**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “ DE ENGENHARIA**
**CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA**

**JANAÍNA SANTOS RIBEIRO**

# SELEÇÃO RECORRENTE NO COMPOSTO FLINTISA DE MILHO SOB CONDIÇÕES DE AGRICULTURA ORGÂNICA

**Ilha Solteira**
**2022**

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**
**SISTEMAS DE PRODUÇÃO**

**JANAÍNA SANTOS RIBEIRO**

# SELEÇÃO RECORRENTE NO COMPOSTO FLINTISA DE MILHO SOB CONDIÇÕES DE AGRICULTURA ORGÂNICA

Dissertação apresentada à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - Unesp como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Agronomia. Especialidade: Sistemas de Produção.

Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan
**Orientador**

Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade
**Coorientador**

**Ilha Solteira**
**2022**

FICHA CATALOGRÁFICA
Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

R484s

Ribeiro, Janaína Santos.
Seleção recorrente do composto flintisa de milho sob condições de agricultura orgânica / Janaína Santos Ribeiro. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2022
46 f. : il.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Área de conhecimento: Sistemas de Produção, 2022

Orientador: Bruno Ettore Pavan
Co-orientador: João Antônio da Costa Andrade
Inclui bibliografia

1. Ganhos com seleção. 2. Herdabilidade. 3. Sustentabilidade. 4. Variância genética.

Raiane da Silva Santos
Supervisora Técnica de Seção
Seção Técnica de Referência, Atendimento ao usuário e Documentação
Diretoria Técnica de Biblioteca e Documentação
CRB/8 - 9999

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA**

**campus de**
**Ilha Solteira**

**CERTIFICADO DE APROVAÇÃO**

TÍTULO **DA DISSERTAÇÃO:** Seleção recorrente no composto flintisa de milho sob condições de agricultura orgânica

**AUTORA: JANAÍNA SANTOS RIBEIRO**

**ORIENTADOR BRUNO ETTORE PAVAN**

**COORIENTADOR: JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE**

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em Agronomia, área: Sistemas de Produção pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE (Participaçao Virtual)
Departamento de Biologia e Zootecnia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP

Prof. Dr. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES (Participaçao Virtual)
Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP

Prof. Dr. PABLO FORLAN VARGAS (Participaçao Virtual)
Departamento de Agronomia / UNESP - Câmpus de Registro/SP

Ilha Solteira, 04 de novembro de 2022

## DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho a Deus que me deu a vida e a oportunidade de desfrutá-la. A minha mãe Maria de Fatima Santos e meu padrasto José Evair de Brito que me criaram com muito amor e carinho e sempre me incentivaram e me apoiaram nos meus estudos.

Obrigada.

## AGRADECIMENTOS

Primeiramente gostaria de agradecer a Deus que de uma forma inexplicável me fez ter forças para sempre seguir em frente.

Gostaria de agradecer aos meus familiares, em especial minha mãe Maria de Fatima Santos e meu padrasto José Evair de Brito, que sempre me apoiaram e me deram suporte nos meus estudos, gostaria ainda de agradecer aos meus amigos de mestrado, Helder Augusto, Cleverson Rodrigues, José Carlos Junior e Vinícius Affonso, que sempre me deram uma palavra de conforto e motivação nos dias mais difíceis.

A Universidade Estadual Paulista- Unesp e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, por possibilitar minha formação acadêmica em nível de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.

A todo o corpo docente do programa de pós graduação em Agronomia -PPGA, por todo conhecimento passado, aos técnicos da Fazenda de Ensino Pesquisa e Extensão- FEPE, por auxiliar na manutenção e continuidade do projeto em campo.

Ao meu orientador Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan que aceitou continuar com minha orientação.

Minha Gratidão em especial ao Prof. Dr. João Antônio da Costa Andrade, pela paciência, empatia e dedicação para com este projeto e a mim, meus mais sinceros agradecimentos.

Aos “desorientados” de Iniciação Cientifica- IC, que juntamente com o Prof. Dr. João Andrade, me deram suporte nas análises e coletas de dados em campo, gratidão a todos pela ajuda.

Aos membros da banca de qualificação Prof. Dra. Glaucia Amorim Faria e Prof. Dra. Silvelise Pupin pelos conselhos e sugestões visando à melhoria do trabalho e como consequência a redação da dissertação.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Cientifico e Tecnológico (CNPQ), pela concessão da bolsa de mestrado para financiamento da pesquisa

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001

Por fim, expresso a todos a minha gratidão por fazerem parte desta caminhada, contribuindo fisicamente e espiritualmente na concretização deste desafio em minha vida.

“Aprenda como se fosse viver para sempre”

Mahatma Gandhi

# RESUMO

O melhoramento do milho no sistema orgânico ainda está em desenvolvimento, possuindo uma restrita base bibliográfica. Em contrapartida, a busca por produtos livres de agrotóxicos e cultivos mais sustentáveis vem crescendo nos últimos anos. A descoberta de genótipos adaptados a essas condições de cultivo se faz cada vez mais necessária. Diante do exposto, o objetivo deste estudo foi verificar a variabilidade genética e possibilidade de ganhos com seleção no Composto Flintisa em condições de agricultura orgânica. Esse material é resultado de seis ciclos de seleção para rendimento e cinco ciclos de seleção para prolificidade, todos sem aplicação de fertilizantes e em ambientes considerados de baixa tecnologia. De modo que, 198 progênies de meias irmãs, em condições de agricultura orgânica, foram avaliadas em quatro experimentos em delineamento de blocos casualizados, com três repetições e parcela experimental com uma linha de 5 m com 25 plantas e espaçamento entre parcelas foi de 85 cm, com 20 cm entre plantas. Sendo estimados os parâmetros genéticos, as correlações fenotípicas e genotípicas e os ganhos diretos com seleção entre progênies e respostas correlacionadas, com intensidade de 20% e 3% para os caracteres dias para florescimento feminino, nota para ataque de *Spodoptera*, altura de plantas, altura de espigas, porcentagem de plantas em pé, prolificidade, rendimento de espigas e rendimento de grãos. As progênies mostraram-se mais precoces, tiveram um ataque maior de lagartas e foram de porte menor que a média das testemunhas. Contudo, para rendimento de grãos e espigas e porcentagem de plantas em pé não houve diferenças significativas para o contraste, indicando que o Composto Flintisa se equivale à média das variedades utilizadas como testemunhas, constituindo-se em um bom material para uso nas condições de agricultura orgânica, tanto do ponto de vista da arquitetura das plantas como do rendimento de grãos. Com relação a variância genética aditiva, o florescimento feminino apresentou valor superior aqueles reportados na literatura, bem como a prolificidade. Quanto aos demais caracteres, os valores obtidos foram inferiores ou próximos daqueles previamente obtidos em outros trabalhos. Já em relação à estimativa dos coeficientes de herdabilidade, o florescimento feminino e altura de planta e espiga apresentaram valores semelhantes aos reportados na literatura e quanto aos demais caracteres, foram considerados de medianos para baixos. Correlações positivas foram observadas entre altura de espiga e altura de planta, rendimento de grãos e rendimento de espiga, florescimento feminino e nota de *Spodotera* e porcentagem de plantas em pé e rendimento de grãos. Os ganhos previstos com seleção na intensidade de 20% foram de boa magnitude para altura de planta, altura de espiga, prolificidade, rendimento de grãos e espiga. Com a intensidade de seleção de 3% espera-se um ganho aproximadamente 62,0% maior para cada caractere em relação à intensidade de 20%. Os resultados sugerem bom potencial desse composto para uso em condições de agricultura orgânica e ainda com variabilidade genética suficiente para ganhos com seleção recorrente no rendimento de grãos (5,7 % por ciclo), sem alterações indesejáveis em caracteres ligados à arquitetura da planta.



**Palavras-chave:** ganhos com seleção; herdabilidade; sustentabilidade; variância genética.

## ABSTRACT

The improvement of maize in the organic system is still under development, having a restricted bibliographic base. On the other hand, the search for products free of pesticides and more sustainable crops has been growing in recent years. The discovery of genotypes adapted to these growing conditions is increasingly necessary. In view of the above, the purpose of this study was to verify genetic variability and possibility of selection gains in Flintisa Composite under organic farming conditions. This material is the result of six selection cycles for yield and five selection cycles for prolificacy, all without application of fertilizers and in environments considered of low technology. Thus, 198 half-sib progenies, under organic farming conditions, were evaluated in four experiments in a randomized block design, with three replications and an experimental plot with a 5 m row with 25 plants and plot spacing was 85 cm, with 20 cm between plants. Being estimated the genetic parameters, the phenotypic and genotypic correlations and the direct gains with selection between progenies and correlated responses, with intensity of 20% and 3% for the characters days for female flowering, score for *Spodoptera* attack, plant height, ear height, percentage of erect plants, prolificity, ear yield and grain yield. The progenies were more precocious, had a greater attack by caterpillars and were smaller than the average of the controls. However, for grain and ear yield and percentage of erect plants, there were no significant differences for the contrast, indicating that the Flintisa Compound is equivalent to the average of the varieties used as controls, constituting a good material for use in agricultural conditions. organic, both from the point of view of plant architecture and grain yield. Regarding the additive genetic variance, female flowering showed a higher value than those reported in the literature, as well as prolificity. As for the other characters, the values obtained were lower or close to those previously obtained in other studies. Regarding the estimate of heritability coefficients, female flowering and plant and ear height presented values similar to those reported in the literature and for the other characters, they were considered from medium to low. Positive correlations were observed between ear height and plant height, grain yield and ear yield, female flowering and *Spodotera* grade and percentage of erect plants and grain yield. The predicted gains with selection at 20% intensity were of good magnitude for plant height, ear height, prolificity, yield and ear grain. With the selection at 3% intensity, approximately 62.0% greater gain is expected for each character in relation to the 20% intensity. The results suggest good potential of this compound for use in organic farming conditions and with enough genetic variability for gains with recurrent selection in grain yield (5.7% per cycle), without undesirable changes in characters related to plant architecture.



