

ANÁLISE PRELIMINAR DE GERMOPLASMA DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO DO SUL DO BRASIL

LUÍS CARLOS VIEIRA¹, MIGUEL PEDRO GUERRA²
e JOSÉ FERNANDES BARBOSA NETO³

¹ Centro de Pesquisas para Agricultura Familiar, EPAGRI,

Serv. Ferdinando Tusset S/N, Caixa Postal 791, Chapecó, SC, Brasil, CEP 89801-970, lcvieira05@yahoo.com.br

² Universidade Federal Santa Catarina, Departamento de Fitotecnia,

Rodovia Admar Gonzaga 1346, Florianópolis, SC, Brasil, CEP 88034-001, mpguerra@cca.ufsc.br

³ Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Departamento de Plantas de Lavoura,

Av. Bento Gonçalves 7712, Porto Alegre, RS, Brasil, CEP 91540-000, jfbn@ufrgs.br

Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.15, n.3, p. 557-571, 2016

RESUMO - O desenvolvimento de genótipos de milho com adaptação à região sul do Brasil requer a identificação de variabilidade genética, assim sendo, o objetivo deste trabalho foi caracterizar variedades crioulas de milho coletadas no estado de Santa Catarina e verificar sua possível contribuição para programas de melhoramento genético. No total foram avaliados 42 genótipos de milho para 33 caracteres fenotípicos e 16 microsátélites. A análise de variância sugeriu a presença de variabilidade genética em 17 dos 24 caracteres quantitativos avaliados, indicando que as populações testadas poderiam contribuir efetivamente para o melhoramento genético do milho no sul do Brasil. De maneira geral, as variedades crioulas exibiam grãos dentados ou semi-dentados de coloração amarela, branca ou laranja. A estatura de planta e a inserção da primeira espiga foram elevadas e o comportamento médio de produtividade de grãos das variedades crioulas foi de 2709 kg/ha, sendo baixo na comparação com variedades melhoradas. As populações analisadas não representam contribuição importante em termos de produtividade de grãos, mas podem fornecer alelos para o melhoramento de diversos caracteres agrônômicos de importância para a cultura do milho no sul do Brasil.

Palavras-chave: Variabilidade genética, Caracteres morfológicos, Marcadores moleculares, *Zea mays*.

PRELIMINARY ANALYSIS OF MAIZE LANDRACES GERMPLASM FROM SOUTHERN BRAZIL

ABSTRACT - Genotype development for Southern Brazil requires identification of genetic variability. The objective of this study was to characterize maize landraces collected in Santa Catarina State and to assess its possible contribution to plant breeding programs. A total of 42 maize genotypes was evaluated for 33 phenotypic traits and 16 microsatellites. Analysis of variance suggested the presence of genetic variability in 17 of the 24 quantitative traits evaluated, indicating that the populations tested could effectively contribute for the genetic improvement of maize in southern Brazil. In general, the landraces exhibited dent or semi-dent yellow, white or orange grains. Plant height and first ear insertion were high and the average grain yield was 2709 kg/ha, which is low when compared to improved varieties. The different populations may not have important contribution in terms of grain yield, but they may provide alleles for the adjustment of several agronomic traits of corn in southern Brazil.

Keywords: Genetic variability, Morphological traits, Molecular markers, *Zea mays*.

A cultura do milho está presente na maioria das pequenas propriedades familiares do Sul do Brasil, que apresenta uma área cultivada de mais de três milhões de hectares e cuja produção alcança, aproximadamente, 17 milhões de toneladas (IBGE, 2011). Sua importância deve ser considerada sob os aspectos social e econômico e ainda sob o ponto de vista da preservação da agrobiodiversidade. Pela ótica social, porque é produzido por mais de 500.000 famílias rurais e, do ponto de vista econômico, porque é importante insumo para a agroindústria brasileira. Quanto à preservação da agrobiodiversidade, devido à opção de grupos de agricultores pelo cultivo de variedades tradicionais de milho e pela conservação *on farm*. O desenvolvimento de variedades modernas de milho tem sido associado à obtenção de produtividades máximas, estabilidade na produção, ciclo mais precoce, maior dureza dos grãos e aumento da densidade de plantas por área, pouco ou não valorizando caracteres de adaptabilidade das variedades tradicionais, locais ou primitivas (Machado, 1998). Como consequência, há uma redução da variabilidade genética, o que se reflete na maior suscetibilidade a pragas e doenças, além de maiores exigências nos balanços hídrico e nutricional (Von Der Weid & Soares, 1998).

Assim, é importante o desenvolvimento de genótipos de milho com adaptação para o Sul do Brasil, sendo necessário que o melhorista de plantas identifique variabilidade genética para caracteres adaptativos e de importância agrônômica. A cultura do milho apresenta uma extensa variabilidade genética em variedades crioulas no Sul do Brasil (Ogliari et al., 2007; Wiethölter et al., 2008). Estas variedades mantêm variabilidade genética acumulada ao longo dos processos de domesticação e de seleção efetuada pelos agricultores, sendo fontes importantes de alelos para programas de melhoramento genético. Essa

diversidade constitui um reservatório para os programas de melhoramento; no entanto, para que esta categoria de germoplasma possa ser efetivamente utilizada, é fundamental a caracterização sistemática e eficiente desta variabilidade genética conservada pelos agricultores (conservação *on farm*) ou pelos Bancos Ativos de Germoplasma (conservação *ex situ*) (Zeven, 1998).

A avaliação de variabilidade genética em milho tem sido realizada de diferentes formas, seja por meio de caracteres fenotípicos (Andrade et al., 2002; Carpentieri-Pípolo et al., 2003) ou marcadores moleculares (Reif et al., 2003; Wiethölter et al., 2008; Kuhnen, 2007). De maneira geral, os resultados têm indicado elevada variabilidade genética entre e dentro de populações de milho, sugerindo combinações para a realização de cruzamentos e auxiliando na caracterização do germoplasma disponível. No entanto, é importante destacar que marcadores fenotípicos e moleculares constituem técnicas distintas e não apresentam elevada correlação, sendo, portanto, complementares para a análise de germoplasma. O uso de marcadores moleculares em conjunto com a avaliação morfológica auxilia na pré-seleção de germoplasma pela avaliação direta de seu DNA de forma rápida e segura (Barbosa Neto & Bered, 1998).

O objetivo deste trabalho foi analisar a variabilidade genética de variedades crioulas de milho coletadas em Santa Catarina, determinando relações de similaridade e possíveis contribuições em termos de caracteres adaptativos e agrônômicos de interesse dos melhoristas.

