, 2 nov. 2020.

KISTNER, M. B. *et al.* Multi-parental QTL mapping of resistance to white spot of maize (*Zea mays*) in southern Brazil and relationship to QTLs of other foliar diseases. **Plant Breeding**, v. 140, n. 5, p. 801–811, 1 out. 2021.

KUMAR, B. *et al.* Maydis leaf blight of maize: update on status, sustainable management and genetic architecture of its resistance. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, v. 121, p. 101889, set. 2022.

LANA, M. A. *et al.* Yield stability and lower susceptibility to abiotic stresses of improved open-pollinated and hybrid maize cultivars. **Agronomy for Sustainable Development**, v. 37, n. 4, 1 ago. 2017.

LANGNER, J. A. *et al.* Maize: Key agricultural crop in food security and sovereignty in a future with water scarcity. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 23, n. 9, p. 648–654, 1 set. 2019.

LATTERELL, F.M. ROSSI, A. **Gray leaf spot of corn**: disease on the move. *Plant Disease*, v. 67, n. 8, p. 842-847, 1983.

LI, Z. W. *et al.* Combining ability analysis of RILs developed from a YML32 × Q11 cross for grain yield and resistance to gray leaf spot. **Crop Science**, v. 58, n. 3, p. 1070–1081, 1 maio 2018.

LYIMO, H. J. F. *et al.* Heritability and gene effect estimates for components of partial resistance to grey leaf spot of maize by generation mean analysis*. **Plant Breeding**, v. 130, n. 6, p. 633-639, 24 ago. 2011.

LYIMO, H. J. F.; PRATT, R. C.; MNYUKU, R. S. O. W. An effective integrated crop management strategy for enhanced maize production in tropical agroecosystems prone to gray leaf spot. **Crop Protection**, v. 41, p. 57–63, nov. 2012.

MACHIDA, L. *et al.* Exploration of farmers' preferences and perceptions of maize varieties: Implications on development and adoption of quality protein maize (QPM) varieties in Zimbabwe. **Journal of Sustainable Development**, v. 7, n. 2, p. 194–207, 2014.

MALLOWA, S. O. *et al.* Effect of maize hybrid and foliar fungicides on yield under low foliar disease severity conditions. **Phytopathology**, v. 105, n. 8, p. 1080–1089, 1 ago. 2015.

MONTEMARANI, A. *et al.* Influence of crop residues, matric potential and temperature on growth of *Exserohilum turcicum* an emerging maize pathogen in Argentina. **Letters in Applied Microbiology**, v. 67, n. 6, p. 614–619, 1 dez. 2018.

MUELLER, D. S. *et al.* Corn yield loss estimates due to diseases in the United States and Ontario, Canada, from 2016 to 2019. **Plant Health Progress**, v. 21, p. 238–247, 2020.

- MULLER, M. F. *et al.* *Cercospora zeina* from maize in South Africa exhibits high genetic diversity and lack of regional population differentiation. **Phytopathology**, v. 106, n. 10, p. 1194–1205, 1 out. 2016.
- NEVES, D. L. *et al.* *Cercospora zeina* is the main species causing gray leaf spot in southern and central Brazilian maize regions. **Tropical Plant Pathology**, v. 40, n. 6, p. 368–374, 1 dez. 2015.
- NEVES, D. L.; BRADLEY, C. A. Baseline sensitivity of *Cercospora zea*-*maydis* to pydiflumetofen, a new succinate dehydrogenase inhibitor fungicide. **Crop Protection**, v. 119, p. 177–179, 1 maio 2019.
- NIKS, R. E.; QI, X.; MARCEL, T. C. Quantitative Resistance to Biotrophic Filamentous Plant Pathogens: Concepts, Misconceptions, and Mechanisms. **Annual Review of Phytopathology**, v. 53, p.445-470, 2015.
- NYANAPAH, J. O. *et al.* Field characterization of partial resistance to gray leaf spot in elite maize germplasm. **Phytopathology**, v. 110, n. 10, p. 1668–1679, 1 out. 2020.
- NYANAPAH, J. O. *et al.* Genetic association of agronomic traits with partial resistance to gray leaf spot in elite maize germplasm. **Crop Science**, 1 nov. 2022.
- PAUL, P.A.; MUNKVOLD, G.P. Influence of temperature and relative humidity on sporulation of *Cercospora zea*-*maydis* and expansion of gray leaf spot lesions on maize leaves. **Plant Disease**, v.89, p.624-630, 2005.
- PEREIRA, H. S. *et al.* Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v. 214, n. 1, 16 dez. 2017.
- POLAND, J. A. *et al.* Shades of gray: the world of quantitative disease resistance. **Trends In Plant Science**, v. 14, n. 1, p. 21-29, 2009.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.
- RESENDE, M.D.V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.
- SAITO, B. C. *et al.* Adaptability and stability of corn inbred lines regarding resistance to gray leaf spot and northern leaf blight. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, n. 2, p. 148-154, abr. 2018.
- SAVARY, S. *et al.* The global burden of pathogens and pests on major food crops. **Nature Ecology and Evolution**, v. 3, n. 3, p. 430–439, 1 mar. 2019.
- SBCS (Sociedade Brasileira De Ciência Do Solo) – Núcleo Regional Sul. Comissão de Química e Fertilidade do Solo do Estado do Rio Grande do Sul e Santa Catarina.

Manual de calagem e adubação: para os estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. 11. ed.: NRS, 2016. 376 p.

SHELTON, A.; TRACY, W. Recurrent Selection and Participatory Plant Breeding for Improvement of Two Organic Open-Pollinated Sweet Corn (*Zea mays* L.) Populations. **Sustainability**, v. 7, n. 5, p. 5139-5152, 27 abr. 2015.

SIBIYA, J. *et al.* Genetic analysis and genotype \times environment (G \times E) for grey leaf spot disease resistance in elite African maize (*Zea mays* L.) germplasm. **Euphytica**, v. 185, n. 3, p. 349–362, jun. 2012.

SSERUMAGA, J. P. *et al.* Grain-yield stability among tropical maize hybrids derived from doubled-haploid inbred lines under random drought stress and optimum moisture conditions. **Crop and Pasture Science**, v. 69, n. 7, p. 691–702, 2018.

TELENKO, D. E. P.; RAVELLETTE, J. D.; WISE, K. A. Assessing late vegetative and tasseling fungicide application timings on foliar disease and yield in Indiana Corn. **Plant Health Progress**, n. 21, p. 224–229, 2020.

VAN GIOI, H. *et al.* Variable level of dominance of candidate genes controlling drought functional traits in maize hybrids. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, 9 jun. 2017.

VIEIRA, R. *et al.* Diallel analysis of leaf disease resistance in inbred Brazilian popcorn cultivars. **Genetics and Molecular Research**, v.8, n. 4, 2009.

VIEIRA, R. A. *et al.* The breeding possibilities and genetic parameters of maize resistance to foliar diseases. **Euphytica**, v. 185, n. 3, p. 325-336, 26 maio 2011.

VILAS BOAS, S. A. *et al.* Sources of resistance to cassava root rot caused by *Fusarium* spp.: a genotypic approach. **Euphytica**, v. 209, n. 1, p. 237-251, 11 mar. 2016.

VIVEK, B. S. *et al.* Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of 12 African maize (*Zea mays* L.) inbred lines. **Euphytica**, v. 172, p.329–340, 2010.

WANG, J.; HU, X. Research on corn production efficiency and influencing factors of typical farms: Based on data from 12 corn-producing countries from 2012 to 2019. **Plos One**, v. 16, n. 7 July, 1 jul. 2021.

WANG, X. *et al.* Evaluation of maize inbred lines currently used in Chinese breeding programs for resistance to six foliar diseases. **Crop Journal**, v. 2, n. 4, p. 213–222, 1 ago. 2014.

WANI, S. H. *et al.* Back to the wild: mining maize (*Zea mays* L.) disease resistance using advanced breeding tools. **Molecular Biology Reports**, v. 49, p. 5787-5803, 2022.

WARD, J. M. J. *et al.* Gray leaf spot – A disease of global importance in maize production. **Plant Disease**, v.83, p.884-895, 1999.

WEBBER, H. *et al.* Diverging importance of drought stress for maize and winter wheat in Europe. **Nature Communications**, v. 9, n. 1, 1 dez. 2018.

WISE, K. A. *et al.* Meta-analysis of yield response of foliar fungicide-treated hybrid corn in the United States and Ontario, Canada. **PLoS ONE**, v. 14, n. 6, 1 jun. 2019.

WORDELL FILHO; STADNIK. Cercosporiose do milho: desafio para os produtores de Santa Catarina. **Agropecuária Catarinense**, v. 22, n. 1, mar. 2009.

YANG, N. *et al.* New genomic approaches for enhancing maize genetic improvement. **Current Opinion In Plant Biology**, v. 60, abr. 2021.

3 CAPÍTULO 2 – PARÂMETROS GENÉTICOS EM FAMÍLIAS DE MEIO-IRMÃOS DE UMA VARIEDADE DE MILHO DO OESTE DE SANTA CATARINA, BRASIL

RESUMO

O processo de seleção de variedades de milho conduzido pelos agricultores segue um processo empírico, o que diminui a velocidade de fixação de caracteres de interesse agrônômico. Assim, o objetivo do presente estudo foi desenvolver um ciclo de seleção recorrente entre famílias de meio-irmãos de uma variedade local de milho sob condições ambientais adversas e estimar parâmetros genéticos. Foram avaliadas 144 famílias de meio-irmãos, oriundas da variedade MPA1, em Iporã do Oeste - SC e em dois ensaios no município de Concórdia - SC. Para a instalação dos ensaios, foi utilizado o delineamento de blocos incompletos via látice quadrado 12x12, com três repetições, sendo que cada parcela foi constituída de uma linha de 5 m. Foram avaliadas as características altura de planta (AP) e de inserção de espiga (AE), relação altura de inserção de espiga pela altura de planta (EP), diâmetro de colmo (DC) e a produtividade (PROD). De acordo com as análises dos dados, realizada via modelos mistos (REML/BLUP), os valores das herdabilidades foram considerados baixos para DC (0,25) e PROD (0,37), moderados para AP (0,53) e EP (0,45) e alto para AE (0,76). As acurácias foram de moderadas a alta, sendo de 0,50 para DC, de 0,61 para PROD, de 0,67 para EP, de 0,72 para AP e de 0,87 para AE. A seleção das 25% melhores famílias para a característica produtividade pode proporcionar um ganho de seleção de 4,44% e um acréscimo de 94,43 kg ha⁻¹ na média geral. Há variabilidade genética considerável entre as famílias de meio-irmãos para a característica produtividade de grãos e, há a expectativa de que a nova população formada a partir do cruzamento das famílias de meio-irmãos selecionadas apresente boa tolerância ao estresse hídrico, uma vez que a seleção foi realizada em dois ambientes em condição de seca.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; conservação *on farm*; variabilidade genética; seleção recorrente; agricultura familiar.

