



UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA - UnB
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA - FAV

**RELATÓRIO DE ESTÁGIO SUPERVISIONADO REALIZADO NA
ESTAÇÃO DE PESQUISA DA CORTEVA AGRISCIENCE™**

ANDRINE DE MARI CENCI

TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

BRASÍLIA - DF
AGOSTO/2021

ANDRINE DE MARI CENCI

**RELATÓRIO DE ESTÁGIO SUPERVISIONADO REALIZADO NA
ESTAÇÃO DE PESQUISA DA CORTEVA AGRISCIENCE™**

Trabalho de conclusão de curso apresentada à Banca Examinadora da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária como exigência final para obtenção do título de Engenheira Agrônoma.

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Michelle Souza Vilela

Supervisor de Estágio: Msc. Kaian A. Corazza Kaefer

**BRASÍLIA - DF
AGOSTO/2021**

RELATÓRIO DE ESTÁGIO SUPERVISIONADO REALIZADO NA ESTAÇÃO DE PESQUISA DA CORTEVA AGRISCIENCE™.

ANDRINE DE MARI CENCI

TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO SUBMETIDO À FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA DA UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA, COMO REQUISITO PARCIAL PARA A OBTENÇÃO DO GRAU DE ENGENHEIRO AGRÔNOMO.

APROVADO PELA COMISSÃO EXAMINADORA EM 03/08/2021.

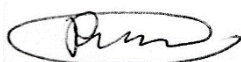
BANCA EXAMINADORA



MICHELLE SOUZA VILELA, Dra. Universidade de Brasília
Professora da Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária – UnB
(ORIENTADORA)



KAIAN A. CORAZZA KAEFER, Msc. Corteva Agriscience™
Pesquisador Associado na Corteva Agriscience™
(SUPERVISOR DE ESTÁGIO)



ROSA MARIA DE DEUS DE SOUSA, Dr^a. Faculdades Integradas Upis
Professora da Faculdade Integrada União Pioneira de Integração Social - Upis
(EXAMINADORA)

BRASÍLIA - DF
Agosto/2021

FICHA CATALOGRÁFICA

CENCI, Andrine De Mari

“Relatório de estágio supervisionado realizado na estação de pesquisa da Corteva Agriscience™”. Orientação: Michelle Souza Vilela, Brasília, 2021. 46 páginas.

Monografia de Graduação (G) - Universidade de Brasília / Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2021.

1. *Zea mays*. 2. Melhoramento genético. 3. Relatório de estágio. 4. Corteva Agriscience I. Vilela, M. S. II. Dra.

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

CENCI, A. M. **Relatório de estágio supervisionado realizado na estação de pesquisa da Corteva Agriscience™**. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2021, 46 páginas. Monografia (Graduação em Agronomia).

CESSÃO DE DIREITOS

Nome do Autor: ANDRINE DE MARI CENCI

Título da Monografia de Conclusão de Curso: Relatório de estágio supervisionado realizado na estação de pesquisa da Corteva Agriscience™.

Grau: 3º Ano: 2021

É concedida à Universidade de Brasília permissão para reproduzir cópias desta monografia e para emprestar ou vender tais cópias somente para propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva-se a outros direitos de publicação e nenhuma parte desta monografia pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor.

ANDRINE DE MARI CENCI

Matrícula: 16/0112460

End.: BR 251, Km 07 – PAD/DF - Cond. dos Cooperados, Lote 13. Brasília-DF.

E-mail: andrinedemarcenci@gmail.com

Aos engenheiros agrônomos e profissionais que se dedicam à pesquisa e desenvolvimento científico, dedico.

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela vida, sabedoria e discernimento.

À minha família, pelo amor e apoio incondicional. Aos meus pais, Airton e Marta, por todo o esforço investido na minha educação e por permitirem que meus sonhos se tornassem realidade. A minha irmã Anelise, por ser minha motivadora número um, pelo carinho, cumplicidade e por sempre acreditar que sou capaz de superar os obstáculos que a vida apresenta. Ao meu cunhado e irmão de coração, Rodolfo, pela atenção e cuidado.

Agradeço à minha orientadora, Michelle, e aos demais orientadores que tive durante a graduação, José Ricardo e Márcio, por todos os ensinamentos, amizade, conselhos e por tornarem-se verdadeiras inspirações de profissionais.

Ao meu supervisor de estágio Kaian e todo o time Corteva Passo Fundo/RS, agradeço por todo o conhecimento que pude adquirir durante o período de estágio, pela oportunidade, receptividade e pela paciência em responder meus questionamentos. Grata também, pelos conselhos profissionais e pessoais.

Aos meus amigos da vida, por sempre incentivarem os meus sonhos e torcerem pelo meu crescimento pessoal e profissional, obrigada pela amizade de vocês.

As amigas que a agronomia me proporcionou: Denise Pelicioli, Karla Silva, Tainara Caixeta, João Victor Ávila, Carlos Castro, João Felipe Roriz e Romano Santiago. Gratidão por compartilharem os melhores e piores momentos da graduação.

Grata por todas as pessoas que tive a oportunidade de conhecer em Passo Fundo, pela hospitalidade e amizade que construímos. Em especial, Andressa e Ana Laura.

À Corteva Agriscience™ do Brasil, pela oportunidade de realizar meu estágio obrigatório.

À Universidade de Brasília e a Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária pela oportunidade de me graduar.

A Equipe de Pesquisa do Prof. José Ricardo e ao GEHORTI por me permitirem conhecer o incrível mundo da pesquisa e adotá-lo como minha paixão.

A todos que de alguma forma agregaram positivamente e construtivamente, agradeço.

CENCI, A. M. Relatório de estágio supervisionado realizado na estação de pesquisa da Corteva Agriscience™. 46p. 2021. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) - Universidade de Brasília - UnB, Brasília, 2021.

RESUMO

O presente trabalho apresenta as atividades acompanhadas e desenvolvidas durante a realização do Estágio Supervisionado na Estação de Pesquisa da Corteva Agriscience™, localizada em Passo Fundo/RS. O objetivo do estágio foi acompanhar as atividades de um programa de melhoramento genético de milho, podendo desta forma aprimorar o conhecimento teórico adquirido durante a graduação em Agronomia na Universidade de Brasília. As atividades desenvolvidas durante o período de estágio incluíram avaliações fenotípicas, colheita de ensaios *nursery*, processamento de materiais produzidos, preparo de ensaios para o *winter nursery*, inventário de sementes e compartilhamento de germoplasma. Todas as atividades executadas foram acompanhadas por profissionais da área e contribuíram significativamente, complementando a formação acadêmica. As experiências e trabalho em equipe mostram-se primordiais para o desenvolvimento pessoal e profissional. Desta forma, foi possível observar a importância da realização de estágio supervisionado, já que aqueles que participam dessas atividades se tornam profissionais mais preparados, mais críticos e sensatos para encarar o mercado de trabalho e o futuro como Engenheiros Agrônomos.

Palavras-chave: *Zea mays*; melhoramento genético; estágio; Corteva Agriscience™.

ABSTRACT

The present work presents as activities accompanied and developed, during a Supervised Internship held at the Corteva AgriscienceTM Research Station, located in Passo Fundo/RS. The objective of the internship was to follow the activities of a maize breeding program, thus being able to improve the theoretical knowledge acquire during the undergraduate in Agronomy at the University of Brasília. The activities developed during the internship period included phenotypic assessments, harvest nursery trials, processing of materials produced, preparation of trials for the winter nursery, seed inventory and germplasm sharing. All activities carried out were monitored by professionals in the area and contributed significantly, complementing academic training Experiences and teamwork are essential for personal and professional development. So, it was possible to observe the importance of conducting a supervised internship, as those who participate in these activities become more prepared, more critical and sensible professionals to face the job market and the future as Agronomist Engineers.

Keywords: *Zea mays*; genetic breeding; internship; Corteva AgriscienceTM.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	10
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	11
2.1. CARACTERIZAÇÃO FÍSICA E SOCIOECONÔMICA DA REGIÃO DE PASSO FUNDO/RS	11
2.1.1. Município de Passo Fundo.....	11
2.1.2. Clima, Solos e Bioma	12
2.2. CARACTERIZAÇÃO DA EMPRESA CONCEDENTE	12
2.2.1. Corteva Agriscience™	12
2.2.2. Estação de Pesquisa – Passo Fundo/RS	13
2.2.3. Programas de Melhoramento de Milho Verão para a Região Sul – South Summer	14
2.2.3.1. BE.....	14
2.2.3.2. BP.....	14
2.2.3.3. BS.....	14
2.3. CULTIVARES DE MILHO CORTEVA	15
2.3.1. Cultivares Pioneer®	15
2.3.2. Cultivares Brevant®	15
2.4. TECNOLOGIAS.....	16
2.4.1. PowerCore® Ultra (PWU)	16
2.4.2. Leptra® (VYH/VYHR).....	16
2.5. A CULTURA DO MILHO.....	17
2.5.1. Origem, Botânica, Morfologia e Fenologia.....	17
2.5.2. Importância Econômica	19
2.6. O MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO E SEUS OBJETIVOS	19
2.6.1. Espécies Alógamas.....	20
2.6.2. Tipos de Cultivares	21
2.6.3. Hibridação	22
2.6.4. Métodos de Melhoramento Genético Utilizados na Cultura do Milho	23
2.6.4.1. Duplo-Haploides	23
2.6.4.2. Método Descendente de Uma Única Semente.....	25
2.6.4.3. Melhoramento pelo Método Convencional	25
3. OBJETIVO	26
3.1. GERAL	26
3.2. ESPECÍFICO	26
4. O PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO DA CORTEVA AGRISCIENCE™	26
4.1. LASS – LATIN AMERICAN SUMMER SOUTH	26
Programas BE, BP e BS – Passo Fundo/RS	26
4.2. PROCESSOS DE UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO HÍBRIDO	27
4.2.1. Obtenção de Novas Linhagens	27
4.2.1.1. Escolha dos Parentais.....	27
4.2.1.2. Linhagens Endogâmicas – Método Genealógico (modificado).....	28
4.3. AVALIAÇÕES DOS HÍBRIDOS	31
5. ATIVIDADES REALIZADAS DURANTE O ESTÁGIO	33
5.1. AVALIAÇÕES EM PRÉ-COLHEITA	33
5.2. PREPARO DE ENSAIOS	38
5.2.1. Ensaios para o Plantio de Inverno - Winter Nursery.....	38
5.2.2. Ensaios para o Plantio de Verão - Nursery	39
5.3. ORGANIZAÇÃO DO BANCO DE GERMOPLASMA E INVENTÁRIO DE SEMENTES	39
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS	41
7. REFERÊNCIAS	42

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma gramínea pertencente à família *Poaceae*, possivelmente tendo como centro de origem o Continente Americano. É explorado desde os primórdios da agricultura, com evidências de domesticação datadas há mais de 10.000 anos (PETERNIANI e CAMPOS, 2005). Devido a vasta variedade de raças e cultivares, a espécie *Zea mays* L. é considerada politépica, pois há presença de características que permitem o seu cultivo em praticamente todos os continentes (FORNASIERI FILHO, 2007) e nas mais variadas condições de clima e época de cultivo.

O principal componente do milho comum é o endosperma, que apresenta elevado teor de amido, classificando a cultura como cereal. Por esse motivo, sua principal utilização é como fonte de energia, principalmente para produção de ração de animais monogástricos, entretanto, pode ser empregado também como matéria prima para o desenvolvimento de diferentes produtos, tendo mais de 3.500 formas de uso direta e indireta, portanto, é considerado indispensável para a humanidade (MÔRO e FRITSCHÉ-NETO, 2017).