**Key-words:** genetic variance, heritability, selection gains, sustainability.

## LISTA DE FIGURAS

**Figura 1 -** Aplicação de produto para o controle de formigas.....255

## LISTA DE TABELAS

**Tabela 1 -** Escala de notas para avaliação de danos de *Spodoptera frugiperda* nas folhas (adaptada de Davis *et al.*, 1992). ..... 266

**Tabela 2 -** Esquema da análise de variância individual para cada experimento, com as respectivas esperanças dos quadrados médios. ..... 266

**Tabela 3 -** Esquema da análise de variância agrupada, com as respectivas esperanças dos quadrados médios. ..... 277

**Tabela 4 -** Esquemas das análises de covariâncias agrupadas, com as respectivas esperanças dos produtos médios. ..... 277

**Tabela 5 -** Quadrados médios da análise agrupada de variância, coeficientes de variação experimental (CVe), parâmetros genéticos e médias para dias para florescimento feminino (FF), nota para danos de *Spodoptera frugiperda* (NS), altura de plantas (AP), altura de espiga (AE), porcentagem de plantas em pé (PP), prolificidade (PRO), rendimento de espiga (RE) e rendimento de grãos (RG). ..... 300

**Tabela 6 -** Estimativas das correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) e das correlações genéticas aditivas (acima da diagonal) entre os caracteres dias para florescimento feminino (FF), nota para danos de *Spodoptera frugiperda* (NS), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), porcentagem de plantas em pé (PP), prolificidade (PRO), rendimento de espigas (RE) e rendimento de grãos (RG), no composto Flintisa em condições de agricultura orgânica. ..... 344

**Tabela 7 -** Estimativas (em %) dos ganhos diretos com seleção entre progênies (diagonal) e respostas correlacionadas, com intensidade de 20%, para os caracteres dias para florescimento feminino (FF), nota para danos de *Spodoptera frugiperda* (NS), altura de planta (AP), altura de espigas (AE), porcentagem de plantas em pé (PP), prolificidade (PRO), rendimento de espigas (RE) e rendimento de grãos (RG), no composto Flintisa em condições de agricultura orgânica. ..... 355

**Tabela 8 -** Estimativas (em %) dos ganhos diretos com seleção entre progênies (diagonal) e respostas correlacionadas, com intensidade de 3%, para os caracteres dias para florescimento feminino (FF), nota para danos de *Spodoptera frugiperda* (NS), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), porcentagem de plantas em pé (PP), prolificidade (PRO), rendimento de espigas (RE) e rendimento de grãos (RG), no composto Flintisa em condições de agricultura orgânica. ..... 377

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

**AE** altura de espiga

**RG** rendimento de grãos

**RE** rendimento de espiga

**AP** altura de planta

**PP** porcentagem de plantas em pé

**PRO** prolificidade

**NS** nota para danos de *Spodoptera frugiperda*

**FF** florescimento feminino

**CVe** coeficiente de variação experimental

**FAO** Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura

**SUMÁRIO**


**1 INTRODUÇÃO ..... 12**

**2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA ..... 14**

**2.1 Milho - evolução dos teosintes (*Zea mays*), sua importância alimentar, nutricional e econômica ..... 14**

**2.2 Seleção recorrente no melhoramento do milho ..... 16**

**2.3 Agricultura orgânica - importância econômica e o mercado brasileiro de orgânico ..... 19**

**2.4 Melhoramento genético em sistemas orgânicos em milho ..... 21**

**2.5 Variabilidade Genética ..... 22**

**3 MATERIAL E MÉTODOS ..... 24**

**3.1 Descrição do local de instalação ..... 24**

**3.2 Material e delineamento experimental ..... 24**

**3.3 Tratos culturais ..... 25**

**3.4 Caracteres avaliados ..... 25**

**3.5 Análise estatístico-genética ..... 26**

**4 RESULTADOS E DISCUSSÃO ..... 29**

**5 CONCLUSÃO ..... 38**

**REFERÊNCIAS ..... 39**

# 1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma planta que pertence à família Poaceae, onde a condição de monoicia e a sua morfologia característica resultam da supressão, condensação e multiplicação de várias partes da anatomia básica das gramíneas (MAGALHÃES *et al.*, 2002). O milho é uma das culturas mais importantes no mundo em função de sua produtividade, composição química e valor nutritivo, tornando-se uma alternativa viável, principalmente para pequenos produtores, possibilitando maior retorno de capital por área (GRIGULO *et al.*, 2011), além de ser um dos cereais mais cultivados em todo o mundo, sendo importante na alimentação humana e animal (CATÃO *et al.*, 2013).

O crescimento na produção de milho aumentou significativamente nos últimos anos e o Brasil tem se destacado entre os países de maior produção mundial deste grão, ficando em terceiro lugar. Porém há uma preocupação relacionada ao ambiente, no sentido de preservação, de forma que práticas que agridam menos o ambiente tem sido adotadas, como por exemplo, a utilização de quantidades menores de insumos nos cultivos. Com isso há necessidade do melhoramento genético, afim de se obter cultivares adaptadas a esses sistemas (SANTOS *et al.*, 2015). Um desses sistemas é a agricultura orgânica, que tem por finalidade ofertar produtos livres de contaminantes que possam prejudicar a saúde do produtor e consumidor e reduzir a prática de manejos que prejudiquem o ambiente (MAPA, 2016).

O consumo de produtos orgânicos está crescendo cada vez mais no Brasil, pois se trata de uma agricultura sustentável, cultivo natural e equilíbrio ecológico, que resultam em produtos mais saudáveis e que respeitam os seres humanos e o ambiente. No mercado brasileiro, apesar de possuir uma renda baixa per capita, seus consumidores estão cada vez mais preocupados com a segurança alimentar, saúde, meio ambiente e a qualidade de vida, estando eles determinados a pagar mais caro em alimentos orgânicos por serem livres de fertilizantes químicos ou agrotóxicos (NASCIMENTO *et al.*, 2006). Paralelemente a isso o cultivo orgânico é uma excelente oportunidade dentro do agronegócio.

A produtividade de grãos é altamente influenciada pelo ambiente, de forma que para cultivares orgânicas faz-se necessário a seleção de populações no ambiente orgânico, para que a interação genótipos x ambientes seja explorada. A seleção recorrente destaca-se nesse contexto, por visar o incremento médio da expressão de caracteres de interesse por meio do aumento da frequência dos alelos favoráveis, sem perdas significativas na variabilidade genética, o que permite ganhos durante ciclos de seleção subsequentes (SOUZA JÚNIOR,

2001; HEINZ *et al.*, 2012; RAMALHO *et al.*, 2012).

Para que o processo de seleção seja eficiente é interessante estimar os parâmetros genéticos da população a cada ciclo, a fim de quantificar a magnitude e manutenção da variabilidade presente, os possíveis ganhos com a seleção e, assim, o potencial de permanência da população no programa de seleção recorrente (CARVALHO *et al.*, 2003). Essas estimativas permitem identificar o tipo de controle genético dos caracteres de interesse e avaliar diferentes estratégias de melhoramento para a obtenção de ganhos com maior eficiência a cada ciclo (FALUBA *et al.*, 2010). Desse modo, estimativas de componentes genéticos tem por objetivo orientar na seleção de genótipos que combinem, de forma mais equilibrada, as melhores características desejadas pelo melhorista com base na avaliação de um complexo de caracteres (OLIVEIRA *et al.*, 2011; VIEIRA *et al.*, 2017). Com isso, espera-se que haja melhor distribuição de ganhos genéticos para os caracteres. Outro mecanismo dentro do programa de melhoramento é a correlação, que mede a magnitude e direção da associação linear entre dois caracteres, sendo indicada na prática da seleção indireta com intuito de obter de maiores ganhos genéticos (FALUBA *et al.*, 2010).