ABSTRACT

The corn variety selection process conducted by farmers follows an empirical process, which reduces the speed of fixing characters of agronomic interest. Thus, the objective of the present study was to develop a recurrent selection cycle among half-sib families of a local maize variety under adverse environmental conditions and to estimate genetic parameters. 144 half-sib families, originating from the MPA1 variety, were evaluated in Iporã do Oeste - SC and in two trials in the municipality of Concórdia - SC. To set up the tests, an incomplete block design was used via a 12x12 square lattice, with three replications, with each plot consisting of a 5 m line. The characteristics of plant height (AP) and ear insertion (AE), the ratio of ear insertion height to plant height (EP), stem diameter (DC) and productivity (PROD) were evaluated. According to data analysis, carried out via mixed models (REML/BLUP), heritability values were considered low for DC (0.25) and PROD (0.37), moderate for AP (0.53) and EP (0.45) and high for AE (0.76). The accuracies were moderate to high, being 0.50 for DC, 0.61 for PROD, 0.67 for EP, 0.72 for AP and 0.87 for AE. The selection of the 25% best families for the productivity characteristic can provide a selection gain of 4.44% and an increase of 94.43 kg ha⁻¹ in the general average. There is considerable genetic variability among the half-sib families for the grain productivity trait and there is the expectation that the new population formed from the crossing of the selected half-sib families will present good tolerance to water stress, since the Selection was carried out in two environments under drought conditions.

Keywords: *Zea mays* L.; on-farm conservation; genetic variability; recurrent selection; family farming.

3.1 INTRODUÇÃO

Após sua domesticação no México, o milho (*Zea mays* L.) foi amplamente difundido na América e, posteriormente, para todo o mundo. No processo de adaptação às diferentes condições edafoclimáticas, a morfofisiologia dessa cultura foi sendo alterada, gerando grande variabilidade genética e centros de diversidade (VIGOUROUX *et al.*, 2008; SILVA *et al.*, 2020). O extremo oeste de Santa Catarina, estado localizado no sul do Brasil, é classificado como um microcentro de diversidade de milho devido à riqueza de variedades existentes na região, mantidas por agricultores em razão dos valores culturais, econômicos, nutricionais e para conservação da diversidade (COSTA; SILVA; OGLIARI, 2016).

O uso de variedades locais e, portanto, de polinização aberta, permite aos agricultores a produção de suas próprias sementes e conseqüentemente redução de custos de cultivo (PIXLEY; DHLIWAYO; TONGOONA, 2006; BIASUTTI; BONGIANINO; DE LA TORRE, 2021). Isto denota a elevada importância social que estas variedades locais possuem, especialmente para a agricultura de subsistência. Em razão da importância social e conservação da diversidade genética do milho, foram desenvolvidos estudos com as variedades do extremo oeste de Santa Catarina, e demonstrado a existência de variabilidade genética entre e dentro de variedades, que pode ser explorada em programas de melhoramento genético (KIST *et al.*, 2010; SOUZA *et al.*, 2021).

A variabilidade genética alicerça a possibilidade de melhorar características alvos através da seleção (OGUNNIYAN; OLAKOJO, 2014; GOVINDARAJ; VETRIVENTHAN; SRINIVASA, 2015; YANG; YAN, 2021). O milho é uma espécie que apresenta grande diversidade (RAHMAN *et al.*, 2015), mas que vem sofrendo erosão genética (GOVINDARAJ; VETRIVENTHAN; SRINIVASA, 2015; RIVAS *et al.*, 2022). O estreitamento da diversidade genética dificulta a obtenção de ganhos genéticos (YANG; YAN, 2021) contudo o uso de variedades locais pode atenuar este problema, ampliando a base genética estreita ou oportunizando a criação de variedades mais produtivas através da seleção de genótipos superiores dentro destas populações (INCOGNITO *et al.*, 2013; YANG; YAN, 2021; RIVAS *et al.*, 2022; ASMA *et al.*, 2024).

Todavia, a seleção das populações de milho mantidas pelos agricultores do oeste catarinense segue, primordialmente, um processo empírico, baseado em características visuais. A ausência de métodos de melhoramento genético diminui a

fixação de alelos que governam caracteres agronômicos amplamente difundidos em populações comerciais. Somente a presença de variabilidade não torna o desenvolvimento de variedades superiores efetivo, e se faz necessário o emprego de estratégias de seleção e metodologias estatísticas adequadas (OGUNNIYAN; OLAKOJO, 2014; AGYEMAN; EWOOL, 2022; ASMA *et al.*, 2024).

A seleção recorrente, um dos métodos de melhoramento mais empregados e eficientes em populações alógamas como o milho, consiste nas etapas de obtenção de progênies, avaliação de progênies e recombinação das melhores, sendo realizadas de forma cíclica, de forma que, gradativamente, sejam aumentadas as frequências de alelos favoráveis (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). A seleção recorrente entre e dentro de famílias de meio-irmãos é utilizada para o melhoramento intrapopulacional (SOHAIL *et al.*, 2018) e costuma gerar resultados rápidos (KUTKA *et al.*, 2011). Ela é menos eficiente do que a seleção de irmãos completos, mas gera menores dispêndios de tempo e mão-de-obra (VIANA *et al.*, 2007). Os objetivos desta seleção são, além de aumentar a frequência de alelos favoráveis, manter a variabilidade genética (HALLAUER; CARENA, 2012).

As inferências dos genótipos avaliados para as características de interesse devem ser baseadas nos valores genotípicos, ou seja, a proporção herdável dos valores fenotípicos. O uso de modelos mistos REMLP/BLUP possui grande aplicação para estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos (BORGES *et al.*, 2010; AGYEMAN; EWOOL, 2022). Assim, o objetivo do presente estudo foi desenvolver um ciclo de seleção recorrente entre famílias de meio-irmãos de uma variedade local de milho sob condições ambientais adversas e estimar parâmetros genéticos.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

Foi conduzido um ciclo de seleção a partir de famílias extraídas da variedade MPA1. A formação do MPA1, cujo nome remete ao Movimento dos Pequenos Agricultores, ocorreu em meados dos anos 2000, no município de Anchieta - SC. Essa variedade composta consiste no cruzamento entre variedades locais da região oeste de Santa Catarina com híbridos comerciais (KIST *et al.*, 2010).

O método de seleção recorrente utilizado foi o entre e dentro de famílias de meio-irmãos proposto por Compton e Comstock (1976). O ciclo é constituído de três

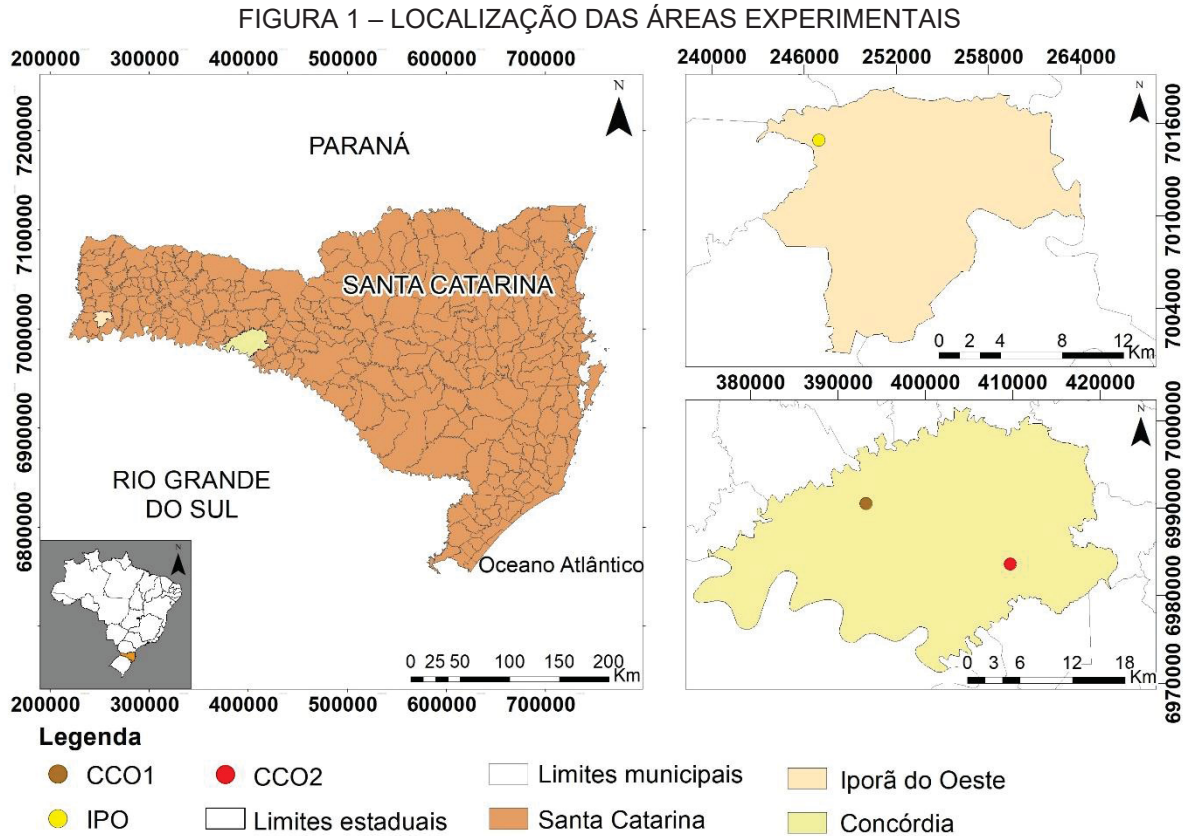
principais etapas: (1) obtenção das famílias de meio-irmãos, (2) avaliação das progênies e (3) recombinação das famílias com caracteres superiores. Foram realizadas as etapas de obtenção das famílias de meio-irmãos e de avaliação das progênies. A população formada neste primeiro ciclo de seleção foi denominada AGB2101.

3.2.1 Obtenção das famílias de meio-irmãos

Na safra 2020/21 foram obtidas 144 famílias de meio-irmãos a partir de uma população base (variedade MPA1). Através de avaliação visual foram selecionadas na população base as melhores plantas-mães e espigas, priorizando pelas seguintes características: menor altura de planta; planta com pouco ou nenhum sintoma de doenças; característica Stay green; espiga de tamanho normal; espiga sem defeitos e com boa qualidade de grãos. Cada espiga selecionada compôs uma família de meio-irmãos. Parte da semente de cada família foi utilizada na avaliação de progênies, enquanto que a outra parte permaneceu armazenada para ser utilizada na etapa de recombinação.

3.2.2 Implantação dos ensaios

Na safra 2021/22 foram implantados três ensaios no oeste de Santa Catarina, um no município de Iporã do Oeste e dois no município de Concórdia (Figura 1). As diferentes áreas experimentais foram nomeadas de: IPO representa a área localizada no município de Iporã do Oeste (área cedida por agricultor), CCO1 situada na área do Instituto Federal Catarinense do *campus* de Concórdia e CCO2 instalada em Linha Barra Bonita, Concórdia (área cedida por agricultor).



Conforme a classificação de Koeppen, a região de abrangência do estudo possui clima subtropical - Cfa, caracterizado por verões quentes. O tipo de solo conforme caracterização biofísica de Santa Catarina (EPAGRI) e a altitude aproximada, respectivamente, das áreas experimentais são: Latossolo Vermelho e 550 m (IPO), Nitossolo Vermelho e 620 m (CCO1) e, Cambissolo Háplico e 570 m (CCO2). A declividade dos terrenos de cultivo dos três ensaios foi classificada de plana a suave-ondulada. A temperatura média e a soma de precipitação mensal do período que compreende da semadura até a colheita dos experimentos em cada município consta na Tabela 1. Os dados do experimento IPO foram obtidos da estação meteorológica do município de Itapiranga, situada a aproximadamente 27 km de distância, em linha reta, de Iporã do Oeste.