Segundo os dados da CONAB, na safra 20019/20 o Brasil cultivou de 18.444,32 mil hectares de milho, com produtividade média de 5.415 kg/ha e produção estimada em 102.503,0 mil toneladas (CONAB, 2020). No ranking mundial, o Brasil encontra-se em 3º lugar, estando atrás dos Estados Unidos (347.047,57 mil toneladas) e da China (260.957,66 mil toneladas) (FAOSTAT, 2019).

Os elevados níveis de tecnologia aplicados a cultura do milho têm contribuído gradativamente para a melhoria das características da espécie e aumento nos números de produtividade. Entre os fatores contribuintes, o melhoramento genético é o que mais agrega para as características de produção, principalmente com o desenvolvimento de novas cultivares cada vez mais específicas e adaptadas às regiões de cultivo, proporcionando maior expressividade genética dos materiais (BUSANELLO, 2012).

Desde os primórdios dos programas de melhoramento de milho, a principal característica buscada pelos melhoristas sempre foi a produtividade de grãos. Com o decorrer do desenvolvimento e evolução da agricultura econômica, houve a necessidade de exploração de outros caracteres de interesse, a fim de atender a demanda do mercado. O porte, ciclos adequados, redução do acamamento e quebra de colmo, resistência às principais doenças e pragas, bom empalhamento de espiga, *stay green* (MORÔ, 2018) dentre outras, podem ser citadas como características relevantes.

Vários métodos de melhoramento podem ser aplicados as culturas e a escolha do mais adequado vai depender do objetivo do melhorista. Ao longo dos anos os métodos têm sofrido alterações em suas metodologias, sendo adaptados de forma a torná-los mais adequado. No caso do milho, um dos métodos mais utilizados é o método genealógico, baseado no princípio da seleção de plantas na população segregante, com avaliação individual das progênes (BORÉM et al., 2017).

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. CARACTERIZAÇÃO FÍSICA E SOCIOECONÔMICA DA REGIÃO DE PASSO FUNDO/RS

2.1.1. Município de Passo Fundo

Passo Fundo originou-se no século XIX, a partir do ano de 1827. Foi nesse período que Manoel José das Neves, o Cabo Neves, recebeu terras do governo provincial, para implantar na região uma fazenda voltada à criação de gado. Importante trilha dos tropeiros, alimentou negócios e atraiu novos residentes. A cidade emancipou-se em 1857 e já em 1898 estendia seus horizontes a partir da ligação ferroviária com Santa Maria. Nos próximos 12 anos, Passo Fundo também se conectaria com São Paulo pela via dos trilhos. Graças aos trens, o século XX encontraria o município em processo acelerado de urbanização e atividade econômica (PMPF, 2021).

O município de Passo Fundo está localizado no noroeste do estado do Rio Grande do Sul (Figura 1) e nas últimas décadas tem se firmado como a sexta economia do estado. É carinhosamente conhecido como a Capital do Planalto Médio, por ser polo universitário, referência em atendimento à saúde e por destacar-se no comércio, indústria, prestação de serviços e no agronegócio. É também a Capital da Literatura, título conquistado pela realização das Jornadas Nacionais de Literatura (PMPF, 2021).

Segundo dados do IBGE, Passo Fundo possui aproximadamente de 200 mil habitantes e densidade demográfica de 235,92 habitantes/km². Sua extensão territorial é de 784,407 km². O PIB *per capita* é de R\$ 45.327,11 e 54,5% das receitas são oriundas de fontes externas.

O Censo Agropecuário de 2017 indica 59.340 hectares cultivados, distribuídos em 909 estabelecimentos agropecuários, dos quais 347 produziram 17.555 toneladas de milho grão, em uma área colhida de 2.309 hectares (IBGE). O município destaca-se principalmente na produção de soja (39.171 hectares) e durante o inverno, na produção de trigo (1.850 hectares).



Figura 1. Localização município de Passo Fundo/RS.

Fonte: Wikipedia, 2021.

2.1.2. Clima, Solos e Bioma

Passo Fundo está localizado na latitude 28° 15' 46", longitude: 52° 24' 24" e está a 687m acima do nível do mar. O clima do município na classificação de Köppen é do tipo Cfa: temperado com característica subtropical úmido, com pluviosidade bem distribuída ao longo do ano. A temperatura média anual é de 17,5°C e a umidade relativa do ar de 72%.

Os solos são derivados de derrame basáltico, profundos e bem drenados, pertencendo ao grupo Latossolo Vermelho argiloso. O relevo é ondulado e suave ondulado, formado por elevações com longos pendentes que criam depressões fechadas – coxilhas. O solo é facilmente corrigível com adubos e fertilizantes.

A vegetação predominante é de campos abertos com matas nativas do tipo Floresta Subtropical com araucárias (*Araucaria angustifolia*) (PMPF, 2021).

2.2. CARACTERIZAÇÃO DA EMPRESA CONCEDENTE

2.2.1. Corteva Agriscience™

A Corteva Agriscience™ nasceu da rica herança de três grandes empresas líderes do mercado agrícola mundial: Dow AgroSciences, DuPont Crop Protection e Pioneer, e em 1º de junho de 2019 tornava-se oficialmente uma companhia independente. A sede da empresa

localiza-se em Wilmington, estado de Delaware, nos Estados Unidos (EUA). A Corteva está presente em mais de 130 países, englobando 150 centros de pesquisa e desenvolvimento, empregando mais de 22.000 funcionários, desenvolvendo soluções para mais de dez culturas e comercializando aproximadamente 65 ingredientes ativos diferentes. É a única empresa de agrociência 100% dedicada à agricultura (CORTEVA, 2021).

No Brasil, a empresa dedica-se a três principais segmentos: a) sementes e biotecnologia – milho, soja, sorgo e algodão; b) proteção de cultivos: herbicidas, fungicidas, inseticidas e tratamento de sementes – soja, milho, trigo, arroz, hortifruti, cana-de-açúcar, citros, café, sorgo, algodão, florestas e pastagens; c) digital e novos negócios: Granular Insights. A Corteva Agriscience™ do Brasil (incluindo o Paraguai) gera mais de 2.000 empregos e possui 10 centros de pesquisa e desenvolvimento, incluindo a estação de pesquisa de Passo Fundo/RS (CORTEVA, 2021). A Corteva, tem como propósito “enriquecer a vida daqueles que produzem e daqueles que consomem, garantindo o progresso das próximas gerações”.

2.2.2. Estação de Pesquisa – Passo Fundo/RS

A estação de Pesquisa da Corteva Agriscience™ está localizada na RS-135, KM 17, na saída do município de Passo Fundo para Coxilha, na região do Planalto Médio do Rio Grande do Sul. Coordenadas 28° 12’ de latitude Sul e 52° 19’ de latitude Oeste, a uma altitude de 700m.

A estação de Passo Fundo teve início em 2003, com o programa nominado de “BP”, em uma área arrendada e tendo apenas quatro funcionários. Em 2005, a edificação foi finalizada e no ano de 2013 foi expandida. Em 2013, o programa denominado de “BE” também foi incorporado a estação. No ano seguinte, 2014, mais um programa foi adicionado, nomeado de “BS” e transferido para a estação de Guarapuava/PR em 2018. Atualmente, possui 22 funcionários efetivos e conta com a colaboração de temporários a partir de agosto até o final da safra. Semestralmente, recebe dois estagiários concluintes do curso de Agronomia. Possui 19,45 hectares de área própria e arrenda outros 13,28 hectares para o desenvolvimento dos ensaios.

A estação de Passo Fundo é classificada como “*multi crop breeding station*”, pois apesar de sediar apenas o programa de melhoramento genético de milho, presta serviço de apoio para os ensaios de soja. Da mesma forma, a estação de Palmas/TO (*support site*) e Toledo/PR (*multi crop breeding station*) prestam serviços de suporte para os programas de Passo Fundo.



Figura 2. Estação de Pesquisa da Corteva Agriscience™ em Passo Fundo/RS.
Fonte: Corteva Agriscience™, 2021.

2.2.3. Programas de Melhoramento de Milho Verão para a Região Sul – *South Summer*

2.2.3.1. BE

Denominado de “BE”, o programa dos hiper precoces teve início em 2012 e abrange materiais com 113-118 CRM (*Comparative Relative Maturity*), com plantio compreendido do final de julho a setembro.

2.2.3.2. BP

O programa “BP”, foi o programa pioneiro no *site*. Fazem parte de BP, materiais super precoces com CRM 119-127 dias e plantio de agosto a setembro.

2.2.3.3. BS

Por fim, o programa de BS teve início em Passo Fundo, mas foi transferido para Guarapuava/PR. Atualmente, sua manutenção ainda se localiza na estação de Passo Fundo. Os materiais pertencentes a este programa são precoces, possuindo CRM de 128 a 133 dias e seu plantio é indicado entre os meses de agosto e outubro.

2.3. CULTIVARES DE MILHO CORTEVA

A Corteva possui duas marcas de comercialização de sementes de milho. A Pioneer®, fundada por Henry A. Wallace, é líder mundial em desenvolvimento e fornecimento de genética avançada (CORTEVA, 2021) e constrói seu legado há aproximadamente 50 anos no Brasil (PIONEER, 2021). A caçula Brevant®, resultado da fusão da DuPont e Dow AgroSciences e hoje marca da Corteva Agriscience™, chegou ao mercado com a combinação perfeita entre genética e biotecnologia, buscando oferecer maior estabilidade e bons rendimentos de acordo com as necessidades do produtor (BREVANT, 2021; CORTEVA, 2021).

2.3.1. Cultivares Pioneer®

Fruto do trabalho de pesquisa do time de Passo Fundo, fazem parte do atual portfólio da Pioneer os seguintes cultivares para a safra de verão no Sul do Brasil (Tabela 1):

Tabela 1. Cultivares de Milho Híbrido Pioneer®, lançados pela estação de pesquisa Corteva Passo Fundo.

CULTIVAR	CICLO	ÉPOCA	FINALIDADE	TECNOLOGIA
P1225VYHR	Hiper precoce	Verão	Grão	Leptra® / Roundup Ready™
P2501	Super precoce	Verão	Grão/Silagem	Convencional
P3016VYHR	Precoce	Verão	Grão/Silagem	Leptra® / Roundup Ready™
P2719VYH	Precoce	Verão	Grão/Silagem	Leptra®

Fonte: Pioneer®, 2021.

2.3.2. Cultivares Brevant®

Na tabela 2, encontram-se os cultivares originados dos programas de melhoramento do *site* de Passo Fundo e que atualmente fazem parte do portfólio comercial da Brevant®.

Tabela 2. Cultivares de Milho Híbrido Brevant®, lançados pela estação de pesquisa Corteva Passo Fundo.

CULTIVAR	CICLO	ÉPOCA	FINALIDADE	TECNOLOGIA
B2418VYHR	Super precoce	Verão Sul	Grão	Leptra®
B2401PWU	Super precoce	Verão Centro e Sul e Safrinha	Grão/Silagem	PowerCore® Ultra
B2433PWU	Super precoce	Verão Centro e Sul e Safrinha	Grão/Silagem	PowerCore® Ultra

B2688PWU	Precoce	Verão Centro e Sul e Safrinha	Grão/Silagem	PowerCore® Ultra
B2612PWU	Precoce	Verão Centro e Sul e Safrinha	Grão/Silagem	PowerCore® Ultra

Fonte: Brevant®, 2021.