Programas de melhoramento de milho em condições orgânicas são escassos (GOLDSTEIN *et al.*, 2019), mas em Ilha Solteira-SP, há um programa de seleção no Composto Flintisa de milho em condições de baixa tecnologia (ANDRADE, 2019). Após seis ciclos de seleção para rendimento de grãos ainda foi detectada variabilidade genética suficiente para permitir ganhos estimados de 3,3% por ciclo com seleção massal e 7,4% por ciclo com seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos. Em um estágio mais avançado foram realizados mais dois ciclos de seleção para rendimento de grãos e quatro ciclos de seleção para menor altura de espigas. O ganho real verificado para rendimento de grãos foi de 1,3% por ciclo (MOTA 2006). Os quatro ciclos de seleção para altura de espigas reduziram o caractere em 18,8%, além de reduzir a altura de plantas em 28,3% e o acamamento em 50,7%, sem alterar o rendimento de grãos. Esse material ainda foi submetido a mais sete ciclos de seleção para prolificidade, tornando-se interessante verificar o seu potencial para melhoramento em sistema orgânico.

Nesse contexto, o objetivo do presente trabalho foi verificar a variabilidade genética e a possibilidade de ganhos com seleção no Composto Flintisa, em sistema de agricultura orgânica.

# 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

## 2.1 Milho - evolução dos teosintes (*Zea mays*), sua importância alimentar, nutricional e econômica

O milho (*Zea mays* L.) pertence à família Poaceae, cuja espécie tem origem na América Central há cerca de 10.000 anos. As evidências indicam que os povos indígenas americanos iniciaram o cultivo e, consequentemente, a domesticação e a seleção do milho entre 8.000 e 10.000 anos atrás. Grandes civilizações, tais como, os Astecas, os Maias e os Incas tiveram o milho como sua principal cultura (SILVEIRA *et al.*, 2015). Este cereal é um dos mais cultivados e produzidos no mundo, pois apresenta grande capacidade de adaptação às diferentes condições ambientais e possui alto valor nutricional, sendo destinado, tanto para a alimentação humana quanto para alimentação animal. Além disso destaca-se pela geração de renda, principalmente pela produção de grãos (COSER, 2010).

Os antigos agricultores começaram a selecionar e manipular os ancestrais desse grão, desenvolvendo e domesticando o milho que conhecemos hoje. Extraordinariamente, em alguns séculos, os nativos mesoamericanos transformaram os ancestrais do milho em vários tipos de milho pré-colombianos primitivos, que ainda constituem o fundo genético para a produção de variedades e híbridos de alto rendimento e para os diferentes tipos especiais, como pipoca, milho doce, pigmentado e com proteínas de alta qualidade (GARCIA-LARA; SERNA-SALDIVAR, 2019).

Existem algumas teorias que explicam a origem do milho, sendo que três delas são as mais aceitas dentro da literatura. A primeira hipótese é da “evolução divergente” de Weatherwax (1935) e Randolph (1955), sugerindo que uma planta selvagem originou o milho, os teosintes e o gênero *Tripsacum*, a partir de uma evolução divergente (GOODMAN, 1987; FORNASIERI FILHO, 2007). A segunda hipótese baseia-se na teoria que as diversas formas do milho indicam uma evolução independente a partir de várias espécies ancestrais (GOODMAN, 1985). A terceira hipótese, atualmente mais aceita, é a da “descendência do teosinte”, sugerindo que o milho se originou unicamente do teosinte por seleção feita pelo homem (GOODMAN, 1987; FORNASIERI FILHO, 2007).

Existem diversos dados na literatura que indicam que o genitor do milho seria o *Zea mays* subsp. *mexicana* ou *Zea mays* subsp. *parviglumis*, conhecidos como teosintos (GALINAT, 1992; WHITE; DOEBLEY, 1998; PIPERNO; FLANNERY, 2001). Essas subespécies apresentam características em comum, como por exemplo o mesmo número de

cromossomos (2n = 20) e possuem a capacidade de cruzar com o milho, resultando em descendentes férteis (TERRA, 2004). Um dos fundamentos em que a terceira hipótese da origem do milho fundamenta-se é dado acerca da função da definição que são cinco genes responsáveis pelas principais diferenças relacionadas com a morfologia do teosinto e a do milho, a qual foi reforçada por evidências moleculares que comprovam que existe uma relação de ligação entre esses locos (SZABÓ; BURR, 1996). Matsuoka *et al.* (2002) afirmam que a espécie mais próxima do milho cultivado é o teosinto *Zea mays* subsp. *parviglumis.*

Wang *et al.* (2005) utilizaram técnicas de marcadores moleculares QTLs (quantitative trait loci) no genoma do milho e no teosinto identificando cinco regiões do genoma que exercem controle sobre as diferenças mais significativas entre o teosinto e o milho, concluindo que a evolução inicial dos caracteres chaves que distinguem o milho do teosinto são controladas por um número pequeno de locos, mas com grandes efeitos sobre o fenótipo do milho. Estudos realizados por Doebley *et al.* (1995), Doebley *et al.* (1997) e Doebley (2004) identificaram que as ramificações no colmo do teosinto são controladas pelo gene tb1 (teosinte branched 1), sendo que a ocorrência de uma mutação deste gene codifica para um fator de transcrição homólogo a de genes *cycloidea*, os quais são responsáveis pelo caractere de colmo único do milho e o afilhamento no teosinto. A identificação deste fator é considerada a chave para a confirmação da hipótese que o milho teve origem no teosinto.

Atualmente o milho é uma das principais *commodities* agrícolas produzidas no mundo, sendo o cereal mais importante em termos de produção, superando o arroz e o trigo há cerca de dez anos, em razão do desenvolvimento de genótipos geneticamente modificados de alto rendimento e da sua ampla adaptação a diferentes ecossistemas (DUVICK, 2005; EMBRAPA, 2018). A área mundial cultivada com milho na safra agrícola 2020/2021 foi de aproximadamente 196 milhões de hectares, com produção de 1334 milhões de toneladas de grãos, com média de produtividade mundial de 5,77 toneladas por hectare. Os maiores produtores deste cereal são os Estados Unidos, China e Brasil, os quais em conjunto correspondem a cerca de 63,4 % da produção mundial, na safra de 2020/2021 (USDA, 2021).

A produção do milho destina-se em maior parte (cerca de 85%) para elaboração de rações, produção de etanol e para a indústria de alta tecnologia (confecção de filmes e embalagens biodegradáveis). O milho é considerado a principal matéria-prima para abastecimento alimentício das grandes cadeias de produção de aves, suínos e bovinos, devido ao seu elevado valor energético, além de apresentar uma boa qualidade nutricional, sendo fonte de proteínas, gorduras, cálcio, ferro, fósforo, flavonoides, carotenoides, antioxidantes e fibras.

Em países subdesenvolvidos, o consumo de milho para alimentação humana é mais acentuado, apresentando assim, grande importância social, devido ao seu baixo custo. Nessas regiões, o milho é utilizado para suprir as exigências nutricionais, sendo o ingrediente principal na elaboração de polentas, cuscuz, canjicas, pães, mingaus, papas, bolos, massas e bebidas (DIAS PAES, 2006).

## 2.2 Seleção recorrente no melhoramento do milho

O melhoramento genético de qualquer espécie de planta ou animal pode ser dirigido essencialmente visando dois possíveis resultados: (a) obtenção de população melhorada, (b) obtenção de uma geração $F_1$ com vigor de híbrido. O melhoramento genético de plantas é um processo dinâmico, contínuo e progressivo de seleção e recombinação das melhores plantas, com intuito de aumentar as frequências de genes e alelos desejáveis na população melhorada. Antes de 1940, a taxa de aprimoramento genético era muito lenta. A seleção genética era baseada principalmente nos métodos tradicionais de reprodução, tentando combinar características desejáveis de cada progenitor na progênie. Aplicados às lavouras, os agricultores usavam procriação seletiva para transmitir características desejáveis e omitir características indesejáveis. Porém, estudos posteriores evidenciaram a natureza dinâmica das variedades ou populações, as quais, quando submetidas à seleção podem ser seguidamente melhoradas. Vários esquemas de seleção foram e ainda têm sido desenvolvidos, sendo todos genericamente denominados “seleção recorrente” (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

O conceito de seleção recorrente é um processo contínuo de melhoramento, onde se sucedem ciclos de recorrência. A seleção recorrente é qualquer processo cíclico de melhoramento que envolve a obtenção de progênies, avaliação destas em experimentos com repetições, seleção das progênies superiores e recombinação das mesmas. Cada ciclo, portanto, só finaliza com a recombinação das progênies ou genótipos que originam a nova população. Como resultado, espera-se de forma geral aumentar de forma gradativa e contínua as frequências de alelos favoráveis dos caracteres sob seleção, junto à manutenção de variabilidade genética (SOUZA JUNIOR, 2001).

Dentre os diversos métodos de melhoramento de populações existem dois tipos de seleção recorrente: intrapopulacional e interpopulacional ou recíproca (MOL; STUBER, 1971). A seleção recorrente intrapopulacional tem sido mais comumente empregada que a seleção recorrente recíproca, embora esta última seja teoricamente superior. Isto se deve à maior praticidade dos esquemas de seleção intrapopulacional em relação ao esquema original de

seleção recorrente recíproca. Vendramim e Nishikawa (2001) afirmaram que o método de seleção recorrente é o mais eficiente para acumular genes quantitativos de resistência a um inseto a partir de diferentes variedades. Nesse caso, os ciclos de seleção compreendem duas fases: seleção de um grupo de genótipos com poligenes para resistência e cruzamento entre os genótipos selecionados para recombinação.