Material e Métodos

O germoplasma avaliado foi obtido junto ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa

Milho e Sorgo (Sete Lagoas, MG), com exceção de duas variedades de polinização aberta (VPAs), denominadas Catarina e Fortuna, desenvolvidas pela Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri). No total, foram avaliadas 39 variedades crioulas de milho coletadas em Santa Catarina, duas VPAs e uma população de milho Tuxpeño de origem mexicana. Os genótipos recebidos do BAG da Embrapa foram submetidos primeiramente à multiplicação a campo com controle de polinização (20 genótipos na safra 2007/08 e 24 na safra 2008/09), para ampliar a quantidade e uniformizar a qualidade das sementes. Os experimentos foram conduzidos em área do Centro de Pesquisas para Agricultura Familiar – Cepaf/Epagri (Chapecó, SC) nas safras 2008/09 e 2009/10 em delineamento de blocos casualizados com três repetições, sendo as parcelas constituídas por duas linhas de 5 m, espaçadas em 0,90 m, com 25 plantas/linha. O solo da área experimental é classificado como Latossolo vermelho distrófico e o manejo da lavoura foi realizado conforme recomendações técnicas para a cultura do milho.

Um total de 33 caracteres fenotípicos foi avaliado conforme descrito por Paterniani & Goodman (1977). Estes caracteres estavam divididos em quatro grandes grupos: planta, pendão, espiga e grão. i) Da planta (dez plantas competitivas): dias para florescimento masculino (FM) - dias da emergência até a emissão do pendão em 50% das plantas; dias para florescimento feminino (FF) – dias da emergência até a emissão do estigma; estatura de planta (EST) – distância do solo até a inserção do pendão (em cm); inserção de espiga (IESP) – distância do solo até inserção da primeira espiga (em cm); número de folhas/planta (NFL); comprimento (CFL) e largura de folha (LFL); contagem do número de veias na metade do comprimento da folha da espiga (NV); percentagem

de plantas quebradas (QUEB); e produtividade de grãos por ocasião da colheita e corrigida para 13% de umidade (PrGR). ii) Do pendão (cinco pendões): comprimentos (em cm) do pedúnculo (CPED), do pendão (CP) e do espaço de ramificação da espiguetta central (CR); e contagem do número de ramificações (NR). iii) Da espiga (cinco espigas): comprimento de espiga (CESP); contagem do número de fileiras de grãos na espiga (NFIL); contagem do número de grãos/fileira (NGF); arranjo das fileiras (ARFIL); cor do sabugo (CS); formato das espigas (FESP); diâmetros (em cm) da espiga medido na metade do comprimento da espiga (DESP), do sabugo (DSAB) e da medula do sabugo (DMED); nota de empalhamento (EMP); pesos médios de espiga (PESP) e de grãos/espiga (PGESP). iv) Do grão (cinco grãos): dimensões do grão (mm): comprimento (CGR), largura (LGR) e espessura do grão (EGR); tipo de grão (TG) – avaliação visual da aparência externa dos grãos; cor de grão (COR) – avaliação visual das cores dos grãos sem uso de escala; formato de grão (FG) – avaliação visual do formato; e peso de 1.000 grãos (P1000).

Os dados quantitativos coletados nos ensaios com repetições foram submetidos à análise de variância conjunta para os dois anos com o programa estatístico R (R Development Core Team, 2008) e as médias separadas por teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. O modelo de análise de variância utilizado foi $X_{ijk} = m_{...} + r_k + a_i + b_j + (ab)_{ij} + e_{ijk}$, onde X_{ijk} = observação do caráter para o tratamento i , ano j e repetição k ; $m_{...}$ = média geral do experimento; r_k = efeito aleatório da repetição k ; a_i = efeito fixo do genótipo i ; b_j = efeito aleatório do ano j ; $(ab)_{ij}$ = efeito da interação genótipo x ano e e_{ijk} = erro $\sim N(0, s^2)$. Alguns caracteres não foram medidos nos dois anos de experimentação. Adicionalmente, os dados fenotípicos foram agrupados no Índice de Similaridade de

Gower, o qual leva em consideração variáveis quantitativas e qualitativas conjuntamente, cujas estimativas foram realizadas com o programa estatístico R, através dos pacotes *vegan* e *StatMatch*.

A análise molecular foi realizada no Laboratório de Biologia Molecular do Departamento de Plantas de Lavoura da Universidade Federal do Rio Grande do Sul. O DNA foi extraído das raízes de 20 plântulas, em bulk, segundo o protocolo de Murray e Thompson (1980). As amplificações de 16 marcadores microssatélites foram realizadas conforme Liu et al. (2003), utilizando um programa do tipo 'touch-down'. Os fragmentos de DNA amplificados foram submetidos à eletroforese em cuba vertical em gel de poliacrilamida e os fragmentos corados em solução de nitrato de prata. A distância genética foi estimada pelo Índice de Similaridade de Jaccard e os genótipos agrupados pelo modelo hierárquico aglomerativo da média entre pares não ponderados (UPGMA). As estimativas de distância genética obtidas com base nos caracteres fenotípicos e nos marcadores moleculares foram correlacionadas através da estatística normalizada de Mantel. Estas análises foram também realizadas com o programa estatístico R, com o pacote *vegan*.

Resultados e Discussão

As populações de milho foram coletadas em diferentes localidades de Santa Catarina e exibiam, em sua grande maioria, grãos dentados ou semidentados de coloração amarela, branca ou laranja (Tabela 1). Poucos exemplares exibiram grãos duros, típico de milho cateto (Paterniani & Goodman, 1977). Pelo menos seis populações tinham denominação de cateto e apresentavam grãos semidentados; essas populações, denominadas Cateto Assis Brasil, são, prova-

velmente, originárias de um cruzamento entre cateto e canário de ocho (Paterniani & Goodman, 1977). Essa sub-raça Cateto Assis Brasil tem espigas com menos fileiras e grãos maiores do que o cateto. Uma variedade denominada comumente de SC005 foi a única que apresentou grãos opacos.

A análise de variância indicou significância para 17 dos 24 caracteres fenotípicos analisados, sugerindo a presença de variabilidade genética nas populações crioulas coletadas no estado de Santa Catarina (Tabela 2). Os caracteres dias para florescimentos masculino e feminino foram avaliados visualmente em apenas uma parcela, não podendo ser analisados estatisticamente. Os efeitos de tratamento para os caracteres comprimento de folha, número de veias na folha, comprimentos do pendão, do pedúnculo e do espaço de ramificação da espiguetta central, número de ramificações e percentagem de quebraamento não alcançaram significância estatística, o que pode ser devido à seleção inconsciente praticada pelos agricultores ou pela medição inadequada dos caracteres. De maneira geral, estes resultados permitem inferir que as populações avaliadas apresentam elevada divergência genética entre si, podendo contribuir efetivamente em programas de melhoramento genético do milho no Sul do Brasil, caso apresentem caracteres de relevância para esses programas.