2.4. TECNOLOGIAS

O milho teve a aprovação de sua primeira versão transgênica em 1966, no Estados Unidos, em 1998 na Argentina e em 2007, no Brasil. Cultivares geneticamente modificadas pela engenharia genética tem sido amplamente ofertada aos agricultores, através da inserção de tecnologias para o controle de pragas (*Bt*), plantas daninhas (*RR*) e eventos piramidais (*Bt* e *RR*). É importante ressaltar que o uso de cultivares transgênicos de milho não visa o aumento da produtividade, mas sim, evitar as perdas causadas principalmente por danos bióticos, podendo contribuir com a redução de algumas práticas de manejo e aplicações de agroquímicos (MORAIS e BORÉM, 2017).

2.4.1. PowerCore® Ultra (PWU)

A tecnologia PowerCore® ULTRA possui quatro proteínas inseticidas (Cry1F, Cry1A.105, Cry2Ab2 e Vip3Aa20), que conferem proteção contra os principais lepidópteros da parte aérea (como lagarta-do-cartucho, broca-do-colmo, lagarta-armigera e lagarta-da-espiga) e lagartas de solo (lagarta-elasma, lagarta-rosca, lagarta-das-vagens e a lagarta-pretas-folhas) que atacam a cultura do milho. Confere ainda, tolerância aos herbicidas formulados a partir de glifosato e glufosinato de amônio, através de duas proteínas (CP4-ESPS e PAT) permitindo melhor controle de plantas daninhas (BREVANT, 2021; MORAIS e BORÉM, 2017; SOARES et al., 2018).

A tecnologia é composta por: VTPro® (Dow AgroSciences), Agrisure Viptera® (Syngenta Group Company), Herculex® I (Dow AgroSciences e Pioneer Hi-Bred), LibertyLink® (BASF) e Roundup Ready™ (Monsanto Company).

2.4.2. Leptra® (VYH/VYHR)

Nomeada de Leptra®, também é uma tecnologia de proteção contra insetos e difere da PWU pois é composta por três proteínas inseticidas (Cry1F, Cry1Ab e Vip3Aa20), auxiliando

no controle das principais lagartas que atacam a cultura do milho (lagarta-do-cartucho, lagarta-elasmó, lagarta-do-trigo, broca-da-cana-de-açúcar, lagarta-eridania, lagarta-da-espiga e lagarta-rosca). Os híbridos de milho que possuem essa tecnologia inserida, também se apresentam tolerantes ao uso de herbicidas formulados com glufosinato de amônio (VYH). Alguns híbridos possuem também a versão resistente ao glifosato (VYHR) (PIONEER, 2021; MORAIS e BORÉM, 2017; SOARES et al., 2018).

A tecnologia é composta por: Agrisure Viptera® (Syngenta Group Company), YieldGard® (Monsanto Company), Herculex® I (Dow AgroSciences e Pioneer Hi-Bred), LibertyLink® (BASF) e versão contendo tecnologia Roundup Ready™ (Monsanto Company).

2.5. A CULTURA DO MILHO

2.5.1. Origem, Botânica, Morfologia e Fenologia

O milho é uma planta alógama, anemófila, monoica e protândrica, com $2n=20$ cromossomos. É botanicamente classificada como: Reino Plantae, divisão Antophita, classe Monocotiledoneae, ordem Poales, família Poaceae, subfamília Panicoidae, tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays* L (PATERNIANI e CAMPOS, 1999; PINHO et al., 2017).

Sua origem tem sido motivo de diversas discussões e várias teorias sobre sua similaridade e descendência do teosinto (*Zea mays* subespécie *parviglumis*) tem sido estudada. Apesar das grandes diferenças morfológicas existentes, as semelhanças na constituição genética e molecular nos trazem a conclusão lógica de que o teosinto (planta selvagem) realmente seja o antepassado mais provável do milho, sendo o milho sua forma domesticada (DOEBLEY, 2004; LEMMON et al., 2014). Considerando tal descendência, a provável região de origem do milho é descrita a partir do vale do rio Balsas, no sul do México (PIPERNO e FALNNERY, 2001).

A domesticação da cultura data entre 9.000 e 10.000 anos atrás (PETERNIANI e CAMPOS, 2005; MIR et al., 2013), sendo os indígenas nativos responsáveis pela seleção e produção das primeiras raças da subespécie *Zea mays* e a consequente disseminação destes nas Américas. No Brasil, conforme descrito em Pinho et al. (2017), as primeiras descrições do milho domesticado ocorreram em meados de 1.500 e indicavam que o cereal, em sua maior parte, era de grãos brancos e duros.

O milho é uma planta fotossinteticamente eficiente (C4) e é dividida morfológicamente em duas principais partes: sistema radicular e parte aérea, sendo esta última, constituída por

caule, folhas e suas estruturas reprodutivas, pendão e espiga (PINHO et al., 2017). As plantas normais de milho desenvolvem-se seguindo um mesmo padrão, diferindo apenas em alguns aspectos, como intervalo de tempo entre estádios de desenvolvimento e o número totais de folhas desenvolvidas, e por isso é importante que se conheça a fenologia da cultura (RITCHIE et al., 2007; PINTO et al., 2017).

O sistema de identificação proposto por Ritchie et al. (1993), divide a escala fenológica em estádios vegetativos (V) e reprodutivos (R), conforme mostra a Tabela 3. Os estádios são subdivididos numericamente, sendo os estádios vegetativos designados como V1, V2, V3, V4 até V(n), em que (n) representa o número de folhas totalmente expandidas/desenvolvidas antes do pendoamento (VT). O primeiro estágio vegetativo, ou seja, o estágio de emergência é representado através de VE e o pendoamento, último estágio vegetativo, por VT (MAGALHÃES e DURÃES, 2006).

Tabela 3. Estádios vegetativos e reprodutivos da planta de milho.

ESTÁDIOS VEGETATIVOS (V)		ESTÁDIOS REPRODUTIVOS (R)	
VE	Emergência	R1	Embonecamento
V1	1ª folha desenvolvida	R2	Bolha d'água
V2	2ª folha desenvolvida	R3	Leitoso
V3	3ª folha desenvolvida	R4	Pastoso
V4	4ª folha desenvolvida	R5	Formação de dente
VN	1ª folha desenvolvida	R6	Maturidade Fisiológica
VT	Pendoamento		

Fonte: Circular Técnica 76, Embrapa Milho e Sorgo. 2006.

O ponto de maturidade fisiológica caracteriza o momento ideal para a colheita, em virtude da máxima produção (máxima massa de matéria seca) concentrada no estágio R6. Entretanto, a colheita é dificilmente implementada de imediato, pois os grãos apresentam em torno de 30 a 38% de umidade, podendo variar entre as cultivares. Em condições ideais de colheita e segurança no armazenamento, os grãos devem apresentar entre 13 e 15% de umidade, podendo ser colhidos entre 18 e 25% desde que o produto colhido seja submetido a secagem artificial (MAGALHÃES e DURÃES, 2006; FANCELI, 2017).

2.5.2. Importância Econômica

O milho ocupa posição de destaque entre as espécies agrícolas exploradas mundialmente, ocupando a segunda posição em termos de área cultivada quando consideras as principais espécies cereais cultivadas no mundo (milho, trigo e arroz), estando no topo de volume de produção. Estados Unidos, China, Brasil e Argentina são os quatro maiores produtores de milho no mundo, sendo os três primeiros responsáveis por 66% da produção total da cultura (USDA, 2016; MÔRO e FRITSCHÉ NETO, 2017).

O Brasil ocupa o terceiro lugar no ranking mundial, sendo o milho uma das principais espécies agrícolas do país, tanto em área cultivada quanto em produção, sendo superado apenas pelo complexo da soja. O milho é cultivado em todo o território nacional, mas a região Centro-Oeste e Sul merecem destaque, pois representam aproximadamente 70% da área cultivada e quase 80% de todo o milho produzido no Brasil. Devido a diferentes fatores climáticos específicos e a falta de adoção de tecnologias, a produtividade brasileira varia muito nas diferentes regiões do país, sendo um dos motivos contribuintes para a baixa média nacional de produtividade (MÔRO e FRITSCHÉ NETO, 2017).

O Censo Agropecuário realizado em 2017 (IBGE, 2017) aponta 15.783.895 hectares de milho grão colhidos no Brasil e uma produção de 88.099.622 toneladas e para milho forrageiro, as estatísticas são de 1.387.706 hectares de área colhida e 39.284.175 toneladas produzidas.

No 10º levantamento da safra brasileira de grãos 2020/21, realizado pela CONAB, espera-se uma produção total de 93,4 milhões de toneladas de milho, representando uma redução de 8,9% em comparação com a safra anterior (2019/20). A redução é esperada diante do cenário de adversidades climáticas ocorridas durante a segunda e terceira safra. A produtividade esperada é de 4.709 kg/ha (15% a menos em relação à safra anterior) e aumento de 7% da área cultivada, somando 19.832,6 mil hectares.

2.6. O MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO E SEUS OBJETIVOS

O início do melhoramento genético do milho coincide com a domesticação da espécie, quando o homem deixou de ser nômade e iniciou o processo de seleção, mesmo que de forma inconsciente, e consequente propagação de espécies. Levando em consideração a ancestralidade do milho, o teosinto, características foram sendo selecionadas: espigas maiores, maior quantidade de grãos e indeiscência, e que foram gradativamente acumuladas nos descendentes, resultando na planta de milho que conhecemos hoje (MÔRO, 2018).

Môro (2018) ainda relata que inúmeros estudos e pesquisas, a partir do século XX, foram essenciais para o desenvolvimento dos programas de melhoramento genético. Pesquisas pioneiras, como a comprovação do sexo das plantas de milho, o estabelecimento do método *pedigree* por Vilmorin em 1840 (que assumiu importância indiscutível para o desenvolvimento de novas cultivares), os trabalhos de Shull e East, nos anos 1900, acerca dos conceitos de endogamia, heterose, hibridação e por consequência o método de obtenção de híbridos simples, a proposta de utilização de híbridos duplos, por Jones (1918), entre outros.

Atualmente, inúmeros programas de melhoramento genético de milho são desenvolvidos no Brasil e no mundo, em universidades, institutos de pesquisa, empresas públicas e privadas (principalmente multinacionais). Os programas são segmentados em dois principais objetivos: obtenção de linhagens e desenvolvimento de híbridos.

Os híbridos de milho são produzidos pelo cruzamento entre genótipos homocigotos, que além de produzir genótipos superiores, resultam na exploração máxima da heterose (BORÉM, et al., 2017).

Entre os objetivos mais comuns nos programas de melhoramento de plantas, de forma geral, estão o desenvolvimento de cultivares adaptados às regiões geográficas, maior tolerância às principais doenças e pragas, melhor qualidade nutricional, precocidade de plantas etc. (BORÉM, et al., 2017).

2.6.1. Espécies Alógamas

Conforme cita Borém et al. (2017), o conhecimento das particularidades do modo de reprodução da espécie que está sendo melhorada facilita a produção de sementes híbridas para gerar variabilidade genética e consequentemente possibilitar a seleção, a produção comercial de sementes, a escolha do método de melhoramento aplicável à espécie e o tipo de cultivar a ser comercializado ou disponibilizado aos agricultores.

A reprodução sexual das espécies é um processo baseado na divisão celular meiótica, em que o número de cromossomos das células reprodutivas é reduzido à metade para formar os gametas (oosfera e grãos de pólen). A divisão meiótica é fundamental para que ocorra a variabilidade genética através da divisão reducional e independente dos cromossomos e dos *crossings over*. Cromossomos homólogos pareados trocam partes entre si, aumentando consideravelmente a variabilidade genética (BORÉM, et al., 2017).