A seleção massal simples, ou seleção recorrente fenotípica, é o método mais antigo e simples de seleção recorrente, na qual os melhoristas utilizam basicamente sua habilidade em, visualmente, identificar os indivíduos genotipicamente superiores. Devido à baixa precisão na avaliação, tem-se mostrado eficiente apenas para caracteres de alta herdabilidade. Consiste em escolher as melhores espigas das plantas mais desenvolvidas de uma população, cujas sementes são utilizadas para semear e produzir a próxima geração. Não é feito o controle do ambiente, de forma que a variação fenotípica entre as plantas pode estar relacionada a variações de fertilidade do solo (BORÉM, 1997; BUENO *et al.*, 2001). As vantagens associadas a esse método quando comparado a outros métodos está na facilidade de conduzi-lo e no curto prazo de execução e conclusão do ciclo, sendo este de um ano.

A variabilidade genética é indispensável para o melhoramento, propiciando ao melhorista a obtenção de cultivares cada vez mais adaptadas a um ambiente ou condição de cultivo. O milho possui uma variabilidade genética muito alta e caracteres que tendem a ter correlações favoráveis, como exemplo o rendimento de grãos com prolificidade, facilitando a escolha de bons genótipos e a recombinação de características desejadas para a obtenção de variedades comerciais (RUSSELL, 1978, FALUBA *et al.*, 2010).

Em contrapartida, alguns fatores podem contribuir para o relativo insucesso da seleção massal, destacando-se os seguintes: dificuldade de identificar bons genótipos pelo aspecto fenotípico de plantas individuais; seleção muito rigorosa em populações pequenas e amostragem deficiente, provocando perdas de alelos importantes e endogamia muito rápida, com a consequente perda de vigor; contaminação com pólen de plantas estranhas de populações adjacentes; e interação genótipo x ambiente, determinando baixa estabilidade fenotípica (BUENO *et al.*, 2001). Nesse contexto, Garcia e Souza Júnior (2002) não conseguiram respostas positivas quanto ao aumento no teor proteico do milho com uso de Seleção Recorrente Fenotípica, realizando quatro ciclos de seleção em duas populações distintas (IG-1 e IG-2). Além disso, como resposta correlacionada à seleção, observaram que ocorreu redução no rendimento de grãos, na prolificidade, na altura de planta e altura de espiga, para ambas populações. O baixo ganho, associado às alterações desfavoráveis em caracteres agronômicos,

foram indicativos que o método possivelmente não foi eficiente para elevar a qualidade proteica. Os autores ressaltaram que, nesse caso, a ausência de respostas pode estar relacionada a quantidade ciclos de seleção utilizada, não sendo suficientes para mostrar resultado.

Levando em conta as limitações em certos aspectos que a seleção massal apresenta, tornou-se necessário modificar a forma de execução dessa seleção, sendo que uma melhoria agregada está no controle da variação ambiental. Esse método modificado, conhecido como Seleção Massal Estratificada, proposta por Gardner (1961), consiste na divisão do campo em parcelas ou estratos, sendo a seleção praticada separadamente para cada estrato, tornando a seleção massal mais eficiente, pois cada estrato representa uma unidade ambiental independente (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

Na Seleção Massal e Massal Estratificada para rendimento não é possível selecionar indivíduos para ambos os sexos, pois a avaliação visual é feita após a polinização (em plantas maduras). Porém, para caracteres como altura de plantas, altura de espigas, florescimento e prolificidade, esse tipo de seleção pode ser realizado para ambos os sexos. Segovia (1983), utilizando tal método para prolificidade em milho, relatou acréscimos quantificados em 15,4% e 1,56% no rendimento de duas populações.

Os outros métodos de seleção recorrente envolvem retirada de avaliação de progênies, como descrito em Souza Júnior (2001) e Borém *et al.* (2021). Então tem-se 1) Seleção entre (ou entre dentro) de meios irmãos; 2) Seleção entre (ou entre e dentro) de irmãos germanos; 3) Seleção entre progênies $S_1$; e 4) Seleção entre progênies $S_2$. Além disso é possível usar dois tipos de progênies, avaliando-se uma e recombinando outra como 1) Seleção entre meios irmãos com recombinação $S_1$ (ou ao contrário); e 2) Seleção entre irmãos germanos com recombinação de $S_1$.

Pinto, Lima Neto e de Souza júnior (2000) determinaram o número desejável de progênies $S_1$ para as populações BR-105 e BR-106, utilizando 200 progênies de cada população, visando avaliar alguns caracteres em programas de seleção recorrente em milho. De forma que para massa de espigas, as variâncias genética e fenotípica, o coeficiente de herdabilidade e os respectivos intervalos de confiança da análise estabilizaram-se ao redor de 175-200 progênies, em ambas as populações. Quanto à altura da planta, altura da espiga e prolificidade, os parâmetros estabilizaram-se em torno de 125 e 175 progênies, respectivamente, em ambas as populações. Com base nos resultados obtidos, os autores concluíram que 200 progênies $S_1$ representariam o tamanho amostral desejável para a utilização na seleção recorrente, independentemente do tipo de população.

Na seleção interpopulacional os mesmos princípios são utilizados, mas as progênies são interpopulacionais. Portanto, no caso de meios irmãos, as plantas de uma população são polinizadas com pólen da outra e vice-versa. No caso de irmãos germanos, são cruzadas plantas de uma população com plantas da outra população. Em ambos os casos as plantas também precisam ser autofecundadas, para obtenção de progênies $S_1$, para a recombinação daquelas plantas, de cada população, com melhor desempenho nas progênies interpopulacionais, que foram avaliadas em experimentos. Também existem outras variações descritas em Souza Junior (2001, 2018) e Borém *et al*. (2021).

## 2.3 Agricultura orgânica - importância econômica e o mercado brasileiro de orgânico

Segundo o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, alimentos orgânicos "são produtos de origem vegetal ou animal que estão livres de agrotóxicos ou qualquer outro tipo de produtos químicos, pois estes são substituídos por práticas culturais que buscam estabelecer o equilíbrio ecológico do sistema agrícola" (MAPA, 2007). Desta forma o cultivo dos alimentos orgânicos beneficia não só a esfera ambiental, como também a social e econômica. O consumo de alimentos naturais orgânicos traz grandes benefícios a saúde devido à ausência de agrotóxicos, adubos químicos e outras substâncias tóxicas e sintéticas. Assim a agricultura orgânica preserva a biodiversidade, os ciclos e as atividades biológicas do solo, que lida com ecossistemas mais equilibrados (DOMINGUES, 2011).

De acordo com o Sebrae (2019), o mercado dos orgânicos é um setor que vem se consolidando no Brasil, observando um aumento no total de produtores cadastrados no MAPA entre 2015 e 2019, com mais de 15 mil propriedades certificadas. O país tem se destacado na produção de alimentos orgânicos, mas a demanda está sendo maior que a oferta, embora a produção de orgânicos cresça mais de 20% ao ano. Como 70% da produção é exportada, há muito espaço para crescimento do sistema no país.

Atualmente há grande demanda do mercado por alimentos de origem animal e vegetal advindos de sistemas orgânicos, devido à conscientização e preocupação do consumidor com o ambiente de produção, responsabilidade social e segurança alimentar (DEMATTÊ FILHO; MENDES; KODOWARA, 2005). Os sistemas orgânicos de produção ganham força nos dias atuais, pois existe uma preocupação crescente com a sofisticação do consumidor, que mais preocupado com o ambiente, está elevando a demanda para produtos "quimicamente limpos" (FIGUEIREDO; SOARES, 2012).

Em termos de mercado consumidor de produtos orgânicos na América Latina, o Brasil

tem o segundo maior mercado e o terceiro em termos de área de produção de orgânicos. Países como a Argentina, Peru, Chile e Colômbia, possuem uma produção amplamente orientada para a exportação desses produtos, enquanto o Brasil conta com uma produção crescente para suprir a também crescente demanda interna, pois o país ainda carece de políticas de incentivo ao consumo de produtos orgânicos (WILLER; LERNOUD, 2019; SANTOS *et al.*, 2017).

Mazzoleni e Nogueira (2006) reportaram que o país possui grande potencial para a agricultura orgânica, principalmente na região de Curitiba (PR). Contudo, os autores observaram que há necessidade de realizar a capacitação dos agricultores quanto as metodologias de produção e certificação, desde que não há inclusão de produtos químicos nesta modalidade de cultivo. Além disso, apontaram a existência de uma grande oportunidade de formulação de políticas públicas que modifique o menos possível a rotina dos agricultores, a fim de estimular a adesão à agricultura orgânica, sendo que a complexidade dos métodos vigentes são um fator de desestímulo à adesão por parte destes agricultores.