TABELA 1 - DADOS CLIMATOLÓGICOS NOS TRÊS LOCAIS DE ESTUDO NA SAFRA 2021/22

| Variável | Local | Mês | | | | |
|---------------------------|---------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| | | | | | | |
| Temperatura ¹ | CCO1* | Set. 21,3 | Out. 21,2 | Nov. 25,9 | Dez. 27,7 | Jan. 28,1 |
| | ITA** | Out. 19,5 | Nov. 22,9 | Dez. 25,5 | Jan. 26,3 | Fev. 24,3 |
| | CCO2*** | Jan. 28,1 | Fev. 27,2 | Mar. 23,4 | Abr. 20,6 | Mai 15,4 |
| Precipitação ² | CCO1 | Set. 169 | Out. 269 | Nov. 84 | Dez. 78 | Jan. 111 |
| | ITA | Out. 45 | Nov. 51 | Dez. 29 | Jan. 93 | Fev. 193 |
| | CCO2 | Jan. 111 | Fev. 65 | Mar. 251 | Abr. 224 | Mai 294 |

¹ Temperatura média mensal (°C); ² Soma de precipitação mensal (mm); *Dados da Estação meteorológica de Concórdia; **Dados da estação meteorológica de Itapiranga; ***Dados da Estação meteorológica de Concórdia. FONTE: EMBRAPA; EPAGRI.

Foram implantados dois ensaios no período da safra e um na safrinha. No dia 25/09/2021 foi feita a semeadura do ensaio no local CCO1, e no dia 21/10/2021 no local IPO. O ensaio de safrinha teve sua semeadura feita no dia 21/01/2022, no local CCO2. Foi realizada a análise de solo e a partir dos resultados procedeu-se com a recomendação de adubação e calagem, seguindo o manual para os estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina (SBCS, 2016). Os ensaios foram conduzidos em delineamento látice quadrado, 12x12, com três repetições. Cada parcela foi constituída por uma linha simples de cinco metros de comprimento, com espaçamento de 50 cm entre linhas nos ensaios de IPO e CCO2, e de 40 cm em CCO1. A densidade populacional foi de 60.000 plantas por hectare em todos os locais. Foi considerada área útil da parcela a linha excluindo-se 50 cm de cada extremidade.

3.2.3 Caracteres avaliados

Foram avaliados os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), relação altura de inserção de espiga pela altura de planta (EP), diâmetro do colmo (DC) e produtividade (PROD). Altura de planta e de inserção de espiga (cm) e diâmetro de colmo (mm) foram avaliadas na fase de pré-colheita em cinco plantas

representativas de cada parcela útil. A altura de planta foi obtida com a utilização de régua graduada e a mediação foi realizada da base do colmo até o ápice do pendão e, também com uso de régua graduada, a altura da inserção da espiga foi medida da base do colmo até a base da espiga principal. Com os dados de altura de planta e de altura de inserção de espiga foi calculada a relação entre altura de inserção de espiga pela altura de planta. Os dados de diâmetro de colmo foram coletados com um paquímetro digital no primeiro nó abaixo da espiga principal. Por fim, a produtividade de grãos (kg ha^{-1}) foi mensurada a partir da colheita de todas as plantas da parcela útil, sendo o seu peso corrigido para 13% de umidade e convertido para quilogramas por hectare.

Os dados foram submetidos à análise de modelos mistos REML/BLUP no software SELEGEN. O modelo estatístico utilizado foi o de avaliação de famílias, com uma observação por parcela, para blocos incompletos em vários locais (RESENDE, 2016):

$$y = Xr + Zg + Wb + Ti + e$$

em que:

y é o vetor de dados.

r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral.

g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios).

b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios).

i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios).

e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas (X, Z, W e T) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Por meio dos valores genotípicos preditos, foram obtidas as correlações genotípicas entre as características mensuradas. As correlações foram submetidas ao teste t de student a fim de verificar a significância das mesmas pela fórmula:

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

onde:

t é a razão t para testar a significância estatística do r de Pearson.

N é o número de pares de escores X e Y.

r é o coeficiente de correlação de Pearson calculado.

As 25% melhores famílias para a característica produtividade foram selecionadas e foi estimado o ganho de seleção, por meio da seguinte fórmula:

$$GS = h^2mf DS$$

onde:

GS é o ganho de seleção.

h^2mf é a herdabilidade média de família no sentido amplo.

DS é o diferencial de seleção.

$$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_o$$

em que:

DS é o diferencial de seleção.

\bar{X}_s é a média dos indivíduos selecionados.

\bar{X}_o é a média da população original.

3.3 RESULTADOS

A produtividade média de grãos, considerando os três experimentos, foi de 2.149 kg ha⁻¹ (Tabela 2). A área de maior produtividade foi a localizada no Instituto Federal Catarinense, *campus* de Concórdia (CCO1) e a de menor produtividade foi a de cultivo na safrinha, situada em Linha Barra Bonita, Concórdia – SC (CCO2). Iporã do Oeste (IPO), local de produtividade intermediária, apresentou as menores alturas de planta e de inserção de espiga, enquanto CCO2 teve os maiores valores para estas características. A relação entre altura de inserção de espiga e a estatura de planta foi

ligeiramente menor e o diâmetro de colmo maior em IPO em relação aos demais locais.

TABELA 2 – MÉDIAS FENOTÍPICAS DAS CARACTERÍSTICAS MENSURADAS EM 144 FAMÍLIAS DE MEIO-IRMÃOS DE MILHO NOS TRÊS LOCAIS DE AVALIAÇÃO

| Locais | Caracteres | | | | |
|--------|------------|--------|--------|------|-------|
| | PROD | AP | AE | EP | DC |
| CCO1 | 2.945,92 | 256,59 | 141,35 | 0,55 | 16,77 |
| IPO | 2.022,66 | 222,00 | 111,68 | 0,50 | 18,69 |
| CCO2 | 1.479,84 | 296,26 | 164,36 | 0,56 | 16,21 |
| Média | 2.149,47 | 258,28 | 139,13 | 0,54 | 17,22 |

CCO1 = Instituto Federal Catarinense do campus de Concórdia; IPO = Iporã do Oeste; CCO2 = Linha Barra Bonita, Concórdia – SC; PROD = produtividade em kg ha⁻¹; AP = altura de planta (cm); AE = altura de inserção de espiga (cm); EP = relação altura de inserção de espiga por altura de planta; DC = diâmetro de colmo (mm).

A variável PROD apresentou a maior variabilidade genética dentre os caracteres avaliados (Tabela 3), mas AP e AE também exibiram valores consideráveis. A proporção da variância fenotípica oriunda da variância ambiental foi elevada para todas as características mensuradas. Os valores das herdabilidades foram de magnitude baixa para DC e PROD, moderada para AP e EP e, alta para AE (COELHO *et al.*, 2022). A acurácia de seleção apresentou valores variando de magnitude moderada para alta (RESENDE; DUARTE, 2007), sendo que PROD apresentou acurácia de magnitude moderada. A correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes variou de moderada (PROD, AP e DC) a alta (AE e EP). O coeficiente de variação experimental foi alto apenas para a variável PROD.

TABELA 3 - PARÂMETROS GENÉTICOS ESTIMADOS VIA REML/BLUP A PARTIR DE 144 FAMÍLIAS DE MEIO-IRMÃOS DE MILHO

| Parâmetros | Caracteres | | | | |
|------------|--------------|----------|----------|--------|--------|
| | PROD | AP | AE | EP | DC |
| Vg | 106795,7797 | 45,1293 | 39,9821 | 0,0002 | 0,2774 |
| Vbloc | 293741,1799 | 223,0868 | 118,4619 | 0,0004 | 0,1486 |
| Vint | 71234,5997 | 46,4149 | 4,3803 | 0,0001 | 0,2889 |
| Ve | 1419216,6336 | 227,9631 | 97,4881 | 0,0017 | 6,5260 |
| Vf | 1890988,1929 | 542,5941 | 260,3125 | 0,0023 | 7,2410 |
| h2mf | 0,3705 | 0,5252 | 0,7649 | 0,4457 | 0,2525 |
| Acurácia | 0,6087 | 0,7247 | 0,8746 | 0,6676 | 0,5025 |
| rgloc | 0,5999 | 0,4930 | 0,9013 | 0,8621 | 0,4898 |

| | | | | | |
|-------|----------|--------|--------|--------|---------|
| CV% | 56,0364 | 5,8569 | 7,1189 | 7,7676 | 14,8263 |
| Média | 2.125,95 | 257,79 | 138,70 | 0,54 | 17,23 |

Vg = variância genotípica; Vblocc = variância entre blocos; Vint = variância da interação genótipo ambiente; Ve = variância ambiental; Vf = variância fenotípica; h²mf = herdabilidade média de família no sentido amplo; rgloc = correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes; CV% = coeficiente de variação experimental; PROD = produtividade em Kg ha⁻¹; AP = altura de planta; AE = altura de inserção de espiga; EP = relação altura de inserção de espiga por altura de planta; DC = diâmetro de colmo.

As correlações genotípicas entre as características estudadas são apresentadas na Tabela 4. Houve correlação genotípica alta apenas entre as características AE e AP e AE e EP. A característica PROD apresentou correlação positiva e significativa com a variável AP, no entanto, esta correlação foi de baixa magnitude.

TABELA 4 - MATRIZ DE CORRELAÇÃO GENOTÍPICA ENTRE AS CARACTERÍSTICAS AVALIADAS NAS TRÊS LOCALIDADES

| Característica | PROD | AP | AE | EP | DC |
|----------------|------|--------|--------|--------|--------|
| PROD | | 0,218* | 0,122 | -0,040 | -0,079 |
| AP | | | 0,778* | 0,128 | 0,008 |
| AE | | | | 0,623* | -0,062 |
| EP | | | | | -0,135 |

*significativo a 5% de probabilidade de acordo com o teste t; PROD = produtividade em kg/ha; AP = altura de planta (cm); AE = altura de inserção de espiga (cm); EP = relação altura de inserção de espiga por altura de planta; DC = diâmetro de colmo (mm).

A seleção direta para a característica PROD das 25% melhores famílias pode proporcionar um ganho de seleção de 4,4% e um acréscimo de 94,43 kg ha⁻¹ na média geral de produtividade. As médias genotípicas das famílias de meio-irmãos selecionadas encontram-se na Tabela 5.