Plantas alógamas apresentam níveis de cruzamentos entre indivíduos superiores à 95% (KARASAWA, 2009; BESPALHOK et al., 2014). Nas espécies alógamas diversos

mecanismos são responsáveis por prevenir a autogamia ou favorecer a alogamia. Espécies que apresentam dioícia, por exemplo, em que alguns indivíduos produzem apenas flores masculinas e outros apenas femininas, reproduzem-se exclusivamente por alogamia. Já mecanismos como a monoícia, sistemas químicos de autoincompatibilidade, protandria, protoginia (sistemas temporais que alteram a maturação do pólen e/ou do estigma) e obstrução mecânica da autopolinização, favorecem a fecundação cruzada (KARASAWA, 2009; BORÉM, et al., 2017).

As populações de espécies alógamas são então caracterizadas por apresentarem grande heterogeneidade, ou seja, cada indivíduo da população é altamente heterozigótico e diferente dos demais. Outra característica importante é a significativa perda de vigor por endogamia (BORÉM, et al., 2017).

2.6.2. Tipos de Cultivares

Cultivar é um grupo de indivíduos de qualquer gênero ou espécie vegetal superior que seja claramente distinguível de outros por uma margem mínima de descritores e que possua denominação própria, homogeneidade e estabilidade quanto aos descritores em sucessivas gerações. Os descritores e características agronômicas que conferem identidade aos cultivares podem ser: ciclo, cor das sementes, caracteres morfológicos, reação a doenças, produção de grãos e padrões isoenzimáticos ou de ácidos nucleicos. A estabilidade do cultivar é importante para sua identificação, geração após geração (BORÉM et al., 2017).

a) Híbridos – são resultantes do cruzamento entre indivíduos geneticamente distintos, visando à sua utilização prática da heterose. São heterozigóticos e homogêneos e principalmente utilizados em espécies alógamas. Os híbridos podem ser obtidos do cruzamento de duas linhagens endogâmicas (P1 x P2), formando um híbrido simples; de três linhagens endogâmicas [(P1 X P2) x P3], híbrido triplo; ou de quatro linhagens endogâmicas [(P1 x P2) x (P3 x P4)], resultando em um híbrido duplo. Além de linhagens endogâmicas, cultivares de polinização aberta ou clones (descendem de um único genitor) podem ser utilizados na obtenção dos híbridos (BORÉM et al., 2017).

De forma geral, os híbridos possuem vigor híbrido apenas na primeira geração (F1), onde todos os indivíduos apresentam a mesma constituição gênica em heterozigose. Por isso, a obtenção de sementes híbridas deve ser feita anualmente (SOUZA, 2018).

b) Cultivares de Polinização Aberta – também conhecidos como variedades, são obtidos através da livre polinização ou acasalamento ao acaso de um grupo de indivíduos selecionados. São heterozigóticos e heterogêneos e são uma alternativa ao uso dos híbridos, principalmente no que diz respeito ao custo mais baixo para adquirir sementes e utilização de

sistema produtivo com poucos insumos (BORÉM et al., 2017). Ao considerar a população, Souza (2018) descreve que os materiais são geneticamente estáveis e com os devidos cuidados em sua multiplicação, é possível reutilizar as sementes por várias gerações, em sucessivas safras, sem que o potencial produtivo seja perdido.

c) Cultivar Transgênico – são as cultivares geneticamente modificadas, que receberam gene(s) exógeno via transformação gênica (BORÉM et al., 2017). Apresentam grandes vantagens em relação às versões convencionais, pois os genes neles inseridos proporcionam maior estabilidade produtiva, reduzem custos de produção, facilitam o manejo e devido a redução do uso de produtos fitossanitários para controle de pragas e plantas daninhas, causam menor impacto ambiental (FRITSCH NETO e MÔRO, 2017).

2.6.3. Hibridação

Allard (1999) define híbrido como a primeira geração do cruzamento entre linhagens completamente endogâmicas, variedades de polinização aberta, clones ou qualquer outro tipo de população divergente. A hibridação consiste então, na fusão de gametas geneticamente diferentes, resultando indivíduos híbridos heterozigóticos (BORÉM et al., 2017).

Beal (1880) foi o primeiro a obter resultados com a hibridização de milho, porém, foram os trabalhos de Shull e East, sobre endogamia e heterose nos cruzamentos entre linhagens, que trouxeram mais impacto sobre a utilização de milhos híbridos. Shull (1908) propôs o uso comercial de híbridos simples, mas o mercado não foi conquistado de imediato. Em 1918, Donald F. Jones finalmente viabilizou o uso de milho híbrido, sugerindo o cruzamento entre dois híbridos simples, obtendo híbridos duplos (BORÉM, et al., 2017; SOUZA, 2017).

Em 1923, no estado de Iowa, a família de George Kurtzweil, instalou o primeiro campo de produção de sementes híbridas, dando origem à primeira empresa de sementes, a Cooper Cross. Um fato curioso, é que o primeiro despendoamento para produção de sementes de milho híbrido, foi realizado por Ruth Kurtzweil, irmã do proprietário (BISON, 2001).

No ano de 1925, sete anos após a publicação dos trabalhos de Jones (1918), surgia em Johnston, Iowa, EUA, a Pioneer Hi-Bred Corn Company, que tornaria-se mais tarde a maior empresa de desenvolvimento e produção de sementes de híbridos no mundo.

O Brasil foi o segundo país a adotar o cultivo de milho híbrido, através dos trabalhos iniciados no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e na Universidade Federal de Viçosa (UFV). A história registra e credita os primórdios do milho híbrido no País a Antônio Secundino de São José, que juntamente com Gladstone Drummond, em 1938, produziram o primeiro

híbrido semiduro do Brasil (cruzamento entre linhagens duras do grupo Cateto e linhagens moles do grupo Amarelão), alcançando 50% a mais de produtividade do que as variedades de polinização aberta existentes na época. Surge então, a Agrocerec Ltda., primeira empresa a produzir milho híbrido no Brasil (PATERNIANI e CAMPOS, 1999; BORÉM, et al., 2017; SOUZA, 2017).

2.6.4. Métodos de Melhoramento Genético Utilizados na Cultura do Milho

2.6.4.1. Duplo-Haploides

A tecnologia de linhagens duplo-haploides (DHs) tem por base a obtenção de indivíduos haploides e posterior duplicação do seu genoma, podendo ocorrer de forma espontânea ou artificial (PRIGGE e MELCHINGER, 2011).

Contextualizando, indivíduos haploides são portadores de uma única cópia de cada cromossomo característico da espécie, apresentando em seu tecido somático o número n de cromossomos típicos dos gametas do organismo. Cultivares haploides tem pouco valor de aplicação direta na agricultura, pois apresentam plantas de baixo porte e pouco vigorosas quando comparadas a indivíduos diploides. No melhoramento de plantas também não apresentam uso direto, mas podem ser adotados para o desenvolvimento de cultivares se tiverem seus cromossomos duplicados (BORÉM et al., 2017).

Várias metodologias podem ser aplicadas para obtenção de duplo-haploides em milho, entretanto, a mais usual é a técnica de indução de haploidia *in vivo*. Atualmente é a metodologia mais promissora, devido sua eficiência e maior facilidade de implantação (BORÉM et al., 2017; GUIMARÃES et al., 2018).

Borém et al. (2017) descrevem que um programa de melhoramento baseado em duplo-haploides tem início da mesma forma que o programa convencional, selecionando genitores para os cruzamentos. A primeira geração obtida (F1) é preferencialmente avançada através de autofecundação (F2) e então, as novas populações segregantes são utilizadas como fonte para extração de novas linhagens. Com a obtenção de genótipos-fonte, se dá início ao processo de indução de haploidia, realizando o cruzamento com linhagens indutoras de haploidia. As linhagens indutoras são genótipos capazes de induzir a formação de sementes com embrião haploide (GUIMARAES et al., 2018), podendo originar haploides maternos ou paternos.

De maneira simplificada, a indução de haploidia pode ocorrer através da chamada androgênese, onde o indutor recebe pólen do genótipo-fonte, desenvolvendo um embrião haploide contendo apenas carga genética do genitor masculino, ou, ao contrário, na

gimnogênese o indutor é um genitor masculino, que ao entrar em contato com a oosfera do genótipo-fonte, induz a divisão mitótica da oosfera em um embrião haploide, portando genes apenas do genitor feminino (BORÉM et al., 2017; GUIMARAES et al., 2018).

Realizadas as induções, é preciso identificar a haploidia positiva para dar sequência ao processo de obtenção dos DHs. Nanda e Chase (1966) desenvolveram um sistema de marcador morfológico, através da pigmentação com antocianina. A técnica é baseada na expressão do gene *RI-navajo* (*RI-nj*), que promove a pigmentação purpura tanto no endosperma quanto no embrião da semente de milho. Sementes que apresentarem embrião e endosperma roxos, são diploides; embriões de coloração branca e endosperma de cor púrpura são haploides e devem ser selecionados para a duplicação cromossômica; e ainda, há a categoria em que a expressão do gene *RI-nj* é inibida, impossibilitando a identificação de haploides. A identificação é possível pois o endosperma é um tecido triploide e o embrião, diploide. Devido o marcador ser dominante, em um cruzamento ele sempre será expresso no endosperma; entretanto, no caso de um embrião haploide, o marcador não estará presente, isso porque, o embrião não contém o genoma da linhagem indutora que carrega o alelo *RI-nj* (BELICUAS, 2004).

Para finalizar o processo de obtenção de DHs, é preciso realizar a duplicação cromossômica dos indivíduos haploides. A duplicação cromossômica consiste em gerar cópias de cada cromossomo presente em cada célula haploide. O principal método utilizado é a duplicação com uso de colchicina, um agente antimitótico que promove a duplicação dos cromossomos no interior da célula e simultaneamente impede a migração das cromátides para os polos, resultando então, em células com número de cromossomos duplicados (PRIGGE e MELCHINGER, 2011; BORÉM et al., 2017; GUIMARÃES et al., 2018).

As linhagens que passam pela duplicação cromossômica são denominadas de geração D0 (PRASSANA et al., 2012) e são linhagens que apresentam características de fragilidade, baixa estatura e pouca produção de pólen e sementes. Por isso, é conduzida mais uma geração por autofecundação, obtendo linhagens DHs-D1, que apresentam mais estabilidade e melhor desempenho agrônômico (GUIMARÃES, et al., 2018).

Obtida a geração DH-D1, as linhagens mesmo apresentando homozigose máxima, participam dos testes de caracterização e testes de progênies (*topcross*), da mesma forma que as linhagens obtidas por método convencional. A grande vantagem da utilização de DHs nos programas de melhoramento genético, é a obtenção rápida de linhagens completamente homozigotas.

2.6.4.2. Método Descendente de Uma Única Semente

O método descendente de uma única semente, comumente conhecido como SSD (*Single Seed Descent*) é crédito de Charles Brim (1966). Conforme relatado pela literatura, o método consiste em avançar gerações segregantes até que o nível de homozigose desejado seja atingido, tomando uma única semente de cada progênie para originar a geração subsequente (BRIM, 1966).

A principal característica do método é a separação da fase de obtenção de linhagens homozigóticas e da fase de seleção. Em outras palavras, a seleção de genótipos só tem início após obtenção de linhagens com elevada taxa de homozigose. Ainda, como apenas uma semente por planta é utilizada para construir a geração seguinte, elimina-se a seleção natural, e os indivíduos podem ser conduzidos em casas de vegetação ou em ambientes manipulados para as condições exigidas pela cultura. Geralmente, os melhoristas impõem modificações ao método, a fim de adequá-lo aos seus objetivos (BORÉM et al., 2017).