As variedades crioulas testadas revelaram estatura acima de 2 m, com exceção da SC025, da SC026 e da variedade exótica Tuxpeño, e inserção de espiga no terço superior das plantas (Tabela 3). As elevadas estatura e inserção de espigas da maioria dos genótipos avaliados são comumente encontradas nesse tipo de germoplasma, com pequena variação (Araújo & Nass, 2002; Sánchez et al., 2007; Wiethölter et al., 2008). Plantas altas têm maior suscetibilidade ao

Tabela 1. Genótipo e características de populações de milho avaliadas em Chapecó, SC.

Genótipo	Nome comum	Raça/característica	Coleta	Fileiras	Tipo de grão	Cor de grão
Catarina	-	-	-	Direito	Semidentado	Amarelo
Fortuna	-	Semidentado	-	Direito	Semidentado	Amarelo
SC004	Palha Roxa 4	Dentado	Chapecó	Direito	Dentado	Amarelo
SC006	Palha Fina 6	Dentado	Chapecó	Irregular	Dentado	Amarelo
SC009	Comum rosado	-	Á. de Chapecó	Espiral	Dentado	Amarelo
SC011	Cunha 11	Cravo	S. M. do Oeste	Irregular	Dentado	Amarelo
SC012	Branco dentado	Dentado Branco	S. M. do Oeste	Irregular	Dentado	Branco
SC013	Palha Roxa 13	Dentado	S. M. do Oeste	Direito	Dentado	Branco
SC017	Palha roxa	Dentado	S. M. do Oeste	Espiral	Dentado	Amarelo
SC018	Caiano 18	Dentado	S. M. do Oeste	Direito	Dentado	Amarelo
SC021	Cunha branco	Dentado Branco	S. M. do Oeste	Espiral	Dentado	Branco
SC050	-	Dentado	Chapecó	Direito	Dentado	Variegado
SC099	-	Dente Riograndense	Chapecó	Irregular	Semidentado	Branco
SC100	-	Cristal Sulino	Chapecó	Espiral	Duro	Amarelo
SC103	Cunha	Dentado	Piratuba	Direito	Dentado	Amarelo
SC104	Palha Roxa	-	Piratuba	Direito	Dentado	Variegado
SC105	Domann	-	Concórdia	Espiral	Dentado	Amarelo
SC107	Paulista	-	Ipira	Espiral	Dentado	Amarelo
SC108	Ourinho	-	Concórdia	Direito	Dentado	Amarelo
SC110	Caçador roxo	-	Caçador	Direito	Semiduro	Variegado
SC005	-	Dentado Branco	Chapecó	Espiral	Opaco	Branco
SC025	-	Cateto Assis Brasil	Itajaí	Irregular	Semidentado	Variegado
SC026	-	Cateto Assis Brasil	Porto Belo	Espiral	Semidentado	Amarelo
SC031	-	Dentado Paulista	Tubarão	Espiral	Dentado	Amarelo
SC034	-	Cateto Assis Brasil	Tubarão	Espiral	Duro	Laranja
SC035	-	Cateto Assis Brasil	Tubarão	Irregular	Semidentado	Amarelo
SC037	-	Dentado Paulista	Tubarão	Espiral	Semidentado	Amarelo
SC039	-	Cateto Assis Brasil	Urussanga	Direito	Semidentado	Amarelo
SC040	-	Dentado	Araranguá	Irregular	Dentado	Vermelho
SC041	-	Dente Riograndense	Araranguá	Espiral	Semidentado	Vermelho
SC048	-	Dentado	Rio do Sul	Irregular	Dentado	Variegado
SC055	-	Cateto Assis Brasil	Tubarão	Espiral	Semiduro	Laranja
SC060	-	Cateto	Tubarão	Irregular	Semidentado	Amarelo
SC062	-	Cateto Sulino	Lages	Irregular	Duro	Laranja
SC063	-	Duro Laranja	Rodeio	Espiral	Duro	Laranja
SC075	-	Dentado	Turvo	Espiral	Dentado	Amarelo
SC079	-	Dentado	Indaial	Irregular	Dentado	Amarelo
SC090	-	Dente Riograndense	Canelinha	Irregular	Semidentado	Amarelo
SC091	-	Dente Riograndense	Tubarão	Irregular	Semidentado	Amarelo
SC092	-	Dentado Paulista	Lages	Direito	Dentado	Amarelo
SC098	-	Dentado Paulista	Joaçaba	Irregular	Dentado	Amarelo
Tuxpeño	-	Semidentado Branco	-	Irregular	Semidentado	Branco

Tabela 2. Resumo da análise de variância para os caracteres comprimento de espiga (CESP), número de fileiras de grãos (NFIL), número de grãos/fileira (NGF), diâmetros da espiga (DESP), do sabugo (DSAB) e da medula do sabugo (DMED), pesos médios de espiga (PESP) e de grãos/espiga (PGESP), comprimento (CGR), largura (LGR) e espessura de grão (EGR) e peso de 1.000 grãos (P1000), estatura de planta (EST), inserção de espiga (IESP), número de folhas/planta (NFL), comprimento (CFL) e largura de folha (LFL), número de veias (NV), produtividade de grãos (PrGR), percentagem de plantas quebradas (QUEB), comprimentos do pedúnculo (CPED), do pendão (CP) e do espaço de ramificação da espiguetta central (CR) e número de ramificações (NR).

	Bloco	Ano (A)	Genótipo (G)	A x G	Resíduo
GL	2	1	41	19	86
CESP	3,20	4,12	6,38**	1,56	1,74
NFIL	0,64	0,93	11,92**	0,28	1,28
NGF	10,37	64,77*	28,60**	21,56*	10,07
DESP	3,27	11,86	32,21**	1,27	4,27
DSAB	0,80	2,14	12,21**	0,95	2,87
DMED	0,07	31,42**	3,59**	0,43	0,97
PESP	2.729,10*	6.961,1**	2.301,40**	643,30	627,10
PGESP	2.309,00**	6.213,90**	1.379,90**	520,80	435,80
CGR	0,85	2,87**	2,71**	0,25	0,39
LGR	0,57	0,02	1,93**	0,14	0,20
EGR	0,12	0,24	0,42**	0,10	0,12
P1000	7.407,30**	9.219,90*	6.915,20**	1.626,80	1.366,20
EST	4.616,30**		830,30**		196,70
IESP	4.570,10**		576,20**		162,10
NFL	28,05**		3,38**		0,47
CFL	88,51*		58,17		32,93
LFL	0,55		0,91*		0,58
NV	5,63		3,26		2,25
PrGR	508.452,00		3.076.724,00**		378.102,00
QUEB	19,52		257,50		314,94
CPED	36,39		6,33		11,04
CP	260,74		33,17		49,08
CR	15,28		8,04		5,40
NR	28,04		50,91		36,38

*, ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

tombamento ou quebraimento, principalmente quando aliadas à elevada inserção da espiga e a uma menor resistência de colmo (Tollenaar et al., 1994). Este fato foi verificado no presente experimento, em que o quebraimento médio foi de aproximadamente 20%.