Em um estudo conduzido por Rapassi (2008) com o intuito verificar os custos da produção da cana de açúcar (*Saccharum* spp) nos sistemas de cultivo convencional e orgânico na região oeste do Estado de São Paulo, foi observado que os custos de implantação no orgânico foi cerca de 28,26% maior do que no sistema convencional. Adicionalmente os custos de produção também foram mais elevados no sistema orgânico, chegando a 8% no primeiro corte. Mesmo com os custos adicionais atribuídos ao sistema orgânico, os resultados foram satisfatórios, com taxa interna de retorno para o sistema convencional de 14,19%, enquanto que no sistema orgânico o valor foi bem maior (24,09%), indicando a viabilidade econômica do processo, considerando os preços pagos na região estudada, na análise de investimentos em cinco cortes na cana de açúcar.

Sendo assim, há um grande potencial a ser explorado quanto à agricultura de produtos orgânicos, principalmente no Brasil. Torna-se muito importante a divulgação dos benefícios ao meio ambiente e a saúde de produtos livres de químicos e ampliação por parte dos institutos governamentais ao acesso de pequenos produtores a essas técnicas produtivas, estabelecendo políticas públicas para proporcionar melhoras efetivas na manutenção da biodiversidade, tornando o sistema orgânico atrativo e lucrativo para pequenos e grandes produtores rurais (VERONEZZI; BASTOS, 2012).

Embora haja controvérsia, questionando-se a possibilidade do uso do sistema orgânico em grandes áreas, a transformação da maior parte do sistema atual em orgânico e a dúvida se é possível “alimentar a população mundial apenas com orgânicos”, pelo menos o sistema pode

ser considerado como um nicho para investimento.

## 2.4 Melhoramento genético em sistemas orgânicos em milho

A Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO) sempre procura soluções relacionadas a produção de alimentos que atendam às necessidades nutricionais da população atual. Nesse contexto, a agricultura orgânica se destaca em todo o mundo, por ser um sistema sustentável, por causar menos impacto ambiental e fornecer alimentos igualmente ou mais nutritivos, com menos (ou nenhum) resíduos químicos, em comparação com a agricultura convencional (REGANOLD; WACHTER, 2016).

O milho é um excelente candidato nesse cenário, pois seu cultivo ocorre em todo o país, com grande versatilidade, sendo usado, tanto para alimentação humana quanto animal. Cerca de 70 % da produção mundial de milho é destinado à alimentação animal, podendo esse percentual chegar a 85%, em países desenvolvidos (PAES, 2006). A demanda por alimentos de origem animal oriundos de sistema orgânico vem crescendo e o milho tem grande importância como fonte energética e de proteína na ração animal. Silva *et al.* (2008) destacam que, apesar do cultivo de milho em sistema convencional ter grande expressão no Brasil, as informações sobre manejo, produção e comportamento das cultivares de milho para os sistemas orgânicos ainda são escassas.

Adicionalmente existem barreiras técnicas que dificultam a produção do milho orgânico. Por exemplo, a baixa eficiência, ou maior dificuldade, no controle de plantas daninhas sem o uso de herbicidas e a obtenção de sementes não transgênicas são considerados empecilhos no cultivo do milho orgânico. Pereira *et al.* (2018) ressaltaram que um dos principais requisitos para a produção orgânica é a não utilização de sementes geneticamente modificada. Após a liberação dos transgênicos pelo Governo Federal em 2008, tem se observado uma redução na oferta de cultivares de milho convencionais. De acordo com Pereira Filho (2020), na safra 2019/2020, havia 196 cultivares de milho para grão registradas e, dentre elas, em torno de 70% apresentavam alguma tecnologia transgênica.

Estima-se que mais de 95% da agricultura orgânica se baseia em cultivares que foram criadas para o sistema convencional de alto insumo com seleção em programas convencionais de melhoramento. Contudo, pesquisas demonstram que tais cultivares carecem de características importantes sob condições de produção orgânica e de baixo insumo (VAN BUEREN *et. al*., 2003).

Uma série de metas de melhoramento desejadas para o setor orgânico, como

rendimento, resistência ao estresse biótico e abiótico, qualidade de produto, qualidades sensoriais exigidas pelos consumidores não diferem dos objetivos do melhoramento convencional. Entretanto, é essencial que tais características sejam selecionadas nos moldes da agricultura orgânica, como por exemplo, na ausência de agrotóxicos, adubos solúveis e na maior presença de plantas espontâneas (WOLFE *et al.*, 2008). Em sistemas orgânicos, a estratégia do melhoramento para desenvolvimento de cultivares adaptadas deve ser diferenciada devido a condição do ambiente ser bastante diversa e variável (DAWSON; MURPHY, 2008).

Costa *et al.* (2004) destacaram que a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos é uma importante ferramenta para orientar a seleção de genótipos superiores. De acordo com os autores, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como componente genotípico, componente da interação genótipo x ambiente, coeficiente de determinação genotípico e correlação fenotípica têm importância na tomada de decisões relacionadas com a escolha dos caracteres e genótipos a ser selecionado.

O estudo de correlação genética entre caracteres desempenha um papel fundamental em programas de melhoramento, pois permite conhecer a influência que a seleção em um caractere terá sobre um outro ou vários caracteres, aparentemente independentes (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). A correlação entre os caracteres dos componentes primários de produção e entre esses e os componentes secundários de produção podem disponibilizar diferentes estratégias de seleção para aumentar o progresso com os ciclos de seleção. Na cultura do milho os componentes primários são número de plantas/área, número de espigas/planta (prolificidade), número de grãos/espiga e massa de grãos. Os componentes secundários estão relacionados com o desenvolvimento da planta, podendo ser a altura de planta, altura de espiga, dias para florescimento masculino e/ou feminino, número de ramificações e comprimento do pendão, que possuem a vantagem de não precisarem esperar até a colheita para serem mensurados (CÂMARA *et al*., 2007).

## 2.5 Variabilidade Genética

Estudos sobre variabilidade genética são essenciais para traçar estratégias e dar continuidade aos sucessivos ciclos de seleção em programas de melhoramento genético. Os componentes de variância são uteis para o melhorista, principalmente o conhecimento da variância aditiva, herdabilidade e progressos com seleção. Estes parâmetros permitem o conhecimento da população base e auxilia na continuidade do programa em andamento, visto que estes parâmetros permitem conhecer o controle genético do caractere e o potencial da

população para seleção (BORÉM; MIRANDA, 2013).

O melhoramento de populações tem como objetivo principal aumentar a frequência de alelos favoráveis em ciclos sucessivos. Apesar de existir a possibilidade de um estreitamento da base genética, sempre existe uma variabilidade presente na população pela não fixação de genes, ou pela quebra de blocos gênicos. Dessa maneira são formados novos genótipos a cada geração de recombinação, pois é impossível representar todos os genótipos em apenas uma geração, dado ao grande número de genótipos possíveis, considerando todos os locos e alelos evolvidos no controle de um caractere quantitativo. Assim sendo, a estimativa de parâmetros genéticos se torna uma forma de acompanhar a evolução da variabilidade existente na população que está em processo de melhoramento (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

As estimativas de herdabilidade e de componentes de variância podem orientar o melhoristas durante o processo de seleção na população a ser melhorada, o que auxilia na seleção de indivíduos superiores e na escolha do método de melhoramento. A escolha do método de melhoramento mais apropriado também depende do modo de reprodução da espécie, além da variância aditiva e não aditiva. Os delineamentos mais utilizados foram propostos por Comstock e Robinson (1948) para a separação das variâncias aditiva, dominante e epistática. Tais metodologias se baseiam na covariância entre os indivíduos aparentados, permitindo estimar os diversos tipos de variância (BORÉM; MIRANDA, 2013).

A estimativa da herdabilidade permite antever a possibilidade do sucesso da seleção, uma vez que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada e indica a proporção da variabilidade observada em virtude dos efeitos aditivos dos genes. Em milho a herdabilidade pode variar entre os caracteres avaliados, já que este parâmetro é específico e pode oscilar de acordo com as condições ambientais e com a variabilidade existente na população. Na literatura, os valores de herdabilidade entre médias de progênies de meios irmãos para prolificidade chegou a variar de 43,52% a 64,29% (ALVES *et al.*, 2002; CARVALHO *et al.*, 2003; ARAÚJO *et al.*, 2005; CANDIDO, 2005; CANDIDO *et al.*, 2011).

A variância genética aditiva é o componente responsável pela resposta da população à seleção e pela quantificação entre a relação unidade de seleção e unidade melhorada. Além de constituir um indicativo da facilidade de identificação de genótipos superiores (FALCONER; MACKAY, 1996). A análise dos dados do teste de progênies permite estimar a variância genética aditiva na população base e, em consequência, verificar quais as chances de êxito na seleção e detectar as possíveis alterações que podem ocorrer na variabilidade genética, durante o desenvolvimento de sucessivos ciclos de seleção (CARVALHO *et al.*, 2003).