TABELA 5 - MÉDIAS GENOTÍPICAS DOS CARACTERES AVALIADOS NAS 36 FAMÍLIAS SELECIONADAS

| Família | Caracteres | | | | |
|---------|------------|--------|--------|------|-------|
| | PROD | AP | AE | EP | DC |
| 61 | 2.787,41 | 258,50 | 142,27 | 0,54 | 16,92 |
| 38 | 2.636,91 | 265,04 | 144,48 | 0,54 | 16,93 |
| 87 | 2.615,33 | 261,93 | 145,46 | 0,55 | 17,15 |
| 50 | 2.611,99 | 262,15 | 144,83 | 0,53 | 17,56 |
| 118 | 2.537,95 | 262,38 | 141,01 | 0,53 | 17,01 |
| 124 | 2.496,59 | 252,85 | 137,34 | 0,53 | 17,01 |
| 139 | 2.493,47 | 256,31 | 138,97 | 0,54 | 17,26 |
| 69 | 2.488,35 | 258,37 | 140,48 | 0,54 | 17,07 |

| | | | | | |
|-------|----------|--------|--------|------|-------|
| 79 | 2.479,26 | 261,45 | 146,76 | 0,54 | 17,18 |
| 111 | 2.447,19 | 256,58 | 139,20 | 0,55 | 17,06 |
| 22 | 2.442,11 | 262,90 | 142,01 | 0,52 | 17,05 |
| 36 | 2.396,08 | 259,17 | 135,14 | 0,53 | 17,26 |
| 128 | 2.391,54 | 261,84 | 144,84 | 0,54 | 17,17 |
| 101 | 2.385,32 | 249,32 | 131,13 | 0,54 | 17,25 |
| 109 | 2.372,70 | 254,56 | 134,32 | 0,54 | 17,43 |
| 39 | 2.371,37 | 257,73 | 135,02 | 0,53 | 16,87 |
| 18 | 2.367,10 | 264,17 | 148,01 | 0,55 | 17,32 |
| 73 | 2.367,08 | 254,39 | 138,94 | 0,54 | 17,37 |
| 141 | 2.361,08 | 257,84 | 138,45 | 0,53 | 17,90 |
| 21 | 2.323,95 | 254,42 | 133,57 | 0,53 | 16,95 |
| 122 | 2.317,64 | 253,35 | 132,71 | 0,53 | 17,27 |
| 31 | 2.316,49 | 254,40 | 137,59 | 0,54 | 17,16 |
| 27 | 2.303,78 | 262,62 | 142,22 | 0,53 | 17,05 |
| 48 | 2.299,77 | 260,11 | 140,18 | 0,54 | 17,32 |
| 126 | 2.296,64 | 254,06 | 135,90 | 0,53 | 17,85 |
| 11 | 2.280,06 | 255,59 | 141,48 | 0,54 | 17,04 |
| 66 | 2.277,88 | 258,25 | 128,28 | 0,51 | 18,09 |
| 33 | 2.272,45 | 262,30 | 139,23 | 0,53 | 17,09 |
| 134 | 2.261,27 | 261,66 | 146,05 | 0,55 | 17,11 |
| 84 | 2.261,25 | 262,87 | 145,47 | 0,54 | 16,92 |
| 10 | 2.248,81 | 258,87 | 139,33 | 0,54 | 17,10 |
| 95 | 2.246,14 | 252,90 | 136,26 | 0,54 | 17,22 |
| 94 | 2.245,77 | 259,45 | 136,71 | 0,53 | 17,25 |
| 96 | 2.245,68 | 253,26 | 131,93 | 0,53 | 17,43 |
| 15 | 2.231,93 | 254,79 | 132,28 | 0,53 | 17,16 |
| 136 | 2.230,49 | 256,16 | 135,27 | 0,53 | 17,20 |
| Média | 2.230,80 | 258,13 | 138,98 | 0,54 | 17,22 |

PROD = produtividade em kg ha⁻¹; AP = altura de planta (cm); AE = altura de inserção de espiga (cm); EP = relação altura de inserção de espiga por altura de planta; DC = diâmetro de colmo (mm).

No ambiente de maior rendimento de grãos, CCO1, as famílias de meio irmãos (FMIs) selecionadas apresentaram um desempenho 44,14% superior à média geral do ambiente (Tabela 6). Em IPO, ambiente de produtividade intermediária e de estresse hídrico severo, as FMIs a serem utilizadas em um próximo ciclo de seleção exibiram uma produção de 2.634,47 kg ha⁻¹, ou seja, 30,24% acima da média de 2.022,66 deste local. Por fim, no local de menor rendimento de grãos (CCO2 – 1,479,84 kg ha⁻¹) a diferença entre as FMIs selecionadas e a média das 144 FMIs foi de 23,64%.

TABELA 6 - MÉDIAS FENOTÍPICAS DE PRODUTIVIDADE POR LOCAL DAS FAMÍLIAS DE MEIO-IRMÃOS SELECIONADAS

| Família | Produtividade média (kg ha ⁻¹) | | |
|---------|--|----------|----------|
| | CCO1 | IPO | CCO2 |
| 10 | 3.827,26 | 2.185,65 | 1.908,45 |
| 11 | 3.391,01 | 3.217,95 | 1.565,37 |
| 15 | 2.874,23 | 3.061,45 | 1.560,72 |
| 18 | 5.972,57 | 1.070,37 | 1.606,23 |
| 21 | 4.499,13 | 2.054,49 | 1.315,00 |
| 22 | 3.706,59 | 3.503,59 | 1.784,67 |
| 27 | 3.597,36 | 1.463,84 | 2.593,65 |
| 31 | 3.549,99 | 2.128,88 | 1.945,43 |
| 33 | 2.460,56 | 2.523,76 | 2.037,81 |
| 36 | 5.373,49 | 1.628,45 | 2.258,44 |
| 38 | 5.777,98 | 2.157,69 | 2.082,40 |
| 39 | 3.637,66 | 3.185,91 | 1.730,65 |
| 48 | 3.754,42 | 2.700,54 | 1.400,19 |
| 50 | 5.559,17 | 2.759,84 | 2.529,54 |
| 61 | 7.033,65 | 3.455,37 | 2.041,01 |
| 66 | 2.882,00 | 3.002,95 | 1.588,33 |
| 69 | 3.012,66 | 3.390,52 | 3.348,88 |
| 73 | 4.195,76 | 1.915,65 | 2.273,30 |
| 79 | 4.541,13 | 2.185,89 | 2.341,52 |
| 84 | 2.981,78 | 1.846,39 | 2.818,01 |
| 87 | 4.010,56 | 4.914,09 | 1.740,98 |
| 94 | 4.608,42 | 1.531,69 | 1.549,56 |
| 95 | 4.337,27 | 2.342,93 | 1.482,94 |
| 96 | 5.182,54 | 2.178,68 | 878,31 |
| 101 | 4.267,25 | 2.566,42 | 2.189,37 |
| 109 | 4.825,15 | 3.060,67 | 793,01 |
| 111 | 7.361,39 | 2.493,27 | 1.740,41 |
| 118 | 5.970,10 | 2.484,28 | 923,53 |
| 122 | 2.722,17 | 3.246,66 | 1.580,79 |
| 124 | 5.926,75 | 2.644,48 | 1.818,63 |
| 126 | 2.330,91 | 3.431,06 | 2.010,32 |
| 128 | 4.593,76 | 3.538,05 | 639,03 |
| 134 | 4.621,68 | 2.094,79 | 1.014,59 |
| 136 | 2.105,41 | 2.896,65 | 2.262,28 |
| 139 | 4.647,39 | 2.928,34 | 1.748,84 |
| 141 | 2.736,01 | 3.049,83 | 2.771,27 |
| Média | 4.246,53 | 2.634,47 | 1.829,82 |

CCO1 = Instituto Federal Catarinense do campus de Concórdia; IPO = Iporã do Oeste; CCO2 = Linha Barra Bonita, Concórdia – SC.

3.4 DISCUSSÃO

Neste trabalho realizou-se o primeiro ciclo de seleção de uma variedade local do oeste catarinense. A variedade MPA1 demonstrou ter bons atributos quando comparada com outras variedades locais e com VPAs comerciais, despertando o interesse em elevar seu rendimento agrônomo através de processos de seleção. Dentre suas qualidades, foram observados bons teores de carotenoides (SPEZZATTO *et al.*, 2022) e maior resistência a doenças. Para tornar a variedade mais atrativa ao cultivo pelos produtores rurais, o principal objetivo do programa de melhoramento genético é elevar a produtividade, além de mitigar características da variedade que dificultam o alcance do máximo potencial produtivo (RAWAL *et al.*, 2023). Variedades locais comumente apresentam elevada altura (DUDEK *et al.*, 2020), o que propicia o tombamento das plantas (BASTIDAS *et al.*, 2015; DUDEK *et al.*, 2020) e conseqüentemente gera perdas na produção. Com isso, o enfoque do estudo, além de estimar o rendimento de grãos, foi analisar características associadas ao tombamento da cultura (altura de planta, altura de inserção de espiga e diâmetro do colmo) (DUDEK *et al.*, 2020).

A produtividade observada nos três locais de avaliação no ano agrícola 2021/22 foi baixa. A diferença entre o ambiente de menor produtividade para o de maior ficou próxima de 100%, evidenciando variações das condições ambientais entre os locais (AGYEMAN; EWOOL, 2022). Os experimentos conduzidos no período da safra (IPO e CCO1), que compreende o primeiro cultivo realizado dentro no ano agrícola (SANGOI; SILVA, 2016a) enfrentaram déficit hídrico pronunciado entre os meses de setembro de 2021 à fevereiro de 2022 que, de acordo com o Monitorador de Secas da Agência Nacional das Águas (ANA, 2022), variou de moderado a grave em CCO1, e foi classificado como extremo em IPO. A pluviosidade média nos cinco meses de cultivo é apresentada na Tabela 1. A limitação da disponibilidade de água altera a morfofisiologia da planta do milho de inúmeras maneiras, reduzindo o estande e altura de plantas, ocasionando senescência precoce e culminando em rendimento de grãos inferior (ADEWALE *et al.*, 2018). Em decorrência da estiagem, especialmente em IPO, possivelmente, as plantas manifestaram menor altura de planta e baixa produtividade.

O ambiente com índices pluviométricos adequados, CCO2 (Tabela 1), foi o de menor produtividade. As plantas apresentaram maior desenvolvimento vegetativo,

com alturas de planta e de inserção de espiga mais elevados, em contrapartida, com diâmetros de colmo levemente menores. A relação entre altura de inserção de espiga e estatura de plantas foi ligeiramente superior aos demais ambientes, com valor de 0,56, o que também favorece o tombamento de plantas em virtude de o centro de gravidade das plantas ficar deslocado (SANGOI *et al.*, 2002; SANGOI; SILVA, 2016b). Para este caso, CCO2 teve cultivo na safrinha, com semeadura tardia. No período inicial de desenvolvimento do milho na safrinha, as temperaturas são mais elevadas, e isso acarretou em acelerado crescimento vegetativo com possível formação de colmos com diâmetros reduzidos e por muitas vezes frágeis (SANGOI; SILVA, 2016a). Associado ao conhecido fato de os milhos de safrinha produzirem menos em comparação aos milhos da safra (SANGOI; SILVA, 2016a; SANGOI; SILVA, 2016b), a soma de fatores que resultaram no tombamento de expressiva proporção do experimento de CCO2, tornaram este o local de menor rendimento de grãos.

De acordo com os parâmetros genéticos estimados via REML/BLUP, a acurácia seletiva foi moderada para PROD, EP e DC e alta para AP e AE (RESENDE; DUARTE, 2007). É desejável que a acurácia seja acima de 0,7 para que correlação entre o valor genotípico verdadeiro e valor predito sejam altamente correlacionados (RESENDE; DUARTE, 2007). A acurácia está diretamente atrelada a qualidade das informações (PIMENTEL *et al.*, 2014) e a eficiência experimental (RESENDE *et al.*, 2020).

Altas e positivas correlações genotípicas entre o desempenho nos ambientes foram estimadas para AE (0,90) e EP (0,86). Isso indica que ao realizar a seleção de FMIs para estes atributos em um dos ambientes resultará em um desempenho muito semelhante nos demais locais (AGYEMAN; EWOOL, 2022). Por outro lado, uma fraca correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes aponta ocorrência de interação genótipo x ambiente (GxA) (RESENDE; DUARTE, 2007; AGYEMAN; EWOOL, 2022). A moderada correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes encontrada para PROD, AP e DC sugere GxA de magnitude mediana. Presença de GxA dificulta o trabalho do melhorista no momento de proceder com a seleção dos genótipos superiores (SMITH; CULLIS, 2018; SSERUMAGA *et al.*, 2018), mas é de suma importância conhecer seus efeitos para aumentar a confiabilidade na avaliação da variabilidade genética (COELHO *et al.*, 2022).