2.6.4.3. Melhoramento pelo Método Convencional

O processo clássico para o desenvolvimento de linhagens de milho envolve sucessivas gerações de polinização controlada, onde diferentes tipos de cruzamentos podem ser realizados para a obtenção de linhagens endogâmicas (HALLAUER et al., 2010). Dentre os métodos convencionais de melhoramento, a utilização de sucessivas autofecundações para o desenvolvimento de linhagens endogâmicas, associadas principalmente ao método de *pedigree* ou genealógico, sempre se mostrou o procedimento mais promissor nos programas de melhoramento de milho (BORÉM, 2001).

O método genealógico ou *pedigree* foi proposto inicialmente por Hjalman Nilsson e tem por principal característica o registro da procedência (genealogia) de cada planta selecionada dentro das melhores famílias, ou seja, se baseia na seleção individual de plantas na população segregante (BORÉM et al., 2017; GUIMARÃES et al., 2018).

O método-padrão de desenvolvimento de linhagens de milho, segundo Guimarães et al. (2018), necessita de seis a oito gerações de autofecundação para que aproximadamente 99% da homozigose seja alcançada.

3. OBJETIVO

3.1. GERAL

O presente relatório tem por objetivo geral documentar a realização de estágio supervisionado em uma das estações de pesquisa da Corteva, localizada no município de Passo Fundo/RS, durante o período compreendido entre 08/02/2021 e 30/07/2021.

3.2. ESPECÍFICO

Tem por objetivos específicos relatar as atividades desenvolvidas junto ao programa de melhoramento genético de milho realizado na estação, através do auxílio de avaliações fenotípicas, colheitas do *nursery*, processamento de materiais produzidos, preparo de ensaios do *winter nursery*, inventário e compartilhamento de germoplasma.

4. O PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO DA CORTEVA AGRISCIENCE™

4.1. LASS – LATIN AMERICAN SUMMER SOUTH Programas BE, BP e BS – Passo Fundo/RS

Os trabalhos de pesquisa para desenvolvimento de novos materiais genéticos e/ou novas cultivares de milho híbrido realizados na estação de pesquisa de Passo Fundo são destinados ao cultivo de “milho verão” para a região Sul do Brasil. Sabe-se que a cultura do milho possui ampla adaptação geográfica, sendo cultivado principalmente em regiões tropicais e subtropicais. Por ser uma cultura anual de estação quente, influenciada pela soma-térmica para ocorrência de suas fases fenológicas e conclusão do seu ciclo, possui ampla variabilidade de acordo com sua precocidade. Tendo isso em vista e devido às condições climáticas da região Sul (que possui quatro estações bem definidas), o foco dos programas de melhoramento de milho para o Brasil meridional baseiam-se principalmente em variedades hiper precoces, super precoces e precoces a fim de atender a estreita janela de semeadura, permitindo que esta ocorra no final do inverno e evite prejuízos causados pela estiagem no verão ou então, que permita uma semeadura tardia e evite as baixas temperaturas ao final do ciclo, evitando perdas e/ou danos causados por insuficiência térmica (BERGAMASCHI e MATZENAUER, 2014; CONAB, 2019; EICHOLZ et al., 2020).

Os programas localizados em Passo Fundo, denominados de BE, BP e BS, são assim caracterizados:

- a) Programa BE – compreende materiais hiper precoces, com CRM entre 113 e 118 dias;
- b) Programa BP – materiais super precoces, com CRM de 119 a 127 dias;
- c) Programa BS – materiais precoces, com CRM na faixa de 128 a 133 dias.

Ainda, cabe salientar que o programa é formado por 70% de duplo-haploides (DHs), 20% de descendentes de uma semente (SSD – *Single Seed Descendent*) e os 10% restantes são oriundos de método de melhoramento convencional.

4.2. PROCESSOS DE UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO HÍBRIDO

Os programas de melhoramento de milho acontecem em duas principais etapas, definidas em: desenvolvimento de novas linhagens e avaliação dos híbridos. A obtenção de novas linhagens acontece através de cruzamentos dirigidos, onde os parentais são escolhidos dentro dos grupos heteróticos de afinidade pré-estabelecidas.

4.2.1. Obtenção de Novas Linhagens

4.2.1.1. Escolha dos Parentais

A escolha dos progenitores é de suma importância para o sucesso de um programa de melhoramento, bem como, o planejamento dos cruzamentos, pois assim, se maximiza a utilização de alelos desejáveis. A escolha dos parentais acontece de acordo com alguns critérios e depende do objetivo do melhorista.

Neste caso, em que o programa objetiva o desenvolvimento de novas cultivares, os progenitores devem apresentar desempenho agrônômico superior e devem ser adaptados à região de cultivo. São genitores potenciais:

- a) Cultivares em uso: devem ser a primeira opção para fonte de genitores, pois agregam a maioria das características exigidas pelo mercado, apresentando alto rendimento produtivo e outras características agrônômicas desejáveis. A probabilidade de se obterem linhagens superiores em cruzamentos entre cultivares é relativamente alta;
- b) Linhagens-elite: são linhagens em fase final de avaliação (pré-comerciais). A utilização dessas linhagens como genitoras torna possível a eliminação de populações segregantes com aspectos limitantes, cuja superioridade é questionável;

c) Linhagens com características específicas: linhagens que não possuem bom desempenho, mas são portadoras de atributos de interesse específico (BORÉM et al., 2017).

4.2.1.2. Linhagens Endogâmicas – Método Genealógico (modificado)

i. **Cruzamento P1 x P2** – processo inicial do programa de melhoramento, onde ocorre o cruzamento de uma linhagem-elite x linhagem-elite, linhagem-elite x híbrido comercial ou híbrido comercial x híbrido comercial. Os cruzamentos são dirigidos, através da seleção de progenitores fêmeas - *Stiff Stalk Synthetic* - e progenitores machos - *Non Stiff Stalk* - que possuem afinidade e capacidade combinatória entre si, dentro dos grupos heteróticos pré-estabelecidos.

Os grupos hereróticos envolvem fontes independentes de germoplasma, ou seja, os agrupamentos ocorrem obedecendo o critério de linhagens que envolvam o mesmo germoplasma (ou semelhante), formando diferentes conjuntos gênicos entre os grupos. Geralmente, cruzamentos envolvendo indivíduos com conjuntos gênicos distintos são consistentemente superiores quando comparados com cruzamentos entre grupos com germoplasma relacionados (BORÉM et al., 2017 e CARENA e BARI, 2018).

Dentro de um programa de melhoramento, o desenvolvimento de linhagens-elite é de extrema importância e por isso, grupos heteróticos são bem característicos a fim de manterem-se combinações genicas favoráveis que garantam e melhorem a heterose. *Stiff Stalk Synthetic* (SSS) e *Non Stiff Stalk* (NSS) são grupos heteróticos usados como referência (CARENA e BARI, 2018).

Segundo Hauller e Carena (2009), tradicionalmente a classificação e conseqüentemente atribuição das linhagens aos grupos heteróticos é baseada no *pedigree*. Lima e Borém (2018) citam que marcadores moleculares também podem ser utilizados para analisar a similaridade ou distância genética entre linhagens, auxiliando na distribuição destas dentro dos grupos.

Hauller et al. (1983) descreve que o grupo *Stiff Stalk Synthetic* surgiu do cruzamento de 16 linhagens endogâmicas, na década de 30. As 16 linhagens foram selecionadas em diferentes produtores de milho, mas apresentavam característica comum quanto a qualidade de colmo (*stalk quality*). A exata origem das linhagens que originaram o grupo não é conhecida em totalidade, mas sabe-se que a maioria delas são fonte do tipo “*Reid’s Yellow Dent*”. O grupo foi amplamente estudado em Iowa e por isso foi denominado como “*Iowa Stiff Stalk Synthetic*” (BSSS).

Atualmente, os grupos heteróticos para milho dentado foram subdivididos em: grupo heterótico *Iowa Stiff Stalk Synthetic* (BSSS) e não BSSS (*Non Stiff Stalk*). O BSSS que primariamente era composto apenas por *Reid's Yellow Dent*, é o grupo mais utilizado para o desenvolvimento de linhagens parentais fêmeas enquanto, o grupo *Lancaster Sure Crop* é o mais comum para originar as linhagens parentais masculinas (CARENA e BARI, 2018).

ii. **Geração F1** – resultado do cruzamento anterior, na geração F1 todos os indivíduos são autofecundados, as melhores espigas são selecionadas e em conjunto, formarão um *bulk* para a obtenção da geração seguinte (F_{1:2}).

iii. **Geração F2** – a partir dessa geração, acontece a seleção das melhores progênies da população através das características fenotípicas apresentadas por cada indivíduo, ou seja, plantas fenotipicamente superiores são selecionadas e colhidas separadamente (BORÉM et al., 2017). As características da família também devem ser observadas neste momento (características genéticas), pois há alta variabilidade genética/segregação nesta fase. Ainda, é necessário que esta geração seja conduzida em condições representativas de cultivo, porém com espaçamento ligeiramente maior, permitindo uma melhor avaliação individual das plantas (BORÉM et al., 2017).

Nesta etapa, o *bulk* é “aberto” (F_{1:2}) e todas as plantas também serão autofecundadas (F₂). Neste processo, as melhores espigas dentro da população são selecionadas e dão origem a novas famílias na geração seguinte (F_{2:3}).

iv. **Geração F3** – Nesta geração, realizam-se três ensaios: multiplicação de sementes (autofecundação), observação e TC1.

O ensaio de multiplicação (*increase*) é feito para que haja quantidade suficiente de sementes para a realização dos próximos ensaios, caso a progênie sobressaia, seja selecionada e siga avançando no programa.

O ensaio de observação acontece para que seja possível realizar as avaliações de caracterização da linhagem, acompanhamento do florescimento (maturidade) e avaliações de espiga no momento da pré-colheita (tamanho de espiga e podridão).

Por fim, nesta etapa ocorre também a realização de um *topcross* (TC1) entre quatro e seis locais, onde a população a ser avaliada é cruzada com um testador comum a fim de obterem-se informações preliminares. O *topcross* deve ocorrer em um campo isolado, onde o testador seja a única fonte de pólen e as demais linhagens (a serem testadas) deverão ser despendoadas (BORÉM et al., 2017), para que se obtenham sementes para avaliação da capacidade geral de combinação (CGC) na próxima fase.

O método *topcross* objetiva avaliar a superioridade das linhagens em cruzamentos com testadores, eliminando as que apresentam desempenho agrônomico inferior, tornando mais eficiente a identificação dos melhores híbridos (NURMBERG et al., 2000). Em conjunto, a capacidade de combinação indica a quantidade de alelos favoráveis que uma linhagem apresenta para determinada característica e é calculada pela diferença entre a média do caráter exibido no cruzamento e a média geral dos cruzamentos. Linhagens que apresentam altos valores para essa estimativa, deverão resultar em cruzamentos superiores devido seu alto valor genético (VENCOVSKY, 1987; NASS et al., 2001).

A capacidade geral de combinação (CGC) consiste, então, na habilidade em que um genótipo possui de produzir progênie com determinadas características quando cruzado com outros genitores, ou seja, permite conhecer informações sobre o desempenho médio da linhagem nos híbridos em que participa (SPRAGUE E TATUM, 1942; BORÉM et al., 2017). Vale ressaltar que a CGC está relacionada com os genes de efeito aditivo e Borém (2017) afirma que linhagens que apresentarem alta capacidade de combinação podem ser testadas minuciosamente em ensaios comparativos de produtividade.

Sendo assim, as plantas selecionadas em F3 são testadas com uma linhagem-elite de diferentes grupos heteróticos pertencentes ao programa de melhoramento da empresa. Geralmente os cruzamentos acontecem em blocos de proporção 4:3 (4 SSS x 3 NSS), onde tanto o pendão quanto a boneca são protegidos para que não ocorra contaminação dos materiais. A semeadura dos doadores de pólen deve ser criteriosa, a fim de criar um “efeito guarda-chuva”, capaz de acompanhar o florescimento das fêmeas. Desta forma, os blocos são montados em esquema de *delay* para sincronização de florescimento e pólen viável.