# 3 MATERIAL E MÉTODOS

## 3.1 Descrição do local de instalação

A área utilizada localiza-se na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da UNESP - Campus de Ilha Solteira, localizada no município de Selvíria–MS. A localização geográfica aproximada da área experimental é 20°22’ S, 51°23’ W e 363 m de altitude. O clima do local é do tipo Aw, pela classificação de Köppen, com temperatura média anual de 23,5ºC, umidade relativa do ar entre 70% e 80% e precipitação média anual de 1370 mm. O solo local é classificado como latossolo vermelho distrófico típico argiloso (EMBRAPA, 2013).

## 3.2 Material e delineamento experimental

O Composto Flintisa original foi obtido pela recombinação das populações ESALQ-VF1, Suwan e Cateto Colômbia (ANDRADE, 2019) e submetido a seis ciclos de seleção para rendimento. Foi utilizada a seleção massal estratificada para o primeiro, segundo, quarto e o sexto ciclos. No terceiro ciclo foi realizada seleção entre meios irmãos e o quinto entre progênie de meios irmãos com recombinação de progênies $S_1$. Todos os ciclos de seleção foram realizados sem fertilizantes e em ambientes considerados de baixa tecnologia. Em seguida foram realizados mais cinco ciclos de seleção para prolificidade, utilizando-se o método proposto por Pateniani (1978), com adaptação para polinização manual na recombinação das plantas prolíficas selecionadas, ao invés da polinização natural. A população resultante do último ciclo de seleção para prolificidade constituiu o material para o presente estudo.

Na segunda safra do ano agrícola 2019/20 foram retiradas, em um lote isolado, 198 progênies de meios irmãos do material, em área antes ocupada por feijão em sistema orgânico, sem utilização de adubações, normalmente usados no sistema convencional. Foram tomadas preferencialmente plantas com duas espigas ou com maior vigor fenotípico.

No ano agrícola seguinte, no mesmo local da retirada das progênies, elas foram avaliadas em quatro experimentos em delineamento de blocos casualizados, com três repetições e parcela experimental com uma linha de 5 m com 25 plantas. O espaçamento entre parcelas foi de 85 cm, com 20 cm entre plantas. A semeadura foi feita com o dobro de sementes, com realização do desbaste no estádio de cinco folhas desenvolvidas. Em cada experimento foram colocadas, como testemunhas adicionais, as variedades AL Avaré, AL Piratininga e Robusto.

## 3.3 Tratos culturais

Os tratos culturais utilizados foram irrigação para emergência das plantas, um cultivo mecânico e duas capinas manuais para controle de ervas, liberações de *Trichogramma* para controle de lagartas, em duas etapas, sendo a primeira com quatro semanas após emergência ao notar aparecimento de danos em folhas e alguns cartuchos, e a segunda 15 dias após a primeira.

Para o controle de formigas (saúvas), inicialmente foi utilizada uma calda com a proporção de 10 litros de água e 1 kg de cal virgem. A aplicação se deu manualmente, aplicando de 2 a 3 litros por formigueiro, sendo essa variação advinda do tamanho do formigueiro (Figura 1), reduzindo-se consideravelmente a incidência de ataques, mas não erradicando 100%. Com isso também foi aplicada uma bioísca aprovada para agricultura orgânica, na dose de 10 g por olheiro.

**Figura 1-** Aplicação de produto para o controle de formigas.

**Fonte:** própria autora.

## 3.4 Caracteres avaliados

Foram mensurados os caracteres dias para florescimento feminino (FF), ataque de *Spodoptera* (NS), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), porcentagem de plantas em pé (PP), prolificidade (PR), rendimento de espigas (RE) e rendimento de grãos (RG). Para AP e AE foi considerada a média de cinco plantas medidas em cada parcela. Para RE e RG foram considerados os totais de parcelas corrigidos para 13% de umidade e estande ideal de 25 plantas por parcela, pelo método de covariância (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Danos físicos causados pela lagarta do cartucho (NS) foram avaliados por uma escala de nota de 0 a 9, adaptado de Davis *et al.* (1992.) como descrito na Tabela 1.

**Tabela 1 -** Escala de notas para avaliação de danos de *Spodoptera frugiperda* nas folhas (adaptada de Davis *et al.*, 1992).

| *Nota* | *Descrição* |
|---|---|
| *0* | Grandes lesões e porções comidas (dilaceradas) em todas as folhas. |
| *1* | Grandes lesões e porções comidas (dilaceradas) na maioria das folhas. |
| *2* | Grandes leões e porções comidas (dilaceradas) em algumas folhas. |
| *3* | Pequenas lesões e porções comidas (dilaceradas) em várias folhas. |
| *4* | Pequenas lesões e porções comidas (dilaceradas) em poucas folhas. |
| *5* | Perfurações arredondadas e lesões em várias folhas. |
| *6* | Perfurações arredondadas e lesões em poucas folhas. |
| *7* | Perfurações arredondadas em algumas folhas (sem a presença de lesões). |
| *8* | Lesões pequenas em algumas folhas (sem a presença de perfurações). |
| *9* | Nenhum dano físico nas folhas. |

**Fonte:** própria autora.

## 3.5 Análise estatístico-genética

Para as análises individuais de cada experimento (Tabela 2), conduzidas com o pacote genético-estatístico Genes (CRUZ, 2016), o modelo matemático empregado foi $Y_{ij} = \mu + p_i + b_j + \varepsilon_{ij}$, onde:

$Y_{ij}$ = valor observado para o tratamento *i* na repetição *j*;

$\mu$ = média geral do experimento;

$p_i$ = efeito aleatório da progênie *i* (*i* = 1, 2,..., p), ou fixo da testemunha *i* (*i* =1, 2,...,s);

$b_j$ = efeito aleatório do bloco *j* (*j* = 1, 2,..., r);

$\varepsilon_{ij}$ = erro devido a fatores não controlados em nível das parcelas.

**Tabela 2 -** Esquema da análise de variância individual para cada experimento, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

| **FV** | **GL** | **QM** | **E(QM)** |
|---|---|---|---|
| Blocos | r – 1 | QMB | ---- |
| Tratamentos | (t - 1) | QMT | ---- |
| Progênies (P) | p - 1 | QMP | $\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$ |
| Testemunhas (T) | te - 1 | QMTe | ---- |
| P *vs* T | 1 | QMP*vs*Te | ---- |
| Resíduo | (r - 1)(t - 1) | QMR | $\sigma_e^2$ |
| Total | rt - 1 | ----- | ----- |

**Fonte:** própria autora. Modelos matemáticos e E(QM) adotados conforme Vencovsky e Barriga (1992)

Para as análises de variâncias agrupadas (Tabela 3), também conduzidas com o pacote genético-estatístico Genes (2013), o modelo matemático empregado foi,

$Y_{ijk} = \mu + p_{i(k)} + e_k + b_{j(k)} + \bar{\varepsilon}_{ijk}$, em que:

$Y_{ijk}$ = valor observado para o tratamento *i* na repetição *j* e experimento *k*;

$\mu$ = média geral dos experimentos;

$p_{i(k)}$ = efeito da *i* - ésima progênie dentro do *k* - ésimo experimento;

$e_k$ = efeito fixo do *k* - ésimo experimento (*k* = 1, 2,..., e);

$b_{j(k)}$ = efeito do *j* - ésimo bloco dentro do *k* - ésimo experimento;

$\bar{\varepsilon}_{ijk}$ = erro médio aleatório.

**Tabela 3 -** Esquema da análise de variância agrupada, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

| FV | GL | QM | E(QM) |
|---|---|---|---|
| Blocos/E | e(r-1) | QMB | ---- |
| Experimentos (E) | e-1 | QME | ---- |
| Testemunhas (T) | te-1 | QMTe | $\sigma_e^2 + r\phi_T$ |
| Testemunhas x E | (te-1)(e-1) | QMTeE | $\sigma_e^2 + r\phi_{Te}$ |
| Progênies/E | e(p-1) | QMP | $\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$ |
| (T *vs* P)/E | e | QMP*vs*Te | $\sigma_e^2 + r\phi_{PvsT}$ |
| Erro médio | e(t-1)(r-1) | QMR | $\sigma_e^2$ |
| Total | e(rt - 1) | ----- | ----- |

**Fonte:** própria autora. Modelos matemáticos e E(QM) adotados conforme e Vencovsky e Barriga (1992).

As anáises de covariâncias (Tabela 4) foram conduzidas apenas com as aprogênies, obedecendo os mesmos preceitos das análises de variância, utilizando também o pacote estatísitico-genético Genes (CRUZ, 2016).