As variáveis PROD, AP e AE apresentaram elevada variação genética, o que fornece a informação de que há variabilidade a ser explorada no processo de seleção,

premissa para um programa de melhoramento genético efetivo (DUDEK *et al.*, 2020; MAULANA *et al.*, 2023). A variação ambiental explicou grande parte da variação fenotípica para todos os parâmetros estudados (PROD, AP, AE, DC e EP), revelando alta influência de fatores ambientais na expressão dessas características (MASONI *et al.*, 2019; HABIBA; EL-DIASTY; ALY, 2022; MAULANA *et al.*, 2023), bem como elevadas diferenças entre os ambientes, as quais podem ser de origens diversas, como clima, solo e condução experimental (AGYEMAN; EWOOL, 2022). Em estudos conduzidos em campo, há maiores dificuldades em controlar o ambiente, isto normalmente resulta em maiores variações ambientais (DUDEK *et al.*, 2020).

O fato de grande proporção da variância fenotípica ter sido explicada pela variância ambiental resultou em herdabilidades baixas e moderadas para quase a totalidade dos caracteres. Excepcionalmente a AE teve alta herdabilidade (0,76), de forma que a seleção para esta característica em específico poderia ser promissora (OWUSU *et al.*, 2021). A baixa herdabilidade do rendimento de grãos, objeto principal da seleção nesta ocasião, é parcialmente explicada por esta ser uma característica quantitativa, governada por muitos genes e fortemente influenciada pelo ambiente (OGUNNIYAN; OLAKOJO, 2014; SOUZA *et al.*, 2014; GOVINDARAJ; VETRIVENTHAN; SRINIVASA, 2015). Em razão da herdabilidade de baixa magnitude, os ganhos genéticos oriundos da seleção são possivelmente baixos (SSERUMAGA *et al.*, 2018;) e o progresso com a seleção é reduzido (OGUNNIYAN; OLAKOJO, 2014; HABIBA; EL-DIASTY; ALY, 2022).

Uma alternativa para a seleção de caracteres de baixa herdabilidade é o emprego da seleção indireta, por intermédio de características de alta herdabilidade e de alta correlação com a característica de interesse (LOPES *et al.*, 2007; RIOS *et al.*, 2012; RAWAL *et al.*, 2023). Como neste estudo, usualmente são encontradas correlações positivas altas entre AP e AE, bem como positivas entre PROD e AP (OGUNNIYAN; OLAKOJO, 2014; PINTO *et al.*, 2019; AMEGBOR *et al.*, 2022). Apesar da correlação positiva entre AP e PROD, esta foi de baixa magnitude (0,22), não favorecendo a seleção indireta, no entanto, beneficiando o processo de melhoramento genético em razão de objetivar-se obter uma variedade mais produtiva e de menor estatura. Para tanto, foi procedida com a seleção direta para PROD, que pode promover um ganho de 4,4% ao selecionar as 25% melhores FMIs. Reduzir o número de famílias selecionadas poderia gerar maiores ganhos de seleção, porém, em consequência, haveria redução da variabilidade genética disponível para os próximos

ciclos de seleção, dificultando o progresso genético (CARNEIRO JUNIOR, 2009). Além disso, com a baixa herdabilidade obtida, torna-se necessário não restringir demasiadamente o número de FMIs selecionadas, em razão de grande parte da variação fenotípica prover da variação ambiental, a qual não é herdável (OGUNNIYAN; OLAKOJO, 2014; AGYEMAN; EWOOL, 2022; HABIBA; EL-DIASTY; ALY, 2022).

A produtividade 30,24% superior das FMIs selecionadas em comparação à média geral em IPO, e de 44,14% acima da média em CCO1, é um indicativo de que essas famílias possam conter algum grau de tolerância ao estresse hídrico. Em um cenário com previsão de constantes alterações climáticas, a identificação de genótipos com alelos de tolerância a seca é essencial para superar os desafios futuros (GOVINDARAJ; VETRIVENTHAN; SRINIVASA, 2015; SSERUMAGA *et al.*, 2018; YANG; YAN, 2021). Um modelo elaborado para prever a resposta do milho sob influência de baixa disponibilidade hídrica apontou que materiais de ampla base genética, com destaque à VPAs que apresentam em sua constituição genes de variedades locais, seriam mais adaptadas a tais condições adversas (LANA *et al.*, 2017), o que reforça a probabilidade das FMIs selecionadas possuírem tal qualidade.

Apesar de CCO2 apresentar condições hídricas mais propícias ao adequado desenvolvimento da cultura, foi o ambiente que demonstrou a menor diferença de produtividade entre a média geral e as FMIs selecionadas (23,64% superior). A leve correlação genotípica positiva entre produtividade e altura de planta (0,22) pode ter influenciado neste resultado, fundamentado pelo fato de plantas mais altas disporem de maior suscetibilidade ao tombamento ocasionado por ventos fortes (BASTIDAS *et al.*, 2015; DUDEK *et al.*, 2020), fenômeno este ocorrido em CCO2. O tombamento está correlacionado negativamente com a produtividade, resultando em menor rendimento de grãos (AMEGBOR *et al.*, 2022). Ademais, aludindo à elevada altura e ao desempenho na safrinha que estas famílias apresentaram, valida-se que ao final do programa de melhoramento genético, a VPA resultante potencialmente terá seu cultivo recomendado apenas para plantios realizados no início da janela de cultivo.

Este foi o primeiro ciclo de seleção entre famílias de meio-irmãos do programa de melhoramento genético que visa obter uma variedade de polinização aberta mais produtiva em ambientes particulares dos pequenos agricultores da região oeste de Santa Catarina. Como as FMIs foram analisadas em condições de seca, há grande probabilidade de os materiais selecionados apresentarem tolerância às condições de

estresse hídrico (LANA *et al.*, 2017; ASMA *et al.*, 2024), que é uma ameaça para segurança alimentar (GOVINDARAJ; VETRIVENTHAN; SRINIVASA, 2015), especialmente aos pequenos agricultores (SSERUMAGA *et al.*, 2018). Ao final dos ciclos de seleção a serem realizados pelo programa de melhoramento genético, uma nova variedade poderá ser obtida e disponibilizada para a agricultura familiar, podendo ser uma alternativa aos produtores que possuem recursos financeiros limitados para acessarem cultivares modernas, no entanto, mais produtiva do que as atuais variedades cultivadas (MASONI *et al.*, 2019; BIASUTTI; BONGIANINO; DE LA TORRE, 2021). Isso desempenha fundamental papel na conservação da diversidade *on farm*, uma forma comprovadamente eficiente de preservar a diversidade genética do milho (ARDENGHI *et al.*, 2018; STAGNATI *et al.*, 2021), pois naturalmente os agricultores selecionam genótipos mais produtivos, que possuem alelos favoráveis (HERRERA-CABRERA *et al.*, 2013; BITOCCHI *et al.*, 2015; CASAÑAS *et al.*, 2017), e por vezes, substituem o cultivo de variedades locais por cultivares comerciais modernas visando alto rendimento. A disponibilização de uma variedade local melhorada favorece a continuidade do cultivo, preservando grande quantia de diversidade genética e genes provenientes das variedades locais.

3.5 CONCLUSÕES

Há variabilidade genética considerável entre as famílias de meio-irmãos para a característica produtividade de grãos. A seleção de 25% das famílias mais produtivas pode proporcionar um ganho de 4,4% de incremento na produtividade de grãos. Há a expectativa de que a nova população formada a partir do cruzamento das famílias de meio-irmãos selecionadas apresente boa tolerância ao estresse hídrico, uma vez que a seleção foi realizada em dois ambientes em condição de seca.

3.6 REFERÊNCIAS

ADEWALE, S. A. *et al.* Genetic analysis of drought-adaptive traits at seedling stage in early-maturing maize inbred lines and field performance under stress conditions. **Euphytica**, v. 214, n. 145, ago. 2018.

AGYEMAN, A.; EWOOL, M. Genotype by environment interaction analysis of grain yield and yield components in provitamin A maize. **Journal of Crop Improvement**, v.36, n. 1, p. 1-24, 2022.

AMEGBOR, I. K. *et al.* Heritability and Associations among Grain Yield and Quality Traits in Quality Protein Maize (QPM) and Non-QPM Hybrids. **Plants**, v. 11, n. 6, 2022.

ANA (Agência Nacional das Águas). **Monitorador de Secas**. Disponível em: <<https://monitordesecas.ana.gov.br/mapa>>. Acesso em: 01 dez. 2022.

ARDENGHI, N. M. G. *et al.* Back to beaked: zea mays subsp. mays rostrata group in northern italy, refugia and revival of open-pollinated maize landraces in an intensive cropping system. **Peerj**, v. 6, 2018.

ASMA, *et al.* Agro-morphological characterization of Pakistani maize accessions using qualitative and quantitative traits. **Brazilian Journal of Biology**, v. 84, 2024.

BASTIDAS, Y. *et al.* Comportamiento agronómico y fitopatológico de variedades de maíz (*Zea mays* L.) en los estados Yaracuy y Guárico, Venezuela. **Bioagro**, v. 17, n. 1, p. 17-26, 2015.

BIASUTTI, C. A.; BONGIANINO, N.; DE LA TORRE, M. V. Nuevas variedades de maíz (*Zea mays* L.) para la zona semiárida de la provincia de Córdoba, Argentina. **Agriscientia**, v. 38, n. 1, 2021.

BITOCCHI, E. *et al.* European Flint Landraces Grown in Situ Reveal Adaptive Introgression from Modern Maize. **Plos One**, v. 10, n. 4, 2015.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Seleção recorrente. *In*: BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: Ufv, 2017. Cap. 21. p. 296-322.

BORGES, V. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum**, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.

CARNEIRO JUNIOR, J. M. Melhoramento genético animal. *In*: GONÇALVES, R. C.; OLIVEIRA, L. C. **Embrapa Acre: ciência e tecnologia para o desenvolvimento sustentável do Sudoeste da Amazônia**. Rio Branco: Embrapa, 2009. Cap. 11. p. 197-208.

CASAÑAS, F. *et al.* Toward an evolved concept of landrace. **Frontiers in Plant Science**, v. 08, 2017.

COELHO, I. F. *et al.* Genetic variability analyses considering multi-environment trials in maize breeding. **Euphytica**, v. 218, n. 2, 2022.

COMPTON, W.A.; COMSTOCK, R.E. More on modified ear-to-row selection in corn. **Crop Science**., v.16, p. 122, 1976.

COSTA, F. M.; SILVA, N. C. A.; OGLIARI, J. B. Maize diversity in southern Brazil: indication of a microcenter of *Zea mays* l. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, n. 4, p. 681-700, 2016.

DUDEK, G. *et al.* Estimativa de parâmetros genéticos e ganho com seleção em acessos de milho crioulo. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 10, p. 82741-82755, 2020.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Suínos e Aves. **Dados Agrometeorológicos**. 2022. Disponível em: <<http://www.cnpsa.embrapa.br/meteor/>>. Acesso em: 01 dez. 2022.

Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI). **Caracterização biofísica de Santa Catarina**. Disponível em: <https://www.arcgis.com/apps/View/index.html?appid=f4857a4cb9c14d0db65c1ea8574e377f&extent=-62.6770,-33.0022,-41.5833,-23.9692>. Acesso em: 9 dez. 2022.

Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI). **Dados Meteorológicos: Estação de Itapiranga**. 2022.

Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI). **Mapas Digitais de Santa Catarina**. Disponível em: <https://circam.epagri.sc.gov.br/mapoteca/>. Acesso em: 2 dez. 2022.

GOVINDARAJ, M.; VETRIVENTHAN, M.; SRINIVASA, M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. **Genetics Research International**, 2015.

HABIBA, R.M.M.; EL-DIASTY, M.Z.; ALY, R.S.H. Combining abilities and genetic parameters for grain yield and some agronomic traits in maize (*Zea mays* L.). **Beni-Suef University Journal of Basic and Applied Sciences**, v. 11, n. 108, 2022.

HALLAUER, A. L; CARENA, M. J. Recurrent selection methods to improve germplasm in maize. **Maydica**, v. 57, n. 4, 2012.