A área foliar é um importante indicador de crescimento e da produtividade de uma cultura (Gardner et al., 1985). Em uma comunidade de plantas, quando em situação de aumento de densidade de plantio, melhores rendimentos têm sido obtidos com plantas de folhas menores e mais estreitas (Tollenaar et al., 1997). O número de folhas variou de 15 a 20 e as médias de seu comprimento e largura foram de 98 cm e 10 cm, respectivamente. A variedade SC012 apresentou maior estatura de planta, maior número de folhas/planta e maior largura de folha. A variedade SC050, por sua vez, apresentou uma média de apenas 15 folhas/planta e uma das menores larguras de folha (Tabela 3).

Os caracteres morfológicos relacionados ao pendão não diferiram entre os genótipos testados (Tabela 2); entretanto, os caracteres de espiga demonstraram grande variação (Tabela 4). A variedade SC103 produziu espigas de maior diâmetro e com maior número de fileiras de grãos (média de 21 fileiras) e menor comprimento de espigas, enquanto que a variedade SC100 apresentou espigas mais finas, mais longas e com menor número de fileiras de grãos (média de 12 fileiras). Já a variedade SC104 caracterizou-se por ter espigas curtas, finas e leves. As variedades melhoradas Catarina e Fortuna demonstraram espigas longas de 15 a 16 fileiras e pesos superiores e a Fortuna ainda apresentou maior diâmetro (Tabela 4), o que parece refletir a seleção praticada para incrementar a produtividade de grãos nesses genótipos. Os valores encontrados para a maioria dos caracteres de pendão e espiga apresentaram amplitudes similares a outros

trabalhos (Paterniani & Goodman, 1977; Sánchez et al., 2007).

Os caracteres de florescimento foram avaliados em apenas uma repetição, não sendo, portanto, analisados estatisticamente. No entanto, foram observadas uma amplitude de 16 dias no florescimento masculino, Fortuna (67 dias) e SC012 (83 dias), e de apenas seis dias no florescimento feminino, SC012 (78 dias), Fortuna (72 dias), SC009 (72 dias) e SC103 (72 dias). De maneira geral, a emissão dos estigmas ocorreu antes do pendoamento em quase todos os genótipos avaliados, sendo que o período pendoamento-espigamento variou de -8 dias (SC009) a 5 dias (Fortuna). O genótipo mais precoce do grupo foi a população Fortuna e o mais tardio foi o SC012.

A amplitude observada nos caracteres de grãos revelou uma diferença percentual entre o maior e o menor valores de 37% para comprimento de grão (SC018 e SC 075 com 13,4 mm e SC100 com 9,8 mm), 55% para largura de grão (SC021 com 10,4 mm e SC103 com 6,7 mm) e 37% para espessura do grão (SC103 com 3,8 mm e SC110 com 5,2 mm). Quanto aos caracteres relacionados às dimensões dos grãos, foram observadas diferenças significativas entre os tratamentos, com média geral de 12,3 mm para comprimento de grão, 9,3 mm para largura de grão e 4,2 mm para espessura de grão (Tabela 5). O peso de 1.000 grãos variou de 232 g na variedade SC037 a 432 g na variedade SC110, com uma média geral de 333 g. Neste quesito, ainda podem ser destacadas as variedades SC021, SC104 e SC110, com valores de peso de 1.000 grãos acima de 400 g, as quais podem também ser indicadas em cruzamentos para a formação de populações de melhoramento com grãos mais pesados (Tabela 5).

Tabela 3. Genótipo, estatura de planta (EST), inserção de espiga (IESP), número de folhas/planta (NFL), comprimento (CFL) e largura de folha (LFL), número de veias (NV), comprimentos do pedúnculo (CPED), do pendão (CP) e do espaço de ramificação da espiguetta central (CR) e número de ramificações (NR).

Genótipo	EST (cm)	IESP (cm)	NFL	CFL (cm)	LFL (cm)	NV	CPED (cm)	CP (cm)	CR (cm)				
Catarina	200	C*	132	D	16	D	98,1	11,1	A	30	17,3	51,8	13,3
SC004	241	B	170	A	16	D	96,4	10,3	B	29	17,4	55,6	13,5
SC005	230	B	146	C	16	D	100,6	11,1	A	28	18,9	57,7	15,8
SC006	233	B	152	C	17	C	100,1	10,2	B	30	17,3	56,4	13,4
SC009	269	A	188	A	20	A	100,4	10,1	B	30	18,2	57,6	17,2
SC011	258	A	175	A	17	C	102,5	10,1	B	29	19,7	54,3	14,2
SC012	280	A	196	A	20	A	106,3	12,1	A	32	17,7	60,9	18,0
SC013	228	B	157	B	17	D	109,3	11,6	A	31	16,6	56,0	16,8
SC017	231	B	159	B	17	C	88,6	11,1	A	32	16,4	48,1	13,7
SC018	235	B	156	B	17	C	101,3	9,9	B	30	19,3	60,6	16,2
SC021	242	B	173	A	17	C	93,1	11,2	A	29	16,2	59,7	16,6
SC025	158	D	100	E	16	D	81,0	11,2	A	30	16,8	52,0	15,2
SC026	192	C	120	E	19	B	94,7	10,6	B	30	6,6	34,3	12,8
SC031	229	B	152	C	18	C	92,5	10,5	B	30	17,7	57,5	15,8
SC034	211	C	143	C	17	C	95,9	10,9	A	28	14,9	52,5	15,0
SC035	230	B	151	C	20	A	97,6	11,2	A	33	13,7	52,3	13,5
SC037	232	B	152	C	18	C	98,6	10,0	B	29	18,4	56,4	15,4
SC039	210	C	132	D	20	A	97,3	12,0	A	29	17,8	57,4	15,4
SC040	228	B	148	C	19	B	102,5	10,2	B	28	13,6	49,4	13,1
SC041	211	C	131	D	19	B	91,2	11,0	A	30	18,8	61,3	15,7
SC048	232	B	149	C	20	A	94,0	10,9	A	30	16,0	56,3	16,8
SC050	226	B	157	B	15	D	90,4	9,8	B	29	17,4	53,8	11,7
SC055	216	C	138	C	20	A	98,6	9,6	B	28	16,7	54,7	12,0
SC060	240	B	161	B	20	A	95,0	11,2	A	31	15,8	52,6	12,5
SC062	216	C	142	C	19	B	91,0	10,2	B	28	16,1	45,7	12,6
SC063	224	B	153	C	19	B	100,0	9,3	B	30	17,9	57,5	15,1
SC075	220	C	157	B	20	A	93,9	9,7	B	28	15,2	46,2	13,3
SC079	239	B	157	B	18	C	101,2	10,9	A	30	17,8	59,1	16,5
SC090	228	B	150	C	20	A	100,1	10,4	B	28	17,0	53,8	17,1
SC091	240	B	162	B	18	C	96,8	11,1	A	29	18,4	59,0	15,3
SC092	211	C	145	C	20	A	95,5	11,1	A	30	10,7	45,5	14,3
SC098	244	B	158	B	19	B	107,9	10,6	B	30	17,4	51,1	15,8
SC099	231	B	163	B	15	D	98,3	11,1	A	30	17,3	56,6	20,3
SC100	227	B	144	C	18	C	94,9	10,5	B	30	19,7	56,0	15,2
SC103	257	A	174	A	18	B	103,5	9,8	B	30	18,8	57,3	12,8
SC104	216	C	145	C	16	D	97,4	9,9	B	26	17,3	52,0	13,0
SC105	255	A	169	B	18	C	98,7	10,4	B	30	17,5	55,3	12,1
SC107	256	A	173	A	18	B	94,1	10,3	B	32	17,4	52,4	15,8
SC108	254	A	182	A	17	C	105,1	10,1	B	32	18,8	57,1	14,0
SC110	252	A	179	A	16	D	104,4	9,5	B	29	18,5	57,1	15,6
Tuxpeño	191	C	116	E	19	B	99,6	11,5	A	31	19,0	52,8	14,1
Média	229		154		18		97,8	10,6		30	16,9	54,2	14,8