**Tabela 4 -** Esquemas das análises de covariâncias agrupadas, com as respectivas esperanças dos produtos médios.

| FV | GL | PM | E(PM) |
|---|---|---|---|
| Blocos/E | e(r-1) | PMB | ---------- |
| Experimentos (E) | e-1 | PME | ---------- |
| Progênies/E | e(p-1) | PMP | COVe + r COVp |
| Erro médio | e(r-1)(p-1) | PMR | COVe |

**Fonte:** própria autora. Modelos matemáticos e E(QM) adotados conforme e Vencovsky e Barriga (1992).

Com base nas análises de variâncias e covariâncias agrupadas, para cada caractere

avaliado, foram estimados os seguintes parâmetros:

a) Variância ambiental entre parcelas: $\hat{\sigma}_e^2$= QMR;

b) Variância genética entre progênies: $\hat{\sigma}_p^2$= (QMP-QMR)/r;

c) Variância fenotípica média: $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2/r$;

d) Variância genética aditiva: $\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2$ ;

e) Coeficiente de herdabilidade para seleção com base em médias de progênies: $h^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$;

f) Coeficiente de variação genética: $CV_g = 100 \sqrt{\hat{\sigma}_p^2}/m$;

g) Índice de variação: $\hat{b} = CV_g / CV_e$;

h) Ganho esperado com seleção entre progênies (dois sexos) com intensidades de seleção de 3% e 20%: $GS = i\hat{\sigma}_p^2 / \sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2}$, sendo i = 2,2681 e 1,3998 (diferencial de seleção estandardizado para intensidades de seleção de 3% e 20%, respectivamente);

h) Covariância ambiental entre caracteres x e y: $C\hat{O}V_{e(xy)} = PMR$;

i) Covariância genética de progênies entre caracteres x e y: $C\hat{O}V_{p(xy)}$ = ($PMP_{(xy)}$-$PMR_{(xy)}$)/r;

j) Covariância genética aditiva entre caracteres x e y: $C\hat{O}V_{A(xy)} = 4C\hat{O}V_{p(xy)}$);

k) Covariância fenotípica média entre caracteres x e y - $C\hat{O}V_{\bar{F}(\bar{x}y)} = C\hat{O}V_{p(xy)} + C\hat{O}V_{e(xy)}/r$;

l) Coeficiente de correlação fenotípica entre caracteres x e y: $r_{\bar{F}} = C\hat{O}V_{\bar{F}(x,y)} / \sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{F}x}^2 \cdot \hat{\sigma}_{\bar{F}y}^2}$ ;

m) Coeficientes de correlação genética aditiva entre caracteres x e y:

$$r_{A_{xy}} = C\hat{O}V_{A(xy)} / \sqrt{\hat{\sigma}_{Ax}^2 \cdot \hat{\sigma}_{Ay}^2}$$

n) Resposta correlacionada no caractere x, mediante seleção no caractere (y), com intensidade de 3% e 20%: $RC_{(x/y)} = i\frac{COVp_{xy}}{\sqrt{\sigma_{\bar{F}y}^2}}$ sendo i = 2,2681 e 1,3998 (diferencial de seleção estandardizado para intensidades de seleção de 3% e 20%, respectivamente).

# 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os coeficientes de variação obtidos variaram de baixo a médio (Tabela 5), indicando que o delineamento experimental utilizado foi satisfatório para controlar a variação ambiental e permitir a obtenção de dados confiáveis (FRITSCHE-NETO *et al.*, 2012). Observa-se que os mesmos ficaram abaixo ou próximo de 20%, exceto para NS (50,7%). Para esse caractere isso sugere uma boa precisão dos resultados para ensaios de progênies e boa homogeneidade dos dados, de acordo com a literatura (SCAPIM *et al.*, 1995).

Para o efeito dos experimentos houve significância para os caracteres FF, NS, AP, PP, RE, RG ($p<0,01$) e PRO ($p<0,05$), indicando que há diferença entre os experimentos realizados em blocos (Tabela 5). Por isso, na análise agrupada, as médias das progênies foram corrigidas, em função das testemunhas comuns, para a seleção das melhores progênies. Para a interação testemunha com os experimentos, observou-se significância para os caracteres FF, AE, AP e RG. Para NS, embora tenha ocorrido diferença entre experimentos, não houve interação com a testemunha (Tabela 5). De forma similar, para PP, PRO e RE não acorreu interação com a testemunha.

As médias de NS foram muito baixas nas condições de avaliação devido à forte infestação pelos insetos que não foi contida o suficiente com as duas liberações de *Trichogramma* realizadas. A média geral foi 1,81 na escala de zero (plantas totalmente destruídas) a 9 (plantas sem ataque) (Tabela 5), fato que corrobora com os resultados obtidos por Campos e Boiça Júnior (2012).

Para o efeito de progênies observou-se diferença significativa em todos os caracteres estudados, sendo a primeira indicação da existência de variabilidade genética que poderá ser explorada com seleção, na maioria dos caracteres avaliados (Tabela 5).

Quando realizado o teste F para o contraste entre testemunhas e progênies, observou-se efeito significativo para os caracteres FF, NS, AP, AE e PRO. Nos quatro primeiros casos as médias das progênies foram inferiores em comparação com as testemunhas. Portanto, as progênies foram mais precoces, tiveram um ataque maior de lagartas e foram de porte menor que a média das testemunhas. Resultados semelhantes foram encontrados por Badillo-Feliciano *et al*. (1979), em estudo com híbridos e variedades de milho. A PRO foi maior no Composto Flintisa (média das progênies), sendo resultado da seleção praticada para aumento deste caractere em gerações anteriores da população base para este estudo.

**Tabela 5 -** Quadrados médios da análise agrupada de variância, coeficientes de variação experimental (CVe), parâmetros genéticos e médias para dias para florescimento feminino (FF), nota para danos de *Spodoptera frugiperda* (NS), altura de plantas (AP), altura de espiga (AE), porcentagem de plantas em pé (PP), prolificidade (PRO), rendimento de espiga (RE) e rendimento de grãos (RG).

| **Fontes de Variação** | **GL** | **FF (dias)** | **NS (nota)** | **AP (cm)** | **AE (cm)** | **PP (%)** | **PRO (espiga planta$^{-1}$)** | **RE (kg ha$^{-1}$)** | **RG (kg ha$^{-1}$)** |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Blocos/E | 8 | 22,08 | 6,34 | 600,88 | 600,30 | 109,05 | 0,6848 | 10346338,57 | 7421163,44 |
| Experimentos (E) | 3 | 181,52** | 18,18** | 19043,11** | 1283,90** | 333,45** | 0,2681* | 32827293,57** | 50038491,90** |
| Testemunhas (T) | 2 | 31,44 ** | 13,0 ** | 409,0 | 314,08** | 21,21 | 0,0464 | 16842177,78** | 8622679,22** |
| T x E | 6 | 26,29 ** | 1,63 | 734,85** | 435,12** | 29,13 | 0,0973 | 1252895,50 | 1190991,01* |
| Progênies/E | 194 | 15,46** | 1,38** | 389,38** | 220,74** | 87,34** | 0,1091** | 1086825,65** | 697718,74** |
| (T vs Progênies)/E | 4 | 89,41** | 33,45 ** | 1358,96** | 560,72** | 86,82 | 0,5811** | 471927,38 | 344827,68 |
| Resíduo | 412 | 5,16 | 0,84 | 164,53 | 106,87 | 61,14 | 0,0803 | 814887,79 | 520199,48 |
| Médias gerais | | 56,30 | 1,81 | 180,57 | 95,54 | 93,52 | 1,28 | 4200,61 | 3001,06 |
| Médias Progênies | | 56,14 | 1,71 | 179,98 | 95,12 | 93,35 | 1,29 | 4203,23 | 2996,72 |
| Médias Testemunhas | | 58,88 | 3,41 | 190,33 | 102,5 | 96,37 | 1,11 | 4157,38 | 3072,64 |
| CVe (%) | | 4,03 | 50,69 | 7,10 | 10,82 | 8,36 | 22,20 | 21,49 | 24,03 |
| Var. ambiental | | 5,16 | 0,84 | 164,53 | 106,87 | 61,14 | 0,0803 | 814887,79 | 520199,48 |
| Variância genética | | 3,43 | 0,18 | 74,95 | 37,96 | 8,73 | 0,0096 | 90645,95 | 59173,09 |
| Var. gen, aditiva | | 13,72 | 0,72 | 299,8 | 151,84 | 34,92 | 0,0380 | 362583,0 | 236692,32 |
| Herdabilidade | | 66,61 | 39,07 | 57,75 | 51,58 | 29,99 | 26,38 | 25,02 | 25,44 |
| Var, fenot, média | | 5,15 | 0,46 | 129,79 | 73,58 | 29,11 | 0,04 | 362275,22 | 232572,91 |
| CVg | | 3,30 | 24,76 | 4,80 | 6,48 | 3,16 | 7,61 | 7,16 | 8,12 |
| CVg/CVe | | 0,82 | 0,49 | 0,68 | 0,60 | 0,38 | 0,34 | 0,33 | 0,34 |

*,** - Significativos em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F.

**Fonte:** Própria autora.

Em relação aos caracteres RE, RG e PP, não houve diferenças significativas para o contraste, indicando que o Composto Flintisa se equivale à média das variedades utilizadas como testemunhas, constituindo-se em um bom material para uso nas condições de agricultura orgânica, tanto do ponto de vista da arquitetura das plantas como do rendimento de grãos. Resultados similares foram encontrados por Andrade (2019) quando comparou o rendimento de grãos do Composto Flintisa com o a testemunha, em ambientes de baixa e alta tecnologia. Nesse trabalho o material ainda não havia sido submetido à seleção para prolificidade e as condições ambientais foram bem próximas das condições de agricultura orgânica. Favarato *et al.* (2016) relataram resultados inferiores das progênies em relação ao rendimento de espigas das variedades comerciais, em condições de cultivo convencional.