HERRERA-CABRERA, B. E. *et al.* Superior populations within the maize diversity from eastern state of México. **Fitotecnia Mexicana**, 2013.

INCOGNITO, S. J. P. *et al.* Breeding potential of elite maize landraces to improve forage yield and quality of two heterotic patterns. **Crop Science**, v. 53, n. 1, p. 121-131, 2013.

INPE - Instituto Nacional de Pesquisas. **Divisão de Processamento de Imagens**. Disponível em: http://www.dpi.inpe.br/Ambdata/unidades_administrativas.php. Acesso em: 02 dez. 2022.

KIST, V. *et al.* Genetic potential of a maize population from Southern Brazil for the modified convergent–divergent selection scheme. **Euphytica**, v. 176, n. 1, p. 25-36, 2010.

KUTKA, F. *et al.* Open-Pollinated vs. Hybrid Maize Cultivars. **Sustainability**, v. 3, n. 9, p. 1531-1554, 2011.

LANA, M. A. *et al.* Yield stability and lower susceptibility to abiotic stresses of improved open-pollinated and hybrid maize cultivars. **Agronomy for Sustainable Development**, v. 37, n. 4, 1 ago. 2017.

LOPES, S.J. *et al.* Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. **Ciência Rural**, v. 37, p. 1536-1542, 2007.

MASONI, A. *et al.* Constitution of composite cross maize (*Zea mays* L.) populations selected for the semi-arid environment of south Madagascar. **Agronomy**, v. 10, n. 1, 2019.

MAULANA, H. *et al.* Heritability and Selection Using GGE Biplots and the Sustainability Index (SI) of Maize Mutants under Different Cropping Systems in Upland. **Sustainability**, v. 15, n. 8, 2023.

OGUNNIYAN, D. J.; OLAKOJO, S. A. Genetic variation, heritability, genetic advance and agronomic character association of yellow elite inbred lines of maize (*Zea mays* L.). **Nigerian Journal of Genetics**, v. 28, n. 2, p. 24-28, 2014.

OWUSU EY *et al.* Genetic variability, heritability and correlation analysis among maturity and yield traits in Cowpea (*Vigna unguiculata* (L) Walp) in Northern Ghana. **Heliyon**, v. 7, n. 9, 2021.

PIMENTEL, A. J. B. *et al.* Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.

PINTO, D. A. *et al.* Características agrônômicas de milho em função de diferentes espaçamentos entre linhas de semeadura. **Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada nas Ciências Agrárias**, v. 12, n. 1, 2019.

PIXLEY, K. V.; DHLIWAYO, T.; TONGOONA, P. Improvement of a maize population by full-sib selection alone versus full-sib with selection during inbreeding. **Crop Science**, v. 46, n. 3, p. 1130-1136, 2006.

RAHMAN, S. *et al.* Assessing genetic diversity of Maize (*Zea mays* L.) genotypes for agronomic traits. **Research in Agriculture Livestock and Fisheries**, v. 2, n. 1, 2015.

RAWAL, S. *et al.* Agromorphological Characterization of Maize Hybrids and Estimation of Genetic Parameters in Mid-Hills of Far-West Nepal. **Advances in Agriculture**, 2023.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M.D.V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

RESENDE, M. D. V. *et al.* Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 1-31, 2020.

RIOS, S. A. *et al.* Análise de trilha para carotenoides em milho. **Revista Ceres**, v. 59, n. 3, p. 368-373, 2012.

RIVAS, J. G. *et al.* Morphological and genetic diversity of maize landraces along an altitudinal gradient in the Southern Andes. **Plos One**, v. 17, n. 12, 2022.

SANGOI, L. *et al.* Sustentabilidade do colmo em híbridos de milho de diferentes épocas em função da densidade de plantas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 1, n. 2, p. 60-66, 2002.

SANGOI, L.; SILVA, P. R. F. Crescimento, desenvolvimento e épocas de semeadura. In: WORDELL FILHO, J. A.; CHIARADIA, L. A. **A cultura do milho em Santa Catarina**. 3. ed. Florianópolis: Epagri, 2016a. Cap. 2. p. 25-83.

SANGOI, L.; SILVA, P. R. F. Estratégias de manipulação do arranjo de plantas e desempenho agrônômico do milho. In: WORDELL FILHO, J. A.; CHIARADIA, L. A. **A cultura do milho em Santa Catarina**. 3. ed. Florianópolis: Epagri, 2016. Cap. 3. p. 85-121.

SBCS (Sociedade Brasileira De Ciência Do Solo) – Núcleo Regional Sul. Comissão de Química e Fertilidade do Solo do Estado do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. **Manual de calagem e adubação**: para os estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. 11. ed.: NRS, 2016. 376 p.

SILVA, N. C. A. *et al.* Relationships among American popcorn and their links with landraces conserved in a microcenter of diversity. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 67, n. 7, p. 1733-1753, 2020.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R. Plant breeding selection tools built on factor analytic mixed models for multi-environment trial data. **Euphytica**, v. 214, n. 8, 2018.

SOHAIL, A. *et al.* Genetic variability, heritability and correlation studies in half sib recurrent families of cimmyt maize population CZP-132011. **Journal of Agricultural and Biological Science**, v. 13, n. 10, p. 106-112, 2018.

SOUZA, R. *et al.* Identification of alleles for sweet phenotype in local corn varieties in southern Brazil. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 4, 2021.

SOUZA, T. V. *et al.* Relações entre componentes de rendimento e características morfológicas de milho. **Magistra**, v. 26, p. 495-506, 2014.

SPEZZATTO, J. *et al.* Análise da produtividade de carotenoides em variedades locais de milho. In: SILVA-MATOS, R. R. S. da; MELO, G. S.; RODRIGUES, B. E. L. (org.). **Desenvolvimento rural e processos sociais nas ciências agrárias**. Ponta Grossa: Atena, 2022. p. 34-44.

SSERUMAGA, J. P. *et al.* Grain-yield stability among tropical maize hybrids derived from doubled-haploid inbred lines under random drought stress and optimum moisture conditions. **Crop and Pasture Science**, v. 69, n. 7, p. 691, 2018.

STAGNATI, L. *et al.* Microsatellite and morphological characterization of three Rostrato di Val Chiavenna (Sondrio, Italy) maize (*Zea mays* L.) accessions. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 68, p. 3025 -3038, 2021.

VIANA, J. M. S. *et al.* Breeding strategies for recurrent selection of maize. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 10, p. 1383-1391, 2007.

VIGOUROUX, Y. *et al.* Population structure and genetic diversity of New World maize races assessed by DNA microsatellites. **American Journal of Botany**, v. 95, n. 10, p. 1240-1253, 2008.

YANG, N.; YAN, J. New genomic approaches for enhancing maize genetic improvement. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 60, p. 101977, 2021.

4 CONCLUSÕES GERAIS

Dentre as 15 variedades de polinização aberta do oeste catarinense analisadas para a resistência à cercosporiose, a MPA1 demonstrou um notável grau de resistência quantitativa, principalmente em ambientes com maior pressão da doença. A partir dessa constatação, foi iniciado um programa de melhoramento da MPA1, com o objetivo de desenvolver uma nova variedade de polinização aberta que seja mais produtiva e adequada para o cultivo por pequenos agricultores no oeste de Santa Catarina. Além disso, estabeleceu-se como meta avaliar as características da população em seleção que estão relacionadas ao tombamento de plantas, um desafio significativo frequentemente encontrado em variedades locais.

Após um primeiro ciclo de seleção entre famílias de meio-irmãos, originadas da população base da MPA1, ficou evidente que, além do nível de resistência à cercosporiose, as famílias em seleção também podem apresentar tolerância ao déficit hídrico. Isso aponta a potencialidade destes genótipos, especialmente em face dos desafios relacionados às mudanças climáticas.

5 REFERÊNCIAS GERAIS

ADEWALE, S. A. *et al.* Genetic analysis of drought-adaptive traits at seedling stage in early-maturing maize inbred lines and field performance under stress conditions. **Euphytica**, v. 214, n. 145, ago. 2018.

AGRIOS, G. N. **Plant pathology**. 5th ed. New York, US: Elsevier Academic Press, 2005.

AGRITEMPO. **Dados meteorológicos**. 2019. Disponível em: <<https://www.agritempo.gov.br/agritempo/jsp/PesquisaClima/index.jsp?siglaUF=SC>>. Acesso em: 28 jun. 2019.

AGROCERES. Guia Agroceres de Sanidade. São Paulo: Sementes Agroceres. 1996. 72p.

AGYEMAN, A.; EWOOL, M. Genotype by environment interaction analysis of grain yield and yield components in provitamin A maize. **Journal of Crop Improvement**, v.36, n. 1, p. 1-24, 2022.

ALMEIDA, K. S. *et al.* Temporal progression of foliar plant diseases in corn hybrids. **Australian Journal of Crop Science**, v. 13, n.11, p. 1731-1739, 20 nov. 2019.

AMEGBOR, I. K. *et al.* Heritability and Associations among Grain Yield and Quality Traits in Quality Protein Maize (QPM) and Non-QPM Hybrids. **Plants**, v. 11, n. 6, 2022.

AMELEWORK, A. B. *et al.* On-Farm Multi-Environment Evaluation of Selected Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) Cultivars in South Africa. **Plants**, v. 11, n. 23, 1 dez. 2022.

ANA (Agência Nacional das Águas). **Monitorador de Secas**. Disponível em: <<https://monitordesecas.ana.gov.br/mapa>>. Acesso em: 01 dez. 2022.

ARDENGHI, N. M. G. *et al.* Back to beaked: zea mays subsp. mays rostrata group in northern italy, refugia and revival of open-pollinated maize landraces in an intensive cropping system. **Peerj**, v. 6, 2018.

ASMA, *et al.* Agro-morphological characterization of Pakistani maize accessions using qualitative and quantitative traits. **Brazilian Journal of Biology**, v. 84, 2024.

AWATA, L. A. O. *et al.* Adaptation of Hybrid Maize to Greenbelt and Ironstone Plateau Agro-Ecologies of South Sudan. **Plant Breeding and Biotechnology**, v. 9, n. 2, p. 124-138, 1 jun. 2021.

BALBINOT JUNIOR, A. A. *et al.* Densidade de Plantas em variedades de polinização aberta de milho. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v.6, p.114-124, 2007.

BASTIDAS, Y. *et al.* Comportamiento agronómico y fitopatológico de variedades de maíz (*Zea mays* L.) en los estados Yaracuy y Guárico, Venezuela. **Bioagro**, v. 17, n. 1, p. 17-26, 2015.

BEDENDO, I. P. Ambiente e doença. In: BERGAMIN FILHO, A.; KIMATI, H.; AMORIM, L. **Manual de fitopatologia**: princípios e conceitos. v. 1. São Paulo: Editora Agronômica Ceres Ltda, 1995

BEDOYA, C. A. *et al.* Genetic diversity and population structure of native maize populations in Latin America and the Caribbean. **PLoS ONE**, v. 12, n. 4, 1 abr. 2017.

BEKEKO, Z. *et al.* Combining ability and nature of gene action in maize (*Zea mays* L) inbred lines for resistance to gray leaf spot disease (*Cercospora zeae maydis*) in Ethiopia. **Crop Protection**, v. 112, p. 39–48, 1 out. 2018.

BERGER, D. K. *et al.* Benefits of maize resistance breeding and chemical control against northern leaf blight in smallholder farms in South Africa. **South African Journal of Science**, v. 116, n. 11–12, 26 nov. 2020.