A escolha dos materiais que seguirão no Programa depende de três importantes fatores: os resultados dos ensaios de rendimento, as avaliações de observação das linhagens e a predição genética.

v. **Geração F4** – Os materiais selecionados em F3 são então conduzidos na geração F4, novamente em autofecundação e semelhante à geração anterior, as famílias F_{3;4} consideradas superiores são submetidas à seleção individual (BORÉM et al., 2017).

Na presente geração, ocorrem os mesmos três ensaios realizados em F3: *increase*, observação das linhagens, um segundo *topcross*, e adicionalmente, ocorre um *techstart*. O *techstart* corresponde ao primeiro cruzamento das linhagens selecionadas com um doador de tecnologia.

O segundo *topcross* (TC2) é conduzido de forma semelhante ao da geração anterior (F3), entretanto, utilizando três testadores que sejam diferentes dos utilizados no TC1 e em até dez diferentes locais. Novamente são analisadas as CGC.

Em F4, as progênies superiores selecionadas a partir dos ensaios de rendimento, observação das linhagens e de sua predição genética, originam novas linhagens. As linhagens recebem então uma codificação, contendo todas as informações genealógicas. Através do código recebido, ao acessar o sistema da empresa, é possível consultar todo o pedigree e processo realizado para sua obtenção.

vi. **Geração F5/F6** – Note que neste determinado tópico encontram-se duas gerações em conjunto. Isto porque, os indivíduos que apresentaram superioridade e foram selecionados em F4 (F_{4.5}) durante o ensaio de verão (*summer*) são encaminhados para o *winter nursery*, na Estação de Pesquisa de Palmas/TO, para o avanço de uma geração, ou seja, no *winter nursery* são obtidos os materiais que originarão a geração F6 (F_{5.6}).

Na safra do verão seguinte, as gerações (F_{4.5} e F_{5.6}) são conduzidas conjuntamente, sendo dois *sources* para F5 e um *source* para F6. Em geral, três ou quatro melhores espigas dentro de cada família são colhidas e armazenadas para manutenção e multiplicação da linhagem. Para esta determinada situação, em que ambas as gerações são conduzidas ao mesmo tempo, o material é escolhido dentro do melhor *source*.

Cabe salientar que a seleção na geração F4 e nas subsequentes deve ser baseada principalmente no comportamento das progênies ao invés de se fundamentar na avaliação individual de plantas, isto porque a seleção dentro das linhas é pouco eficiente. Em F4, o nível de homozigose médio atinge 87,5% e grande número de progênies expressa uniformidade de diversos caracteres morfológicos (BORÉM et al., 2017). Em outras palavras, a partir da geração F4 o grau de homozigose aumenta gradativamente até o ponto em que não se encontram diferenças fenotípicas (e conseqüentemente genotípicas também) dentro de uma mesma família, ou seja, a variabilidade dentro das famílias diminui e a uniformidade dentro delas aumenta.

4.2.2. Avaliações dos Híbridos

O comportamento dos híbridos é função da heterose expressa no cruzamento entre os genitores selecionados. A heterose geralmente é aumentada em função da distância genética entre os genitores. O objetivo no desenvolvimento de híbridos é identificar linhagens que, quando cruzadas entre si, expressam alto vigor por combinarem bem (BORÉM et al., 2017).

As linhagens, depois de definitivamente codificadas, passam aos testes de produtividade e testagem em diferentes locais para avaliação do comportamento de adaptabilidade. Os ensaios são conduzidos com a presença de híbridos comerciais como testemunhas. Anteriormente, nos *topcrosses*, foram estimadas a capacidade geral de combinação, onde o melhorista pode obter informações preliminares sobre o desempenho médio das linhagens nos híbridos em que participam com relação aos efeitos aditivos dos locos. A partir de agora, são avaliadas também a capacidade específica de combinação (CEC) que aponta quanto aos efeitos de dominância e epistasia dos locos em determinados cruzamentos (GIORGENON, 2015).

i. **R1** – Neste momento são observados o comportamento das novas linhagens oriundas da geração F4, através da adaptabilidade e estabilidade do material em ambientes diferentes. A adaptabilidade de um genótipo está relacionada com a capacidade em que este possui de aproveitar vantajosamente as variações do ambiente. A estabilidade de comportamento, por sua vez, refere-se à sua capacidade de apresentar-se altamente previsível mesmo com as variações ambientais (BORÉM et al., 2017).

A adaptabilidade e a estabilidade de um genótipo dependem da sua constituição genética, isto é, do número de genótipos que a constitui e da heterozigose dos genótipos. Um genótipo de milho deve apresentar, em diferentes condições de ambiente, alta produtividade e sua superioridade deve ser estável (BORÉM et al., 2017).

Esta fase é extremamente trabalhosa, pois são testados em média 1000 híbridos em aproximadamente 15 diferentes locais, incluindo algumas testemunhas (híbridos comerciais). Dos 1000 híbridos testados, em torno de 75% dos genótipos são eliminados, restando apenas 250 híbridos promissores para a próxima etapa.

ii. **R2** – No segundo ano de testes, os genótipos passam a ser testados em 20 locais, mas ainda em escala regional. O número de locais aumenta com a finalidade de encontrar genótipos adaptados a vasta possibilidade de variações ambientais.

A seleção neste período é bastante limitada e rigorosa, onde aproximadamente 30 genótipos são selecionados para o registro no Ministério da Agricultura (MAPA) e consequentemente avançam para a próxima fase de ensaios.

iii. **R3** – Geralmente esses ensaios acontecem em até 35 diferentes locais, em nível nacional, mas que contemplem principalmente a região de interesse de cultivo. Cabe ressaltar que os genótipos testados não devem apresentar diferenças significativas no seu desempenho. O material deve ser altamente produtivo e apresentar estabilidade de comportamento. Em R3, após avaliação, seguem em média 12 híbridos para a próxima fase.

Concomitante ao ensaio de produtividade, há também a condução dos genótipos promissores em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), com o propósito de obtenção do registro de comercialização. No VCU, as avaliações são baseadas em critérios predeterminados pelo MAPA e expressam a combinação das características agrônômicas do genótipo com as suas propriedades de uso em atividades agrícolas, industriais, comerciais e/ou de consumo *in natura* (BRASIL, 2021).

iv. **R4** – Nestes ensaios aumenta-se o número de locais para até 55 e em geral restam de zero a seis híbridos para avaliação. O ensaio tem a intenção de demonstrar o desempenho produtivo do novo híbrido e por isso, materiais já consolidados no mercado são utilizados como testemunhas. Representa também o segundo ano de ensaio de VCU e caso obtenha-se o registro junto ao MAPA, acontece então a multiplicação dos genótipos em grande escala, em lotes isolados.

Nos ensaios R3 e R4, são testadas as versões com tecnologia, ou seja, híbridos geneticamente modificados contendo as tecnologias “Leptra® (VYH ou VYHR)” ou “PowerCore® ULTRA (PWU)”.

Para finalmente tornarem-se produtos comerciais, os materiais são apresentados para a equipe comercial na reunião de avanço. Se realmente promissores e atendem as necessidades de mercado, os híbridos são então divulgados e comercializados dentro do portfólio de uma das marcas da Corteva: Pioneer® ou Brevant®.

v. **RC** – Os híbridos tornam-se produtos comerciais e passam a ser divulgados por meio de campos experimentais com a presença de um ou dois outros híbridos comerciais como testemunha. Após esta etapa, o novo híbrido então é finalmente lançado, estando disponível para obtenção pelos agricultores.

5. ATIVIDADES REALIZADAS DURANTE O ESTÁGIO

5.1. AVALIAÇÕES EM PRÉ-COLHEITA

Entre as avaliações de pré-colheita, uma delas têm por objetivo avaliar o tamanho da espiga e a incidência e severidade de podridão de espiga em condições de pré-colheita. As avaliações acontecem nos ensaios de observação, nas gerações F3 e F4.

Abordando a avaliação de tamanho de espiga, dentre as características de interesse no melhoramento, buscam-se espigas de tamanho considerável, dentro de um padrão estabelecido,

que acompanhem as exigências de mercado. Isso porque, o tamanho da espiga influencia diretamente na produtividade da cultura.

Com o auxílio de uma régua comum e uma escala de notas (1 a 9), determina-se uma nota para tamanho de espiga, de acordo com os centímetros da espiga que está sendo avaliada. Salienta-se que, a espiga a ser avaliada necessita representar o material da parcela.

Simultaneamente a avaliação de tamanho de espiga, é feita também a avaliação de podridão de espiga em pré-colheita. Para a avaliação de severidade de podridão, a empresa adota uma escala de notas obedecendo um padrão interno, onde as notas são atribuídas variam entre 1 (um) e 9 (nove). A nota 1 (um) representa podridão extrema (muito ruim) enquanto o outro extremo, nota 9 (nove), representa um bom material, livre de podridão. Além das notas numéricas, são atribuídos comentários para cada material, como por exemplo: a podridão em questão (diplódia, giberela, fusarium rajado, fusarium, penicillium) ou complexo de podridão, se há grãos germinados, espiga fina, espiga bifurcada, má polinização, chupeta (ausência de grãos no ápice da espiga), entre outros aspectos relevantes.

Esta avaliação é extremamente importante para o programa de melhoramento, pois avalia-se a incidência e severidade do complexo de podridões de espiga, sendo um dos fatores responsáveis pela perda de produtividade, pelas perdas na qualidade dos grãos e conseqüentemente desvalorização do produto, além de ser uma ameaça a saúde de animais e humanos, pois pode ocorrer a ingestão de mico toxinas através de grãos contaminados (PINTO, 2007; COSTA, et al., 2012; DA SILVA e DA SILVA, 2015).

Os danos causados pelo ataque de fitopatógenos nas espigas e grãos de milho em pré-colheita levam a produção de grãos ardidos, ou seja, os grãos apresentam pelo menos um quarto de sua superfície descolorida, variando em colorações de marrom claro a roxo ou de vermelho claro a vermelho escuro (PINTO, 2005; COTA et al., 2017), dependendo do patógeno. Como supracitado, além dos danos físicos causados pelos fungos toxicogênicos (descoloração e redução de conteúdos), algumas espécies também são capazes de biossintetizar micotoxinas prejudiciais à saúde humana e animal (CASELA et al., 2006; PINTO, 2007). Conforme descreve Ottoni (2008), micotoxinas são metabolitos secundários tóxicos oriundos de alguns gêneros fúngicos, podendo ou não, serem portadores de compostos potenciais de agentes carcinogênicos.

Destacam-se como principais patógenos causadores de podridão de espiga/grãos ardidos:

a) Podridão Branca da Espiga – Diplódia: *Stenocarpella maydis* (*Diplodia maydis*) e *S. macrospora* (*Diplodia macrospora*) são os agentes causais da doença. Os principais

sintomas são grãos de coloração marrom apresentando baixo peso e crescimento micelial branco, denso e compacto entre as fileiras de grãos (em condições de alta umidade) (Figuras 3 e 4). Espigas mal empalhadas, com palha frouxa ou não decumbentes são mais suscetíveis à podridão branca. A alta precipitação no período de maturação também favorece o aparecimento da doença (PINTO, 2005; PINTO, 2006; COTA et al., 2017).