* Médias seguidas de mesma letra não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 4. Genótipo, comprimento de espiga (CESP), número de fileiras de grãos (NFIL), número de grãos/fileira (NGF), diâmetros da espiga (DESP), do sabugo (DSAB) e da medula do sabugo (DMED) e peso médio de espiga (PESP).

Genótipo	CESP (cm)	NFIL	NGF	DESP (mm)	DSAB (mm)	DMED (mm)	PESP (g)
Catarina	17,9 A*	15 C	33 A	48,1 B	31,8 A	9,2 A	220
Fortuna	18,4 A	16 C	35 A	50,7 A	33,8 A	9,8 A	233
SC004	16,4 C	13 D	34 A	47,5 B	29,5 B	8,3 B	166
SC005	15,9 C	13 E	33 A	45,8 C	27,4 C	8,7 B	157
SC006	16,1 C	14 C	33 A	48,5 B	29,3 B	8,2 B	177
SC009	15,6 C	15 C	32 A	47,7 B	31,0 B	8,3 B	164
SC011	15,1 C	17 C	34 A	47,0 B	27,0 C	7,8 B	153
SC012	16,9 B	14 D	37 A	48,1 B	29,9 B	8,2 B	203
SC013	14,5 C	18 B	28 B	51,2 A	30,0 B	9,7 A	155
SC017	16,3 C	15 C	34 A	47,8 B	28,4 C	7,6 B	170
SC018	15,9 C	15 C	34 A	48,8 B	30,2 B	9,0 A	158
SC021	16,6 B	12 E	34 A	50,0 A	29,9 B	7,5 B	183
SC025	15,8 C	16 C	29 B	45,7 C	29,7 B	10,3 A	151
SC026	15,6 C	13 D	29 B	46,6 B	28,4 C	8,6 B	163
SC031	14,8 C	15 C	31 B	48,4 B	29,8 B	9,1 A	168
SC034	15,8 C	15 C	33 A	45,4 C	29,6 B	8,6 B	179
SC035	15,5 C	14 D	31 B	45,6 C	29,4 B	7,4 B	151
SC037	14,7 C	16 C	31 B	44,1 C	28,3 C	8,8 A	128
SC039	16,2 C	17 B	28 B	49,3 A	32,2 A	10,9 A	176
SC040	14,5 C	14 D	32 A	46,7 B	29,2 C	7,6 B	147
SC041	15,8 C	15 C	30 B	48,7 B	30,3 B	11,1 A	168
SC048	16,6 B	13 D	34 A	48,7 B	29,4 B	9,3 A	184
SC050	15,1 C	14 D	28 B	47,7 B	30,8 B	8,7 B	121
SC055	16,0 C	14 D	32 A	42,0 D	27,0 C	7,1 B	148
SC060	17,5 B	14 D	36 A	45,1 C	28,2 C	8,1 B	170
SC062	19,9 A	13 E	35 A	42,1 D	27,5 C	8,4 B	165
SC063	16,5 C	13 E	29 B	44,3 C	29,8 B	8,0 B	166
SC075	16,1 C	16 C	30 B	50,4 A	28,6 C	9,5 A	203
SC079	15,0 C	12 E	27 B	46,8 B	28,0 C	7,4 B	148
SC090	16,9 B	14 D	31 B	47,8 B	28,4 C	8,6 B	174
SC091	17,2 B	15 C	35 A	48,7 B	30,9 B	9,6 A	195
SC092	16,7 B	16 C	33 A	50,8 A	32,0 A	9,1 A	212
SC098	16,9 B	16 C	27 B	50,6 A	30,2 B	9,1 A	194
SC099	17,2 B	12 E	31 A	44,8 C	29,0 C	7,5 B	137
SC100	18,9 A	12 E	34 A	38,8 E	25,0 C	6,5 B	139
SC103	12,9 C	21 A	27 B	52,4 A	33,4 A	9,6 A	151
SC104	15,0 C	12 E	24 B	44,2 C	27,1 C	7,3 B	109
SC105	16,3 C	13 E	36 A	47,0 B	28,7 C	7,7 B	169
SC107	15,1 C	14 D	32 A	49,7 A	30,1 B	8,4 B	205
SC108	15,9 C	15 C	34 A	49,0 B	31,0 B	8,5 B	179
SC110	18,1 A	12 E	32 A	43,6 C	27,7 C	7,0 B	169
Tuxpeño	16,3 C	15 C	33 A	47,3 B	30,0 B	8,0 B	185
Média	16,2	14	32	47,2	29,5	8,5	169

* Médias seguidas de mesma letra não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 5. Genótipo, dias para florescimentos masculino (FM) e feminino (FF), comprimento (CGR), largura (LGR) e espessura de grão (EGR), peso de 1.000 grãos (P1000), peso médio de grãos/espiga (PGESP) e produtividade de grãos (PrGR).