BIASUTTI, C. A.; BONGIANINO, N.; DE LA TORRE, M. V. Nuevas variedades de maíz (*Zea mays* L.) para la zona semiárida de la provincia de Córdoba, Argentina. **Agriscientia**, v. 38, n. 1, 2021.

BITOCCHI, E. *et al.* European Flint Landraces Grown in Situ Reveal Adaptive Introgression from Modern Maize. **Plos One**, v. 10, n. 4, 2015.

BOOTHROYD, C. W. Effect of elevation, rainfall and temperature upon the incidence of corn diseases in Costa Rica. **Phytopathology**, p.54-127, 1964.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Seleção recorrente. In: BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: Ufv, 2017. Cap. 21. p. 296-322.

BORGES, V. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum**, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.

BRESEGHELLO, F. *et al.* Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 61, n. 35, p. 8277-8286, 3 abr. 2013.

BRITO, A. H. *et al.* Efeito da cercosporiose no rendimento de híbridos comerciais de milho. **Fitopatologia Brasileira**, v 32, n.6, p. 472-479, dez. 2007.

BRITO, A. H. de *et al.* Reação de híbridos de milho e comparação de métodos para avaliação da Cercosporiose e Mancha Branca. **Tropical Plant Pathology**, v. 36, n. 1, p. 35-41, fev. 2011.

CAMPBELL, C. L.; MADDEN, L. V. **Introduction to plant disease epidemiology**. New York: John Willey & Sons, 1990. 532p.

- CARNEIRO JUNIOR, J. M. Melhoramento genético animal. *In*: GONÇALVES, R. C.; OLIVEIRA, L. C. **Embrapa Acre: ciência e tecnologia para o desenvolvimento sustentável do Sudoeste da Amazônia**. Rio Branco: Embrapa, 2009. Cap. 11. p. 197-208.
- CASAÑAS, F. *et al.* Toward an evolved concept of landrace. **Frontiers in Plant Science**, v. 08, 2017.
- COELHO, I. F. *et al.* Genetic variability analyses considering multi-environment trials in maize breeding. **Euphytica**, v. 218, n. 2, 2022.
- COMPTON, W.A.; COMSTOCK, R.E. More on modified ear-to-row selection in corn. **Crop Science**, v.16, p. 122, 1976.
- COSTA, F. M.; SILVA, N. C. A.; OGLIARI, J. B. Maize diversity in southern Brazil: indication of a microcenter of *Zea mays* l. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, n. 4, p. 681-700, 23 mar. 2016.
- DUDEK, G. *et al.* Estimativa de parâmetros genéticos e ganho com seleção em acessos de milho crioulo. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 10, p. 82741-82755, 2020.
- DUAN, C. X. *et al.* A large-scale screening of maize germplasm for resistance to multiple diseases in multi-plot demonstration for several years under natural condition. **Acta Agronomica Sinica (China)**, v. 46, n. 8, p. 1135–1145, 12 ago. 2020.
- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Suínos e Aves. **Dados Agrometeorológicos**. 2019. Disponível em: <<http://www.cnpsa.embrapa.br/meteor/>>. Acesso em: 29 jun. 2019.
- Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI). **Caracterização biofísica de Santa Catarina**. Disponível em: <https://www.arcgis.com/apps/View/index.html?appid=f4857a4cb9c14d0db65c1ea8574e377f&extent=-62.6770,-33.0022,-41.5833,-23.9692>. Acesso em: 9 dez. 2022.
- Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI). **Dados Meteorológicos: Estação de Itapiranga**. 2022.
- Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI). **Mapas Digitais de Santa Catarina**. Disponível em: <https://ciram.epagri.sc.gov.br/mapoteca/>. Acesso em: 2 dez. 2022.
- FARIA, S. V. *et al.* Phenotypic and molecular characterization of a set of tropical maize inbred lines from a public breeding program in Brazil. **Bmc Genomics**, v. 23, n. 54, jan. 2022.
- GAIKPA, D. S. *et al.* Exploiting genetic diversity in two European maize landraces for improving Gibberella ear rot resistance using genomic tools. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 134, n. 3, p. 793–805, 1 mar. 2021.

GAYATHRI DEVI, K. *et al.* Accurate Prediction and Classification of Corn Leaf Disease Using Adaptive Moment Estimation Optimizer in Deep Learning Networks. **Journal of Electrical Engineering and Technology**, 1 jan. 2022.

GOVINDARAJ, M.; VETRIVENTHAN, M.; SRINIVASA, M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. **Genetics Research International**, 2015.

HABIBA, R.M.M.; EL-DIASTY, M.Z.; ALY, R.S.H. Combining abilities and genetic parameters for grain yield and some agronomic traits in maize (*Zea mays* L.). **Beni-Suef University Journal of Basic and Applied Sciences**, v. 11, n. 108, 2022.

HALLAUER, A. L; CARENA, M. J. Recurrent selection methods to improve germplasm in maize. **Maydica**, v. 57, n. 4, 2012.

HERRERA-CABRERA, B. E. *et al.* Superior populations within the maize diversity from eastern state of México. **Fitotecnia Mexicana**, 2013.

INCOGNITO, S. J. P. *et al.* Breeding potential of elite maize landraces to improve forage yield and quality of two heterotic patterns. **Crop Science**, v. 53, n. 1, p. 121-131, 2013.

INMET. **Consulta Dados da Estação Automática**: Novo Horizonte (SC). 2019. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/sonabra/pg_dspDadosCodigo_sim.php?QTgxNg==> Acesso em: 28 jun. 2019.

INPE - Instituto Nacional de Pesquisas. **Divisão de Processamento de Imagens**. Disponível em: http://www.dpi.inpe.br/Ambdata/unidades_administrativas.php. Acesso em: 02 dez. 2022.

JIANG, F. *et al.* Impact of donor QTL on grain yield and gray leaf spot of four recombinant inbred lines of maize. **Crop Science**, v. 60, n. 2, p. 841–851, 1 mar. 2020.

JOSHI, A. *et al.* Responses of maize × teosinte derived backcross inbred lines (BILs) to maydis leaf blight (MLB) disease. **Euphytica**, v. 217, n. 12, 28 nov. 2021.

KAMWERU, I. *et al.* Genetic analyses of tropical maize lines under artificial infestation of fall armyworm and foliar diseases under optimum conditions. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, 20 jan. 2023.

KIBE, M. *et al.* Genetic Dissection of Resistance to Gray Leaf Spot by Combining Genome-Wide Association, Linkage Mapping, and Genomic Prediction in Tropical Maize Germplasm. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, 2 nov. 2020.

KIST, V. *et al.* Genetic potential of a maize population from Southern Brazil for the modified convergent–divergent selection scheme. **Euphytica**, v. 176, n. 1, p. 25-36, 2010.

KIST, V. *et al.* Genetic variability for carotenoid content of grains in a composite maize population. **Scientia Agricola**, v. 71, n. 6, p. 480-487, dez. 2014.

KISTNER, M. B. *et al.* Multi-parental QTL mapping of resistance to white spot of maize (*Zea mays*) in southern Brazil and relationship to QTLs of other foliar diseases. **Plant Breeding**, v. 140, n. 5, p. 801–811, 1 out. 2021.

KUHNEN, S. *et al.* Carotenoid and anthocyanin contents of grains of Brazilian maize landraces. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 91, n. 9, p. 1548-1553, 28 mar. 2011.

KUMAR, B. *et al.* Maydis leaf blight of maize: update on status, sustainable management and genetic architecture of its resistance. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, v. 121, p. 101889, set. 2022.

KUTKA, F. *et al.* Open-Pollinated vs. Hybrid Maize Cultivars. **Sustainability**, v. 3, n. 9, p. 1531-1554, 2011.

LANA, M. A. *et al.* Yield stability and lower susceptibility to abiotic stresses of improved open-pollinated and hybrid maize cultivars. **Agronomy for Sustainable Development**, v. 37, n. 4, 1 ago. 2017.

LANGNER, J. A. *et al.* Maize: Key agricultural crop in food security and sovereignty in a future with water scarcity. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 23, n. 9, p. 648–654, 1 set. 2019.

LATTERELL, F.M. ROSSI, A. **Gray leaf spot of corn**: disease on the move. *Plant Disease*, v. 67, n. 8, p. 842-847, 1983.

LI, Z. W. *et al.* Combining ability analysis of RILs developed from a YML32 × Q11 cross for grain yield and resistance to gray leaf spot. **Crop Science**, v. 58, n. 3, p. 1070–1081, 1 maio 2018.

LOPES, S.J. *et al.* Relações de causa e efeito em espigas de milho relacionadas aos tipos de híbridos. **Ciência Rural**, v. 37, p. 1536-1542, 2007.

LUCA, D. *et al.* Conservation and genetic characterisation of common bean landraces from Cilento region (southern Italy): high differentiation in spite of low genetic diversity. **Genetica**, v. 146, n. 1, p. 29-44, 13 out. 2017.

LYIMO, H. J. F. *et al.* Heritability and gene effect estimates for components of partial resistance to grey leaf spot of maize by generation mean analysis*. **Plant Breeding**, v. 130, n. 6, p. 633-639, 24 ago. 2011.

LYIMO, H. J. F.; PRATT, R. C.; MNYUKU, R. S. O. W. An effective integrated crop management strategy for enhanced maize production in tropical agroecosystems prone to gray leaf spot. **Crop Protection**, v. 41, p. 57–63, nov. 2012.

MACHADO, A. T.; MACHADO, C. T. T.; NASS, L. L. Manejo da diversidade genética e melhoramento participativo de milho em sistemas agroecológicos. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 6, n. 1, jun. 2011.

MACHIDA, L. *et al.* Exploration of farmers' preferences and perceptions of maize varieties: Implications on development and adoption of quality protein maize (QPM) varieties in Zimbabwe. **Journal of Sustainable Development**, v. 7, n. 2, p. 194–207, 2014.

MALLOWA, S. O. *et al.* Effect of maize hybrid and foliar fungicides on yield under low foliar disease severity conditions. **Phytopathology**, v. 105, n. 8, p. 1080–1089, 1 ago. 2015.

MANSILLA, P. S. *et al.* Agronomic and chemical description of open-pollinated varieties of opaque-2 and purple maize (*Zea mays* L.) adapted to semiarid region of Argentina. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 13 fev. 2021.

MASONI, A. *et al.* Constitution of composite cross maize (*Zea mays* L.) populations selected for the semi-arid environment of south Madagascar. **Agronomy**, v. 10, n. 1, 2019.

MAULANA, H. *et al.* Heritability and Selection Using GGE Biplots and the Sustainability Index (SI) of Maize Mutants under Different Cropping Systems in Upland. **Sustainability**, v. 15, n. 8, 2023.

MONTEMARANI, A. *et al.* Influence of crop residues, matric potential and temperature on growth of *Exserohilum turcicum* an emerging maize pathogen in Argentina. **Letters in Applied Microbiology**, v. 67, n. 6, p. 614–619, 1 dez. 2018.

MUELLER, D. S. *et al.* Corn yield loss estimates due to diseases in the United States and Ontario, Canada, from 2016 to 2019. **Plant Health Progress**, v. 21, p. 238–247, 2020.

MULATO, B. M. **Diversidade genética em germoplasma de soja identificada por marcadores por marcadores SSR, EST-SSR e caracteres agromorfológicos.** 2009. 87 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Ciências, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

MULLER, M. F. *et al.* *Cercospora zeina* from maize in South Africa exhibits high genetic diversity and lack of regional population differentiation. **Phytopathology**, v. 106, n. 10, p. 1194–1205, 1 out. 2016.

NEVES, D. L. *et al.* *Cercospora zeina* is the main species causing gray leaf spot in southern and central Brazilian maize regions. **Tropical Plant Pathology**, v. 40, n. 6, p. 368–374, 1 dez. 2015.