Figura 3 e 4. Diplódia em milho. Fonte: Autor, 2021.

b) Podridão de *Fusarium* – *Fusarium* Rajado: é causada principalmente por duas espécies de fungos, denominadas de *Fusarium verticillioides* e *F. subglutinans*. Os sintomas podem se manifestar em grãos isolados ou em grupos de grãos e sua distribuição está relacionada com a infecção do fungo pelo canal dos estigmas ou associada a injúrias provocadas por insetos (WORDELL FILHO, et al., 2016; COTA et al., 2017). Na maioria das vezes, a infecção provoca coloração rosada/salmão nos grãos ou, mais comumente, leva ao aparecimento de estrias brancas no pericarpo (Figuras 5 e 6) (SABATO e FERNANDES, 2014).

c) Podridão Rosada – Giberela: é causada pelo fungo *Giberella zeae* (forma imperfeita de *Fusarium graminearum*) que forma uma massa cotonetosa avermelhada na ponta da espiga (Figura 7). Devido ao crescimento excessivo do micélio, a palha também pode ser colonizada pelo patógeno e se aderir firmemente à espiga (WORDELL FILHO, et al., 2016; COTA et al., 2017). Chuvas em excesso no final do desenvolvimento da cultura podem

aumentar a incidência da doença, principalmente em campos de cultivares de espigas não decumbentes.



Figura 5 e 6. Fusariose em milho. Fonte: Autor, 2021.



Figura 7. Giberela em milho. Fonte: Autor, 2021

d) *Penicillium* spp. e *Aspergillus* spp. – são espécies de fungos que ocorrem normalmente durante o armazenamento de sementes e grãos, mas sua ocorrência é muito comum em pré-colheita também. *Aspergillus* desenvolve-se normalmente em baixa umidade, entorno de 13,1% e *Penicillium* (Figuras 8 e 9) apresenta-se ativo em umidade acima de 16% (PINTO, 1996).



Figura 8 e 9. *Penicillium* em milho. Fonte: Autor, 2021.

Conforme descrevem Pinto (2005, 2006, 2007), as podridões de espiga podem ocasionar danos severos aos grãos, desde a perda de coloração e qualidade, podendo causar sérios problemas de saúde em humanos e animais. A desvalorização do produto e perdas de produtividade são fatores que também merecem atenção. Por isso, durante o processo de melhoramento genético, buscam-se materiais que sejam mais resistentes ou tolerantes à fitopatógenos.

Cabe ressaltar que para a severidade de doença, é importante atribuir uma nota que seja representativa de todos os materiais que estão na linha. Ou seja, o avaliador necessita ter um olhar criterioso para uma perspectiva geral do material. É importante também, observar se houve ataque de insetos, principalmente lagartas, pois estes podem ser veículo de entrada para os fitopatógenos.

Tanto a nota de tamanho de espiga quanto a de podridão, auxiliam a ranquear os materiais quando o melhorista está avaliando quais genótipos apresentam superioridade e serão então, mantidos no programa.

5.2. PREPARO DE ENSAIOS

5.2.1. Ensaio para o Plantio de Inverno - *Winter Nursery*

O preparo de ensaios depende exclusivamente da decisão dos materiais que seguirão no programa de melhoramento e que serão levados a campo na safra seguinte. Diante disso, são feitas as *entrylists* e o mapeamento dos ensaios.

A preparação dos ensaios em si, têm início pela impressão dos pacotes de plantio, contendo devidamente a identificação dos materiais (GName, SIID), sua localização na câmara fria (LOCID), o número de sementes a serem contadas e as informações do ensaio (local do ensaio, range, plot, identificação do experimento). Em seguida, os pacotes de plantio são distribuídos e anexados aos pacotes originais (que podem estar na câmara fria ou na sala de processamento) para que ocorra a contagem de sementes.

Para a contagem, há protocolos a serem seguidos, principalmente no que diz respeito a contaminação cruzada de materiais. Por isso, os responsáveis pela contagem devem parecer a uma distância segura e este, deve finalizar a contagem de um material para dar início a contagem do material seguinte. Vale ressaltar a importância de manter a mesa/bancada limpa e organizada e caso algum material (semente) saia da área delimitada de contagem ou caia no chão, deve ser descartado para não gerar dúvida. A conferência de *inventory* do pacote original com o pacote de plantio também deve acontecer rigorosamente. Após feita a contagem, os materiais passam então pelo tratamento químico de sementes e apenas pessoas habilitadas podem realizá-lo.

Para finalizar a montagem, depois de receberem o tratamento de sementes, os pacotes de plantio são distribuídos em caixas organizadoras de acordo com as informações do ensaio a qual pertencem. De acordo com o mapeamento e tipo do ensaio, os materiais recebem uma sequência: a) ensaios de *selfing*: *location* → *plot* → *range*; b) ensaios de *crossing block*: *location* → *delay* → *plot* → *range*. Após ordenação, é feita novamente uma conferência para checagem da ordenação dos pacotes. Estando tudo correto e organizado, os pacotes são unidos através de barbantes para que não saiam de sua ordem e nem sejam extraviados. Cada ensaio é colocado em uma caixa, que é identificada e embalada para envio. O *winter nursery* é enviado para condução na estação de pesquisa da Corteva em Palmas/TO.

5.2.2. Ensaios para o Plantio de Verão - *Nursery*

O preparo dos ensaios de verão assemelha-se muito com a montagem dos ensaios de inverno. O que difere entre eles é que no ensaio de verão os materiais de plantio são transferidos para “*clamshells*” e estas, transferidas e organizadas nas *magazines* que serão acopladas a plantadeira.

O processo de impressão de pacotes de plantio, distribuição, contagem, tratamento e organização nas caixas de papelão seguem os mesmos procedimentos descritos no preparo de ensaios do *winter nursery*. Os pacotes de plantio contêm as informações do material (SIID, GEnome), sua localização física na câmara fria, a quantidade de sementes a serem contadas e as informações do experimento a qual pertencem (local, nomenclatura do experimento e ordenação). A distribuição dos materiais nas caixas de papelão é ordenada por: experimento → SIID.

Posterior a organização dos materiais dentro do experimento, utiliza-se o carrossel para a impressão das *clamshells*, ou seja, ocorre a identificação das “caixinhas” de plantio. Na parte superior das *clamshells* são impressas o local do ensaio e o *inventory* e na lateral, há impressão de um QRcode, do *inventory* e da localização nas *magazines* (nº *magazine*, coluna e linha).

Ocorre então a transferência dos pacotes de plantio para as *clamshells*, através da associação do SIID do pacote de plantio com o *container ID* da caixinha de plantio, com o auxílio de *scanner*. As *clamshells* são organizadas então nas *magazines* de papelão e verificadas, a fim de confirmar a ordenação. Em hipótese alguma as *clamshells* podem estar em posição errada. Feita a conferência, por fim, as caixinhas de plantio são transferidas para as *magazines* metálicas que serão acopladas na plantadeira.

5.3. ORGANIZAÇÃO DO BANCO DE GERMOPLASMA E INVENTÁRIO DE SEMENTES

O inventário de sementes consiste basicamente na manutenção do banco de germoplasma dos programas de melhoramento, mantendo os materiais que avançaram no Programa e descartando os que não são mais de interesse.

Todos os materiais ficam armazenados em uma câmara fria, passando pelo expurgo antes de seu armazenamento. O expurgo com fosfina (PH₃) consiste na eliminação de pragas que podem afetar as sementes armazenadas mediante o uso de gás. Na câmara fria, os materiais

são separados por grupos e todos recebem uma localização, a fim de facilitar sua busca quando necessário.

Durante o processo de inventário, todos os materiais passam por uma lista de conferência e são então designados para armazenamento (*save*) – materiais que seguem no programa – ou para descarte (*discard*) – materiais que não atendam mais os objetivos ou não apresentem as características desejadas dentro daquele determinado programa. Os materiais descartados são oferecidos para as demais estações de pesquisa do Brasil, e caso apresentem-se interessante para os outros programas, o material é então transferido para a estação solicitante.

Os materiais salvos são reorganizados nas devidas localizações e passam pelo processo de pesagem. O registro dessas informações no sistema é de extrema importância para organização e tomada de decisões.

A conferência de quantidades é fundamental tanto para o preparo dos ensaios quanto para a possibilidade de compartilhamento de germoplasma. Além da transferência de materiais descartados (quando estes são solicitados por apresentarem-se interessantes para outros programas), há a possibilidade de compartilhamento de materiais ativos no banco de germoplasma entre os centros de pesquisa da Corteva. A decisão do compartilhamento e a quantidade a ser compartilhada cabe ao melhorista dono do programa. O compartilhamento de material genético é muito comum entre as estações do Brasil e com estações do exterior (principalmente com os países em que as características edafoclimáticas assemelham-se com as do nosso País), como por exemplo, o México, Argentina, África do Sul, Estados Unidos, entre outros.

Além da organização das localizações, organização por setores – *Lines, IEs, All Bulks, All Pops, DHs, Codes*, Portarias, Pré-Comerciais, Comerciais – todos os materiais devem ser etiquetados contendo principalmente o seu número de *inventory*, e no caso dos materiais OGMs (organismos geneticamente modificados) e/ou sementes que receberam tratamento, devem ser sinalizados com tarjas: azuis para materiais OGM e laranja para tratamento.

Para o armazenamento, além de expurgadas, as sementes devem estar limpas e precisam ser mantidas na câmara após seu uso, não prolongando sua exposição ao ambiente para evitar a contaminação por pragas e perda de vigor.

Da mesma forma que muitos materiais são compartilhados e enviados para outros centros de pesquisa da Corteva, a estação de Passo Fundo também solicita materiais das outras estações. Quando recebidos, os materiais passam por conferência no sistema, sendo expurgados e por fim destinados a seu local dentro da câmara fria.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A realização do estágio supervisionado é fundamental para a formação pessoal e profissional, principalmente por consolidar o conhecimento adquirido durante os anos de graduação. As situações práticas, desafios e adversidades impostas pelo dia a dia, tornam o concluinte do curso mais preparado para ser um futuro atuante da área.

Por meio da oportunidade concedida pela Corteva Agriscience™ para realização do estágio supervisionado, pode-se conhecer o funcionamento de uma das multinacionais líderes do mercado agrícola, tanto na área de comercialização de insumos e tecnologias quanto no desenvolvimento de pesquisa e genética vegetal. O acompanhamento prático do desenvolvimento de um programa de melhoramento genético, através de profissionais altamente qualificados, permitiu a obtenção de inúmeros conhecimentos, transformando-se em uma experiência completa.

Esta vivência também possibilitou acompanhar a importância na gestão de pessoas, principalmente para o desenvolvimento e desempenho das atividades propostas. A Corteva Agriscience™, preocupa-se com a diversidade de pessoas e desta forma, contribui para a formação de indivíduos mais tolerantes e que desenvolvem trabalho em equipe sem distinções.

Desta forma, o estágio cumpriu com seus objetivos, de enriquecer os conhecimentos acadêmicos, permitindo a troca de experiências e o desenvolvimento de senso crítico.

7. REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 3. ed. New York: John Wiley, 1999.
- BELICUAS, P. R.; GUIMARÃES, C. T.; PAIVA, L. V.; DUARTE, J. M.; MALUF, W. R.; PAIVA, E. Androgenetic haploids and SRR markers as tools for the development of tropical maize hybrids. **Euphytica**, Wageningen, v. 156, p. 95-102, 2007.
- BERGAMASCHI, H.; MATZENAUER, R. **O milho e o clima**. Porto Alegre: Emater/RS-Ascar, 2014. 84 p. il.
- BESPALHOK, J. C. F.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Sistemas reprodutivos de plantas cultivadas**. 2014. cap. 4. Disponível em: <<http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%204.pdf>>. Acessado em: 12 jul. 2020.
- BISON, O. **Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens**. Lavras: UFLA, 2001. 73 p.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 3. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2001. 500 p. il.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCH NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. 543 p. il.
- BRASIL. **Registro Nacional de Cultivares**. Disponível em: <<https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares-2013-rnc-1/informacoes-ao-usuario>>. Acesso em: 29 jun. 2021.
- BREVANT. **A Brevant Sementes**. Disponível em: <<https://www.brevant.com.br/quem-somos/brevant.html>>. Acesso em: 07 jul. 2021.
- BREVANT. **Híbridos de milho**. Disponível em: <<https://www.brevant.com.br/produtos/milho.html>>. Acesso em: 07 jul. 2021.
- BREVANT. **PowerCore® ULTRA**. Disponível em: <<https://www.brevant.com.br/powercore-ultra.html>>. Acesso em: 08 jul. 2021.
- BRIM, C. A. A modified pedigree method of selection in soybeans. **Crop Sci.**, v. 6, p. 220, 1966.
- BUSANELLO, C. **Estudo da adaptabilidade e estabilidade em híbridos simples e triplos de milho na região Sul do Brasil**. Frederico Westphalen. 2012. 61 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Santa Maria, Frederico Westphalen, 2012.
- CARENA, M. J.; BARI, M. A. A. Germoplasma e Grupos Heteróticos. In: DE LIMA, R. O.; BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de milho**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2018. p. 47-72.
- CASELA, C. R.; FERREIRA, A. S.; PINTO, N. F. J. de A. **Doenças na cultura do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 14 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Circular técnica, 83).

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos – Safra 2019/20**, décimo segundo levantamento. Companhia Nacional de Abastecimento, Brasília, v.7, n. 12, p. 1-68, 2020.

CONAB. **Calendário de plantio e colheita de grãos no Brasil**. Companhia Nacional de Abastecimento, Brasília, 2019.

CORTEVA AGRISCIENCE™ . **Quem é a Corteva Agriscience™** . Disponível em: <<https://www.corteva.com.br/quem-somos/nossa-fusao.html>>. Acesso em: 04 jun. 2021.

CORTEVA AGRISCIENCE™ . **Produtos e Serviços: Sementes**. Disponível em: <<https://www.corteva.com.br/produtos-e-servicos/sementes.html>>. Acesso em: 07 jul. 2021.

COSTA, G. M. C.; DA COSTA, R. V.; COTA, L. V. DA SILVA, D. D. GUIMARÃES, L. J. M.; DA SILVA, O. A.; MARCONDES, M. M.; RAMOS, T. C. D. A.; LANZA, F. E.; CORRÊA, C. L.; MOURA, L. O. Resistência Genética e Características de Espigas na Incidência de Grãos Ardidos em Milho. In: **CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO**, 24., 2012, Águas de Lindóia.

COTA, L. V.; DA COSTA, R. V.; DA SILVA, D. D. Manejo de Doenças. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. (Ed.). **Milho: do plantio à colheita**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. p. 299-327.

DA SILVA, J. F.; DA SILVA, D. D. **Avaliação da incidência de grãos ardidos em híbridos comerciais de milho**. 2015.

DOEBLEY, J. The genetics of maize Evolution. **Annual Review of Genetics**, v. 38, p. 37-39, 2004.

EICHOLZ, E. D.; BREDEMEIER, C.; BERMUDEZ, F.; MACHADO, J. R. A.; GARRAFA, M.; BISPO, N. B. AIRES, R. F. (Ed.). **Informações técnicas para o cultivo do milho e sorgo na região subtropical do Brasil: safras 2019/20 e 2020/21**. Sete Lagoas: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, 2020.

FANCELI, A. L. Ecofisiologia, fenologia e implicações básicas de manejo. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. (Ed.). **Milho: do plantio à colheita**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. p. 49-75.

FAOSTAT 2019. **Índices de Produção**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/>>. Acesso em: 08 jul. 2021.

FRITSCH NETO, R.; MÔRO, G. V. Cultivares. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. (Ed.). **Milho: do plantio à colheita**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. p. 139-155.

FORNASIERI FILHO, D. **Manual da cultura do milho**. Jaboticabal, SP: Funep, 2007. 576p. GUIMARÃES, J. M. G.; TRINDADE, R. S.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. O. Desenvolvimento de linhagens. In: DE LIMA, R. O.; BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de milho**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2018. p. 102-129.

GIORGENON, C. H. B. **Capacidade de combinação para seleção de genótipos de milho**. 2015. 54f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, 2015.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J. Maize breeding. In: CARENA, M. J. (Ed.). **Handbook of planting breeding: creals**. New York, NY: Springer, 2009. p. 3-98.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J.D. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 664p.

HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A.; SMITH, O. S. **Quantitative Analysis of Iowa Stiff Stalk Synthetic**. Stadler Genet. Symp. vol. 15, p. 83-104, 1983.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE. **Censo Agropecuário de 2017**. Rio de Janeiro: IBGE, 2019. Disponível em: <<https://cidades.ibge.gov.br/brasil/rs/passo-fundo/pesquisa/24/76693>>. Acesso em: 05 jun. 2021.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE. **Panorama – Passo Fundo, RS**. Rio de Janeiro: IBGE, 2010. Disponível em: <<https://cidades.ibge.gov.br/brasil/rs/passo-fundo/pesquisa/24/76693>>. Acesso em: 05 jun. 2021.

KARASAWA, M. M. G. **Diversidade reprodutiva em plantas: uma perspectiva evolutiva e bases genéticas**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2009.

LEMMON, Z. H.; BURKOWSKI, R.; SUN, Q.; DOEBLEY, J. The role of *cis* regulatory Evolution in maize domestication. **PLoS Genetics**, v. 10, 2014.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M. **Fisiologia da Produção de Milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 10 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Circular Técnica, 76).

MIR, D.; ZERJAL, T.; COMBES, V.; DUMAS, F.; MADUR, D.; DEBOYA, C.; DREISIGACKER, S.; FRANCO, J.; GRUDLOYOMA, P.; HAO, P. X.; HEARNE, S.; JAMPATONG, C.; LALOE, D.; MUTHAMIA, Z.; NGUYEN, T.; PRASANNA, B. M.; TABA, S.; XIE, X. C.; YHUNUS, M.; ZHANG, S.; WARBURTON, M. L.; CHARCOSSET, A. Outside of America: tracing the genetic footprints on the global diffusion of maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 126, p. 2671-2682, 2013.

MORAIS, P. P. P.; BÓREM, A. Cultivares Transgênicos. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. (Ed.). **Milho: do plantio à colheita**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. p. 156-179.

MÔRO, G. V. Histórico do Melhoramento Genético do Milho. In: DE LIMA, R. O.; BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de milho**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2018. p. 9-19.

MÔRO, G. V.; FRITSCH NETO, R. Importâncias e usos do milho no Brasil. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. (Ed.). **Milho: do plantio à colheita**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. p. 9-24.

NANDA, D. K.; CHASE, S. S. An embryo marker for detecting monolpoids of mayze (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v. 6, p. 213-215, 1966.

NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. VALADARIS-INGLIS, M.C. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, 1183p.

NURMBERG, P.L.; SOUZA, J.C.; RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em top crosses. In: **Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**, 1. 2000, Goiânia. *Resumo...* Goiânia: Embrapa, 2000. [CD-Rom].

OTTONI, J. R. **Análise da incidência de Fusarium ssp. toxicogênico e de níveis de fumonisinas em grãos ardidos de milho híbrido**. 2008. 55 p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2008.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 1999. p. 429-486.

PATERNIANI, E.E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento de milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2005. p 491-552.

PINHO, R. G. V.; SANTO, A. O.; PINHO, I. V. V. Botânica. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. (Ed.). **Milho: do plantio à colheita**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. p. 25-48.

PINTO, N. F. J. A. **Controle de patógenos em grãos de milho armazenados**. Summa Phytopathologica, v.22, n.1, p.77-78, 1996.

PINTO, N. F. J. de A. **Grãos ardidos em milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2005. 6 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Circular técnica, 66).

PINTO, N. F. J. de A. **Podridão branca da espiga de milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 6 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Comunicado técnico, 141).

PINTO, N. F. J. de A. **Reação de cultivares com relação à produção de grãos ardidos em milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2007. 4 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Comunicado técnico, 144).

PIONEER. **A Pioneer Sementes: nossa história**. Disponível em: <<https://www.pioneer.com/br/sobre-a-pioneer/historia.html>>. Acesso em: 07 jul. 2021.

PIONEER. **A tecnologia Leptra®**. Disponível em: <<https://www.pioneer.com/br/produtos-e-solucoes/milho0/tecnologia-leptra.html>>. Acesso em: 08 jul. 2021.

PIONEER. **Milho híbrido marca Pioneer®**. Disponível em: <<https://www.pioneer.com/br/produtos-e-solucoes/milho0.html>>. Acesso em: 08 jul. 2021.

PIPERNO, D. R.; FLANNERY, K. V. The earliest archaeological maize (*Zea mays* L.) from Highland Mexico: New accelerator mass spectrometry dates and their implications. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 98, p. 2101-2103, 2001.

PRASSANA, B.M.; CHAIKAM, V.; MAHUKU, G. (Ed.) **Doubled haploid technology in maize breeding: theory and practice**. Mexico, D.F.: Cimmyt, 2012, 50 p.

PREFEITURA MUNICIPAL DE PASSO FUNDO. **Características Físicas**. Disponível em: <<http://www.pmpf.rs.gov.br/secao.php?t=11&p=325>>. Acesso em: 05 jun. 2021.

PREFEITURA MUNICIPAL DE PASSO FUNDO. **História**. Disponível em: <<http://www.pmpf.rs.gov.br/secao.php?t=11&p=327>>. Acesso em: 05 jun. 2021.

PIONEER. **Produtos e Serviços: Sementes de milho híbrido**. Disponível em: <<https://www.pioneer.com/br/produtos-e-solucoes/milho0.html>>. Acesso em: 07 jul. 2021.

PRIGGE, V; MELCHINGER, A. E. Production of haploids and double haploids in maize. In: LOYOLA-VARGAS, V.M.; OCHOA-ALEJO, N. (Ed.). **Plant cell culture protocols**. 3. ed. Totowa, New Jersey: Humana Press – Springer Verlag, 2011.

RITCHIE, S. W.; HANWAY, J. J.; BENSON, G. O. **Como a planta de milho se desenvolve**. Piracicaba: Informações agronômicas, 2007. p.1-9.

SABATO, E. O.; FERNANDES, F. T. **Doenças do milho (*Zea mays*)**. Sociedade Brasileira de Fitopatologia (SBF), 2014.

SOARES, M. O.; RODRIGUES, G. B.; DE BRITO, A. H.; LINARES, E.; PEREIRA, R. Biotecnologia e os desafios no melhoramento de milho. In: DE LIMA, R. O.; BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de milho**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2018. p. 345-357.

SOUZA, J. C. Cultivares. In: DE LIMA, R. O.; BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de milho**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2018. p. 295-306.

SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. General vs. Specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of American Society of Agronomy**, Madison: v.34, n.10, p.923-932, 1942.

UNITED STATE DEPARTAMENT OF AGRICULTURE – USDA (2016). Disponível em: <<http://www.usda.gov/wps/portal/usda/usdahome>>. Acesso em: 08 jul. 2021.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção do milho**. 2ªed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.137- 214.

WORDELL FILHO, J.A.; RIBEIRO, L. do P. ; CHIARADIA, L.A.; MADALÓZ, J. C.; NESI, C.N.; **Pragas e doenças do milho: diagnose, danos e estratégias de manejo**. Florianópolis: Epagri, 2016. 82p. Epagri. Boletim Técnico, 170.