Genótipo	FM	FF	CGR (mm)	LGR (mm)	EGR (mm)	P1000 (g)	PGESP (g)	PrGR (kg/ha)
Catarina	81	74	12,3B*	9,1B	4,5B	399A	176A	6171
Fortuna	67	72	12,1B	8,8C	4,6B	355B	177A	5896
SC004	79	74	12,5A	9,3B	4,2C	346B	128B	2421
SC005	77	78	11,9B	9,7A	4,3C	328C	128B	2592
SC006	79	76	13,0A	8,8C	4,1C	341B	142A	3257
SC009	80	72	12,1B	8,5C	4,4C	334B	129B	2807
SC011	80	76	13,3A	7,4D	3,9C	251D	125B	3153
SC012	83	78	12,9A	9,0B	4,5B	380A	155A	2509
SC013	79	75	13,1A	8,3C	4,3C	307C	122B	2291
SC017	80	76	12,6A	8,5C	4,2C	342B	139A	3684
SC018	79	72	13,4A	8,8C	4,3C	346B	130B	3669
SC021	80	75	13,6A	10,4A	4,2C	416A	141A	2360
SC025	74	75	11,2C	7,9D	4,2C	266D	124B	1944
SC026	78	77	12,3B	9,2B	4,4C	343B	133B	2792
SC031	78	77	12,2B	8,6C	4,0C	285C	140A	3319
SC034	76	73	11,5C	8,4C	4,4C	321C	148A	3720
SC035	76	76	11,7B	9,0B	4,2C	307C	124B	3617
SC037	77	74	11,3C	7,5D	3,9C	232D	107B	2686
SC039	75	74	11,9B	7,8D	4,3C	288C	132B	2437
SC040	75	74	12,2B	8,7C	4,0C	293C	117B	2458
SC041	75	74	12,0B	8,4C	4,1C	298C	135B	2720
SC048	76	76	13,1A	9,5B	4,2C	372A	160A	2139
SC050	79	75	11,7B	9,1B	4,4C	326C	101B	1419
SC055	75	74	11,3C	8,5C	4,5B	291C	125B	2607
SC060	76	74	11,7B	8,3C	4,1C	299C	144A	3187
SC062	76	75	10,8C	9,1B	4,4C	305C	129B	2589
SC063	77	74	11,5C	9,2B	4,6B	347B	135B	2751
SC075	75	74	13,4A	8,7C	4,0C	335B	161A	2450
SC079	80	77	12,1B	9,8A	4,9A	373A	118B	2066
SC090	77	77	12,1B	8,8C	4,3C	336B	146A	2476
SC091	77	74	12,1B	9,0B	4,3C	322C	159A	2814
SC092	76	74	12,7A	8,6C	4,0C	330C	174A	2623
SC098	77	74	13,4A	8,5C	4,4C	363B	153A	1675
SC099	79	74	11,8B	10,0A	4,9A	383A	113B	1579
SC100	77	75	9,8D	8,7C	5,0A	310C	110B	1894
SC103	79	72	13,2A	6,7E	3,8C	245D	120B	2159
SC104	80	76	12,6A	9,4B	5,1A	402A	83B	1739
SC105	79	74	13,1A	9,2B	4,0C	354B	131B	3363
SC107	79	75	13,2A	9,4B	4,2C	387A	160A	3857
SC108	78	74	13,1A	8,6C	4,1C	350B	143A	3759
SC110	79	74	11,4C	10,4A	5,2A	432A	123B	2995
Tuxpeño	76	74	12,0B	8,8C	4,1C	324C	153A	4856
Média	77	75	12,3	8,8	4,3	332	135	2893

* Médias seguidas de mesma letra não diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

A produtividade de grãos variou de 1.419 kg/ha na população SC050 a 6.171 kg/ha na VPA Catarina, uma diferença superior a 400%. De maneira geral, o comportamento das variedades crioulas para esse caráter foi inferior às variedades melhoradas e à variedade Tuxpeño, sendo que a média de produtividade de grãos das variedades crioulas foi de 2.709 kg/ha. As variedades melhoradas Catarina e Fortuna apresentaram os maiores rendimentos de grãos, com 6.171 e 5.896 kg/ha, respectivamente (Tabela 5). Nenhuma das variedades crioulas esteve no mesmo patamar de produção das variedades melhoradas; entretanto, dentre essas variedades, o maior valor foi obtido pela variedade SC107, com 3.857 kg/ha. Esse resultado sugere que o uso das variedades crioulas testadas neste trabalho em programas de melhoramento deve ser realizado com cautela, uma vez que há risco de redução drástica na produtividade de grãos nas populações segregantes. O potencial de uso das variedades crioulas aumenta com programas de pré-melhoramento que incluam hibridizações entre os milhos tradicionais com valor agregado, possivelmente com grande potencial de adaptação às condições locais e cultivares melhoradas com alta performance.

A separação das variedades com base nos caracteres fenotípicos apresentou cinco grupos (Figura 1A). O critério para a formação desses grupos foi a média geral do Índice de Similaridade de Gower, sendo que a separação dos grupos levou em conta a matriz de correlação dos caracteres. Os caracteres tipo e cor de grão tiveram influência na separação dos grupos. O primeiro grupo foi composto por três variedades crioulas que apresentavam grãos variegados (SC110, SC050 e SC104) e plantas com número de folhas abaixo da média geral (Figura 1A), apesar de terem sido coletadas em locais distintos. O segundo grupo foi formado por apenas uma variedade criou-

la (SC025) e pela variedade Tuxpeño (Figura 1A). A variedade SC025 está relacionada como Cateto Assis Brasil, que pode envolver canário de ocho em sua origem, a qual, por sua vez, descende de Tuxpeño (Paterniani & Goodman, 1977). No terceiro grupo, houve uma clara predominância de genótipos relacionados com a raça Cateto, sendo composto por 15 variedades crioulas. A cor de grão predominante neste grupo foi a laranja e dez variedades eram provenientes da região litorânea de Santa Catarina (Figura 1A). As variedades de polinização aberta produzidas pela Epagri, Catarina e Fortuna, foram agrupadas em um quarto grupo (Figura 1). Provavelmente, os caracteres produtividade de grãos, estatura de planta e altura de inserção de espiga contribuíram para esta diferenciação. Da mesma forma, estes genótipos melhorados foram coletados na mesma região e sofreram pressões de seleção similares, podendo ter progenitores em comum e trocado alelos por fluxo gênico. Finalmente, o quinto grupo foi o maior, reunindo 20 variedades crioulas (Figura 1A). Neste grupo, a totalidade dos genótipos apresentou tipo de grão dentado e predominância de coloração amarela.