NEVES, D. L.; BRADLEY, C. A. Baseline sensitivity of *Cercospora zeae-maydis* to pydiflumetofen, a new succinate dehydrogenase inhibitor fungicide. **Crop Protection**, v. 119, p. 177–179, 1 maio 2019.

- NIKS, R. E.; QI, X.; MARCEL, T. C. Quantitative Resistance to Biotrophic Filamentous Plant Pathogens: Concepts, Misconceptions, and Mechanisms. **Annual Review of Phytopathology**, v. 53, p.445-470, 2015.
- NYANAPAH, J. O. *et al.* Field characterization of partial resistance to gray leaf spot in elite maize germplasm. **Phytopathology**, v. 110, n. 10, p. 1668–1679, 1 out. 2020.
- NYANAPAH, J. O. *et al.* Genetic association of agronomic traits with partial resistance to gray leaf spot in elite maize germplasm. **Crop Science**, 1 nov. 2022.
- OGLIARI, J. B.; KIST, V.; CANCI, A. The participatory genetic enhancement of a local maize variety in Brazil. In: BOEF, W. S. *et al.* **Community Biodiversity Management: promoting resilience and the conservation of plant genetic resources**. London: 2013.
- OGUNNIYAN, D. J.; OLAKOJO, S. A. Genetic variation, heritability, genetic advance and agronomic character association of yellow elite inbred lines of maize (*Zea mays* L.). **Nigerian Journal of Genetics**, v. 28, n. 2, p. 24-28, 2014.
- OWUSU EY *et al.* Genetic variability, heritability and correlation analysis among maturity and yield traits in Cowpea (*Vigna unguiculata* (L) Walp) in Northern Ghana. **Heliyon**, v. 7, n. 9, 2021.
- PAUL, P.A.; MUNKVOLD, G.P. Influence of temperature and relative humidity on sporulation of *Cercospora zeae-maydis* and expansion of gray leaf spot lesions on maize leaves. **Plant Disease**, v.89, p.624-630, 2005.
- PEREIRA, H. S. *et al.* Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v. 214, n. 1, 16 dez. 2017.
- PIMENTEL, A. J. B. *et al.* Estimaco de parmetros genticos e predico de valor gentico aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuria Brasileira**, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.
- PINTO, D. A. *et al.* Caractersticas agronmicas de milho em funo de diferentes espaamentos entre linhas de semeadura. **Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada nas Cincias Agrrias**, v. 12, n. 1, 2019.
- PIXLEY, K. V.; DHLIWAYO, T.; TONGOONA, P. Improvement of a maize population by full-sib selection alone versus full-sib with selection during inbreeding. **Crop Science**, v. 46, n. 3, p. 1130-1136, 2006.
- POLAND, J. A. *et al.* Shades of gray: the world of quantitative disease resistance. **Trends In Plant Science**, v. 14, n. 1, p. 21-29, 2009.
- PUGLISI, D. *et al.* Traditional farmers' varieties: a valuable source of genetic variability for biofortification programs. **Maydica**, v. 63, n. 2, 2018.

QI-LUN, Y. *et al.* Genetic diversity based on SSR markers in maize (*Zea mays* L.) landraces from Wuling mountain region in China. **Journal of Genetics**, v. 87, n. 3, p. 287-291, 3 out. 2008.

RAHMAN, S. *et al.* Assessing genetic diversity of Maize (*Zea mays* L.) genotypes for agronomic traits. **Research in Agriculture Livestock and Fisheries**, v. 2, n. 1, 2015.

RAWAL, S. *et al.* Agromorphological Characterization of Maize Hybrids and Estimation of Genetic Parameters in Mid-Hills of Far-West Nepal. **Advances in Agriculture**, 2023.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M.D.V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330-339, 2016.

RESENDE, M. D. V. *et al.* Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 1-31, 2020.

RIOS, S. A. *et al.* Análise de trilha para carotenoides em milho. **Revista Ceres**, v. 59, n. 3, p. 368-373, 2012.

RIVAS, J. G. *et al.* Morphological and genetic diversity of maize landraces along an altitudinal gradient in the Southern Andes. **Plos One**, v. 17, n. 12, 2022.

SAITO, B. C. *et al.* Adaptability and stability of corn inbred lines regarding resistance to gray leaf spot and northern leaf blight. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, n. 2, p. 148-154, abr. 2018.

SANGOI, L. *et al.* Sustentabilidade do colmo em híbridos de milho de diferentes épocas em função da densidade de plantas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 1, n. 2, p. 60-66, 2002.

SANGOI, L.; SILVA, P. R. F. Crescimento, desenvolvimento e épocas de semeadura. In: WORDELL FILHO, J. A.; CHIARADIA, L. A. **A cultura do milho em Santa Catarina**. 3. ed. Florianópolis: Epagri, 2016a. Cap. 2. p. 25-83.

SANGOI, L.; SILVA, P. R. F. Estratégias de manipulação do arranjo de plantas e desempenho agrônômico do milho. In: WORDELL FILHO, J. A.; CHIARADIA, L. A. **A cultura do milho em Santa Catarina**. 3. ed. Florianópolis: Epagri, 2016. Cap. 3. p. 85-121.

SASSE, S. **Caracterização de variedades locais de milho procedentes de Anchieta – SC quanto à resistência a *Exserohilum turcicum***. 2008. 101 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2008.

SAVARY, S. *et al.* The global burden of pathogens and pests on major food crops. **Nature Ecology and Evolution**, v. 3, n. 3, p. 430–439, 1 mar. 2019.

SBCS (Sociedade Brasileira De Ciência Do Solo) – Núcleo Regional Sul. Comissão de Química e Fertilidade do Solo do Estado do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. **Manual de calagem e adubação**: para os estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. 11. ed.: NRS, 2016. 376 p.

SHELTON, A.; TRACY, W. Recurrent Selection and Participatory Plant Breeding for Improvement of Two Organic Open-Pollinated Sweet Corn (*Zea mays* L.) Populations. **Sustainability**, v. 7, n. 5, p. 5139-5152, 27 abr. 2015.

SIBIYA, J. *et al.* Genetic analysis and genotype × environment (G × E) for grey leaf spot disease resistance in elite African maize (*Zea mays* L.) germplasm. **Euphytica**, v. 185, n. 3, p. 349–362, jun. 2012.

SIBIYA, J. *et al.* Smallholder farmers perceptions of maize diseases, pests, and other production constraints, their implications for maize breeding and evaluation of local maize cultivars in KwaZulu-Natal, South Africa. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 17, p. 1790-1798, 9 maio 2013.

SILVA, N. C. A. *et al.* Relationships among American popcorn and their links with landraces conserved in a microcenter of diversity. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 67, n. 7, p. 1733-1753, 2020.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R. Plant breeding selection tools built on factor analytic mixed models for multi-environment trial data. **Euphytica**, v. 214, n. 8, 2018.

SOHAIL, A. *et al.* Genetic variability, heritability and correlation studies in half sib recurrent families of cimmyt maize population CZP-132011. **Journal of Agricultural and Biological Science**, v. 13, n. 10, p. 106-112, 2018.

SOUZA, R. *et al.* Identification of alleles for sweet phenotype in local corn varieties in southern Brazil. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 4, 2021.

SOUZA, T. V. *et al.* Relações entre componentes de rendimento e características morfológicas de milho. **Magistra**, v. 26, p. 495-506, 2014.

SPEZZATTO, J. *et al.* Análise da produtividade de carotenoides em variedades locais de milho. In: SILVA-MATOS, R. R. S. da; MELO, G. S.; RODRIGUES, B. E. L. (org.). **Desenvolvimento rural e processos sociais nas ciências agrárias**. Ponta Grossa: Atena, 2022. p. 34-44.

SSERUMAGA, J. P. *et al.* Grain-yield stability among tropical maize hybrids derived from doubled-haploid inbred lines under random drought stress and optimum moisture conditions. **Crop and Pasture Science**, v. 69, n. 7, p. 691–702, 2018.

STAGNATI, L. *et al.* Microsatellite and morphological characterization of three Rostrato di Val Chiavenna (Sondrio, Italy) maize (*Zea mays* L.) accessions. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 68, p. 3025 -3038, 2021.

TELENKO, D. E. P.; RAVELLETTE, J. D.; WISE, K. A. Assessing late vegetative and tasseling fungicide application timings on foliar disease and yield in Indiana Corn. **Plant Health Progress**, n. 21, p. 224–229, 2020.

TROYJACK, C. *et al.* Productive performance and multivariate interrelations of open pollinated and hybrid maize in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 3, jul. 2019.

VAN GIOI, H. *et al.* Variable level of dominance of candidate genes controlling drought functional traits in maize hybrids. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, 9 jun. 2017.

VIANA, J. M. S. *et al.* Breeding strategies for recurrent selection of maize. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 10, p. 1383-1391, 2007.

VIEIRA, R. *et al.* Diallel analysis of leaf disease resistance in inbred Brazilian popcorn cultivars. **Genetics and Molecular Research**, v.8, n. 4, 2009.

VIEIRA, R. A. *et al.* The breeding possibilities and genetic parameters of maize resistance to foliar diseases. **Euphytica**, v. 185, n. 3, p. 325-336, 26 maio 2011.

VIGOUROUX, Y. *et al.* Population structure and genetic diversity of New World maize races assessed by DNA microsatellites. **American Journal of Botany**, v. 95, n. 10, p. 1240-1253, 2008.

VILAS BOAS, S. A. *et al.* Sources of resistance to cassava root rot caused by *Fusarium* spp.: a genotypic approach. **Euphytica**, v. 209, n. 1, p. 237-251, 11 mar. 2016.

VILLA, T. C. C. *et al.* Defining and identifying crop landraces. **Plant Genetic Resources**, v. 3, n. 3, p. 373-384, dez. 2005.

VIVEK, B. S. *et al.* Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of 12 African maize (*Zea mays* L.) inbred lines. **Euphytica**, v. 172, p.329–340, 2010.

WANG, J.; HU, X. Research on corn production efficiency and influencing factors of typical farms: Based on data from 12 corn-producing countries from 2012 to 2019. **Plos One**, v. 16, n. 7 July, 1 jul. 2021.

WANG, X. *et al.* Evaluation of maize inbred lines currently used in Chinese breeding programs for resistance to six foliar diseases. **Crop Journal**, v. 2, n. 4, p. 213–222, 1 ago. 2014.

WANI, S. H. *et al.* Back to the wild: mining maize (*Zea mays* L.) disease resistance using advanced breeding tools. **Molecular Biology Reports**, v. 49, p. 5787-5803, 2022.

WARD, J. M. J. *et al.* Gray leaf spot – A disease of global importance in maize production. **Plant Disease**, v.83, p.884-895, 1999.

WEBBER, H. *et al.* Diverging importance of drought stress for maize and winter wheat in Europe. **Nature Communications**, v. 9, n. 1, 1 dez. 2018.

WISE, K. A. *et al.* Meta-analysis of yield response of foliar fungicide-treated hybrid corn in the United States and Ontario, Canada. **PLoS ONE**, v. 14, n. 6, 1 jun. 2019.

WORDELL FILHO; STADNIK. Cercosporiose do milho: desafio para os produtores de Santa Catarina. **Agropecuária Catarinense**, v. 22, n. 1, mar. 2009.

YANG, N. *et al.* New genomic approaches for enhancing maize genetic improvement. **Current Opinion In Plant Biology**, v. 60, abr. 2021.

ZEVEN, A. C. *et al.* Landraces: a review of definitions and classifications. **Euphytica**, v. 104, n. 2, p. 127-139, 1998.