Os genótipos avaliados neste trabalho também foram analisados com marcadores moleculares, sendo que 148 alelos foram detectados em 16 locos de microssatélites, com média de 9,3 alelos por loco. Todos os 148 locos foram polimórficos, variando de três a 24 alelos por loco. Wiethölter et al. (2008), avaliando genótipos crioulos de milho coletados no Rio Grande do Sul, encontraram apenas 60 alelos em 23 locos de microssatélites, o que sugere uma menor variabilidade genética nas suas populações crioulas. Por outro lado, Reif et al. (2003) encontraram uma média de 6,3 alelos por loco ao avaliarem 85 pares de primers microssatélites em populações tropicais de milho, o que está mais de acordo com os resulta-

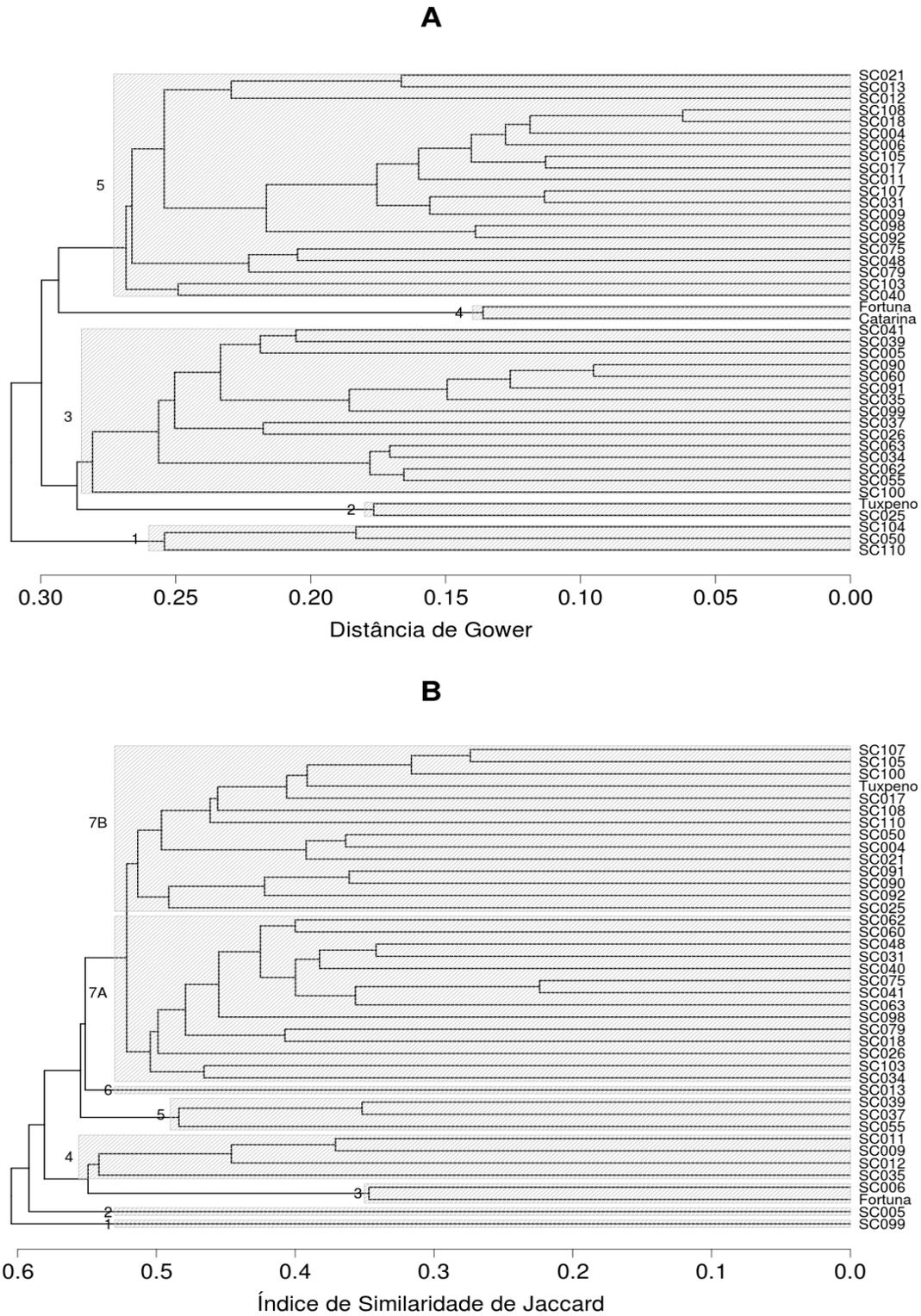


Figura 1. Dendrogramas obtidos da matriz de distância genética baseada no Índice de Distância de Gower (A) e no Índice de Similaridade de Jaccard (B) em populações de milho.

dos obtidos no presente trabalho. Do total de alelos encontrados, 13 foram exclusivos de determinados genótipos, enquanto que 11 foram encontrados em no máximo dois genótipos. Alelos exclusivos podem ser úteis na identificação de cultivares e em estudos de agrobiodiversidade e foram encontrados também por Liu et al. (2003). Ao todo, 21 genótipos, ou seja, menos do que 50% do número total de genótipos avaliados, apresentaram um ou mais alelos exclusivos ou presentes em até dois genótipos, sendo que com maior número de alelos nestas duas categorias situaram-se os genótipos Tuxpeño, SC110 e SC026, todos com quatro alelos.

O Índice de Similaridade de Jaccard foi estimado com base nos marcadores moleculares e produziu sete grupos de genótipos, sendo que apenas um grupo (grupo 7) reuniu 28 variedades (Figura 1B). Este grupo poderia ser dividido em dois subgrupos, cada um com 14 genótipos. Os demais grupos foram compostos por apenas um ou por poucos indivíduos. Não houve, no caso dos marcadores moleculares, uma separação clara das variedades crioulas por local de coleta ou por caracteres morfológicos. Este fato pode indicar que a base genética das variedades crioulas analisadas é comum, sugerindo desenvolvimento recente destas variedades crioulas ou intenso fluxo gênico entre elas. A correlação observada entre as estimativas de distância genética com base nos caracteres morfológicos e nos marcadores moleculares foi baixa ($r = 0,11$). De maneira geral, trabalhos que analisam variabilidade genética não têm encontrado alta correlação entre marcadores fenotípicos e moleculares (Reif et al., 2003; Wiethölter et al., 2008). Essa ausência de correlação deve ser avaliada com base em diferentes aspectos. Em primeiro lugar, os marcadores moleculares do tipo microssatélites foram escolhidos ao acaso no presente trabalho, obe-

decendo unicamente ao critério de amostrar todos os cromossomas do milho. Assim sendo, eles não estão localizados, necessariamente, perto dos genes envolvidos na determinação dos caracteres fenotípicos avaliados, o que contribuiu para reduzir a correlação observada (Charcosset et al., 1991). Em segundo lugar, o número de marcadores moleculares analisados foi pequeno (apenas 16); assim sendo, é importante no futuro aumentar o tamanho da amostra de marcadores e selecionar aqueles relacionados com os caracteres de importância agrônômica. Finalmente, é possível especular que a distância genética estimada a partir de caracteres fenotípicos avaliados apenas por dois anos e um local contenha desvios significativos de avaliação devido a efeitos de ambiente, especialmente para aqueles de variação quantitativa. Com o avanço das técnicas de sequenciamento genômico e a publicação do genoma do milho (Schnable et al., 2010), milhares de marcadores moleculares do tipo SNP (Single Nucleotide Polimorphism) serão desenvolvidos, o que possibilitará uma avaliação molecular muito mais abrangente e precisa.

Os resultados obtidos reforçam a necessidade de conservação da variabilidade genética encontrada nas variedades crioulas de milho *ex situ*, assim como a necessidade de valorização desse patrimônio que está nas mãos dos agricultores familiares com ações que valorizem a conservação *on farm*. Apesar de que nenhum genótipo apresentou patamares atuais de variedades comerciais superiores, os genótipos analisados demonstraram qualidades para serem utilizados em programas de melhoramento genético, tais como peso de 1.000 grãos, número de fileiras de grãos por espiga e comprimento de espiga. A variabilidade genética observada neste trabalho para diversos caracteres fenotípicos indicou que as populações analisadas poderiam ser empregadas para alterações de tipo e cor

de grão, modificações na arquitetura de planta e ajuste de componentes da produtividade de grãos, entre outros aspectos.

Conclusões

- Os resultados sugeriram a presença de variabilidade genética para diferentes caracteres nas populações de milho analisadas.
- As populações analisadas poderiam fornecer alelos para reduzir o número de folhas por planta (SC050 e SC099), aumentar o peso de 1.000 grãos (SC021 e SC110), incrementar o número de fileiras por espiga (SC103), aumentar o comprimento da espiga (SC062, SC100 e SC110).

Referências

- ANDRADE, R. V.; SANTOS, M. X.; FERREIRA, A. S.; OLIVEIRA, A. C. Avaliação de acessos de milho crioulo coletados na região central do Brasil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 1, p. 67-74, 2002. DOI: [10.18512/1980-6477/rbms.v1n2p67-74](https://doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v1n2p67-74).
- ARAÚJO, P. M.; NASS, L. L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 59, p. 589-593, 2002. DOI: [10.1590/S0103-90162002000300027](https://doi.org/10.1590/S0103-90162002000300027).
- BARBOSA NETO, J. F.; BERED, F. Marcadores moleculares e diversidade genética no melhoramento de plantas. In: MILACH, S. K. **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre: UFRGS, 1998. p. 29-40.
- CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; SILVA, F. A. M.; SEIFERT, A. L. Popcorn parental selection based on genetic divergence. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 3, p. n. 4, p. 261-268, 2003. DOI: [10.12702/1984-7033.v03n04a03](https://doi.org/10.12702/1984-7033.v03n04a03).
- CHARCOSSET, A.; LEFORT-BUSON, M.; GALLAIS, A. Relationship between heterosis and heterozygosity at marker loci: a theoretical computation. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 81, n. 5, p. 571-575, 1991. DOI: [10.1007/BF00226720](https://doi.org/10.1007/BF00226720).
- GARDNER, F. P.; PEARCE, R. B.; MITCHELL, R. L. **Physiology of crop plants**. Ames: Iowa State University, 1985. 327 p.
- IBGE. **Censo agropecuário**. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/pesquisas/ca/default.asp?o=2&i=P>>. Acesso em: 15 fev. 2011.
- KUHNEN, S. **Metabolômica e bioprospecção de variedades crioulas e locais de milho (Zea mays L.)**. 2007. 243 f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2007.
- LIU, K.; GOODMAN, M.; MUSE, S.; SMITH, J. S.; BUCKLER, E.; DOEBLEY, J. Genetic structure and diversity among maize inbred lines as inferred from DNA microsatellites. **Genetics**, Bethesda, v. 165, n. 4, p. 2117-2128, 2003.
- MACHADO, A. T. Resgate e caracterização de variedades locais de milho. In: SOARES, A. C.; MACHADO, A. T.; SILVA, B. de M.; WEID, J. M. von der. **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. p. 82-92.
- MURRAY, M.; THOMPSON, W. F. Rapid isolation of high-molecular-weight plant DNA. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 8, n. 19, p. 4321-4325, 1980.
- OGLIARI, J. B.; ALVES, A. C.; KIST, V.; FONSECA, J. A.; BALBINOT, A. Análise da diversidade genética de variedades locais de milho (*Zea mays* L.). **Revista Brasileira de Agroecologia**, Cruz Alta, v. 2, p. 191-195, 2007.
- PATERNIANI, E.; GOODMAN, M. M. **Races of maize in Brazil and adjacent areas**. Mexico: CIMMYT, 1977. 95 p.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2008. 2.673 p.

- REIF, J. C.; MELCHINGER, A. E.; XIA, X. C.; WARBURTON, M. L.; HOISINGTON, D. A.; VASAL, S. K.; SRINIVASAN, G.; BOHN, M.; FRISCH, M. Genetic distance on simple sequence repeats and heterosis in tropical maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 4, p. 1275-1282, 2003. DOI: [10.2135/cropsci2003.1275](https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1275).
- SÁCHEZ, G. J.; GOODMAN, M.; STUBER, C. W. Racial diversity of maize in Brazil and adjacent areas. **Maydica**, Bergamo, v. 52, p. 13-30, 2007.
- SCHNABLE, P. S.; WARE, D.; FULTON, R. S.; STEIN, J. C.; WEI, F.; PASTERNAK, S.; LIANG, C.; ZHANG, J.; FULTON, L.; GRAVES, T. A.; MINX, P.; REILY, A. D.; COURTNEY, L.; KRUCHOWSKI, S. S.; TOMLINSON, C.; STRONG, C.; DELEHAUNTY, K.; FRONICK, C.; COURTNEY, B.; ROCK, S. M.; BELTER, E.; DU, F.; KIM, K. et al. The B73 Maize genome: complexity, diversity, and dynamics. **Science**, Washington, v. 326, n. 326, p. 1112-1115, 2010. DOI: [10.1126/science.1178534](https://doi.org/10.1126/science.1178534).
- TOLLENAAR, M.; AGUILLERA, A.; NISSANKA, S. P. Grain yield is reduced more by weed interference in an old than in a new maize hybrid. **Agronomy Journal**, Madison, v. 89, n. 2, p. 239-246, 1997. DOI: [10.2134/agronj1997.00021962008900020014x](https://doi.org/10.2134/agronj1997.00021962008900020014x).
- TOLLENAAR, M.; MCCULLOUGH, D. E.; DWYER, L. M. Physiological basis of the genetic improvement of corn. In: SLAFER, G. A. **Genetic improvement of field crops**. New York: Marcel Dekker, 1994. p. 183-236.
- VON DER WEID, J. M.; SOARES, A. C. Relação entre agricultura e biodiversidade. In: SOARES, A. C.; MACHADO, A. T.; SILVA, B. de M.; WEID, J. M. von der. **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. p. 3-12.
- WIETHÖLTER, P.; SERENO, M. J. C. M.; TERRA, T. F.; SILVA, S. D. A.; BARBOSA-NETO, J. F. Genetic variability in corn landraces from southern Brazil. **Maydica**, Bergamo, v. 53, p. 151-159, 2008.
- ZEVEN, A. C. Landraces: a review of definitions and classifications. **Euphytica**, Wageningen, v. 104, n. 2, p. 127-139, 1998. DOI: [10.1023/A:1018683119237](https://doi.org/10.1023/A:1018683119237).