O FF apresentou valor da variância genética aditiva superior àquelas relatadas por Hallauer *et al.* (2010), Assunção *et al.* (2010) e Candido e Andrade (2008), que encontraram valores da ordem de 4,0, 3,0 e 5,98 (dias)$^2$ respectivamente. A variância genética aditiva de 13,72 (dias)$^2$, associada à herdabilidade de 66,6%, indica variabilidade genética suficiente para tornar a população mais precoce. Isso refletiu no ganho com seleção estimado de 3,77% para diminuir o FF, com intensidade de seleção de 20% (Tabela 7).

A variância aditiva para AP foi 299,8 (cm/planta)$^2$, próximo aos valores obtidos por Souza *et al.* (2018), que encontraram 349,63 (cm/planta)$^2$ para três populações semiexóticas de milho e Oliveira *et al.* (2015) que, ao estudar diversas populações brasileiras, constataram valores entre 349,8 e 529,8 (cm/planta)$^2$, sempre em condições de agricultura convencional. Para AE a estimativa de variância genética aditiva foi de 151,8 (cm/planta)$^2$, inferior ao encontrado por Souza *et al.* (2018) com valor de 222,99 (cm/planta)$^2$. Mesmo assim os valores de herdabilidade para AP e AE (Tabela 5) foram altos (57,7 e 51,6%), refletindo uma boa condição para melhorar ainda mais a arquitetura do Composto Flintisa para as condições de agricultura orgânica. A variabilidade genética para esses caracteres é mais facilmente detectada pelo fato de serem menos influenciados pelo ambiente. Em relação ao sistema convencional, as médias podem ser menores, mas a variação genética existente sempre é detectada.

Para PRO a estimativa de variância genética aditiva foi de 0,038 (espiga/planta)$^2$, sendo superior à encontrada por Candido e Andrade (2008), com valor de 0,021 (espiga/planta)$^2$. A seleção anterior para PRO no Composto Flintisa não foi suficiente para esgotar a variabilidade para esse caractere, como é o esperado em programas de

seleção recorrente (BORÉM *et al*., 2021).

A variância genética aditiva para rendimento de grãos foi de 68,40 (g/planta)$^2$, muito inferior à média de 469,1 (g/planta)$^2$ encontrada por Hallauer *et al.* (2010) em diversos trabalhos compilados. Para RE foi observado o valor de 104,8 (g/planta)$^2$ para a variância genética aditiva, também muito inferior à estimativa obtida por Carvalho e Souza (2007), que estimaram o valor de 147,7 (g/planta)$^2$ no primeiro ciclo de seleção para rendimento de espigas e 766,2 (g/planta)$^2$ após 17 ciclos de seleção para este caractere em cultivo convencional. Aumento da variabilidade genética ao longo dos ciclos de seleção ocorre frequentemente na seleção recorrente (Borém *et al.* 2021), pois não é possível a expressão da variabilidade total em apenas uma geração. Devido ao grande número de locos que controlam os caracteres quantitativos, há um número muito grande de genótipos possíveis que não aparecem ao mesmo tempo em uma geração, sendo expostos ao longo dos ciclos pela recombinação. Como os valores encontrados na literatura não são para as condições de agricultura orgânica, essa diferença pode ser considerada normal, pois as condições mais estressantes deste sistema estão limitando a expressão da variabilidade genética para RE e RG, que são caracteres com grande influência ambiental. Esses caracteres normalmente apresentam baixos valores de herdabilidade na maioria das populações estudadas em ambientes estressantes.

Em relação a NS, a variância genética aditiva foi de 0,72, com herdabilidade de 39,1% em nível de progênies. O coeficiente de variação alto (50,7%) indica pressão desigual da praga entre as parcelas, aumentando o erro experimental. Mesmo assim a herdabilidade entre progênies foi de valor médio (39,1%). O mesmo não ocorreu para PP, com herdabilidade (30,0%) e coeficiente de variação experimental (8,4%) médios. Neste caso a variância genética aditiva [34,9 (%)$^2$] foi proporcionalmente menor em relação à variação fenotípica.

Para a estimativa dos coeficientes de herdabilidade verificou-se valores altos para os caracteres FF (66,6%), AP (57,7%) e AE (51,8%), sendo semelhantes àqueles reportados na literatura. Enquanto isso, para os demais caracteres os valores encontrados foram considerados de médios para baixos. Doná *et al.* (2012) relataram valores de herdabilidade para AP de 56% e AE de 52,23% quando avaliaram os possíveis ganhos genéticos nas populações SynFlint e Syndent de milho.

O índice de seleção para o caractere FF foi alto (0,82) (Tabela 5), superior ao valor encontrado por Candido e Andrade (2008) para a população Isanão VF1 (0,15). Com herdabilidade de 66,6%, a seleção para maior precocidade será eficiente no Composto

Fintisa. O índice de seleção para AP foi considerado alto (0,68), valor próximo àquele reportado por Candido e Andrade (2008) com o valor de 0,77. Este valor associado com a herdabilidade (57,7%) indica uma certa facilidade para se diminuir a altura das plantas com seleção. De forma similar, considerando a herdabilidade para altura de espigas (51,7%), associada com o índice de seleção de 0,6, indica que este caractere pode ser utilizado para seleção, podendo explorar a variabilidade presente na população para diminuir a altura das espigas em ciclos futuros de seleção, caso haja interesse. De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), o índice de seleção próximo da unidade indica facilidade para se obter ganhos com seleção. Assim, para os demais caracteres, os índices de seleção de 0,49, 0,38, 0,34, 0,33 e 0,33 para NS, PP, PRO, RE e RG, respectivamente, foram considerados baixos. No entanto, os coeficientes de variação genética (Tabela 5) foram de boa magnitude para NS (24,8%), PRO (7,6%), RE (7,2%) e RG (8,1), de acordo com Carvalho *et al*. (2003).

Quanto às correlações genéticas aditivas entre os caracteres analisados (Tabela 6) foram confirmados altos valores entre AP e AE (0,88) e RE e RG (0,93), como aqueles encontrados por Andrade e Miranda Filho (2008) para a população ESALQ-PB1 em sistema convencional. Esses pares de caracteres normalmente apresentam correlações positivas e altas pois o efeito pleiotrópico é muito forte, com um número grande de locos influenciando ao mesmo tempo AP e AE e outro grupo de locos influenciando RE e RG. Andrade (2019) avaliou o Composto Flintisa, antes da seleção para prolificidade, e também encontrou correlações genéticas altas entre AP e AE tanto em condições de alta tecnologia (0,73) como de baixa tecnologia (0,93).

Destaca-se também a correlação positiva (0,56) entre FF e NS, indicando que plantas mais precoces sofrem menos com o ataque de lagartas. No entanto é necessário cuidado com a interpretação desse resultado pelo fato do ataque de *Spodoptera* ter sido muito intenso. A dúvida é se essa correlação se manterá em uma situação de ataque menos intenso, onde a estimativa de variância para NS poderá ser alterada.

A correlação entre RG e PP foi de 0,60, bem superior ao valor de -0,06 encontrado por Andrade (2019), para o Composto Flintisa em condições de baixa tecnologia. No entanto, no mesmo trabalho, Andrade (2019) encontrou valor de 0,50 para o mesmo composto em condição de alta tecnologia. Essa correlação tende a variar muito, pois as condições que permitem discriminar os genótipos para PP nem sempre ocorrem na mesma intensidade em todos os experimentos. Na condição de colheita mecanizada essa correlação tende a ser mais acentuada ainda, pois as plantas tombadas tendem a não serem

colhidas. Em condições de colheita manual, as plantas tombadas são colhidas normalmente e a correlação se dá pelo menor rendimento dessas plantas em relação àquelas em pé. Além de serem sombreadas, elas gastam mais energia tentando se recuperar, desviando fotoassimilados do enchimento dos grãos.

Correlações genéticas negativas (Tabela 6) foram observadas do FF com RE (-0,47) e RG (-0,43). Isso pode favorecer a obtenção de populações produtivas e mais precoces, caso seja o objetivo da seleção. Como as correlações de RE e RG com AP e AE foram baixas, espera-se uma pequena alteração no porte das plantas com a seleção para RG, como também foi verificado por Andrade e Miranda Filho (2008) e Andrade (2019).

**Tabela 6 -** Estimativas das correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) e das correlações genéticas aditivas (acima da diagonal) entre os caracteres dias para florescimento feminino (FF), nota para danos de *Spodoptera frugiperda* (NS), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), porcentagem de plantas em pé (PP), prolificidade (PRO), rendimento de espigas (RE) e rendimento de grãos (RG), no composto Flintisa em condições de agricultura orgânica.

| | **FF** | **NS** | **AP** | **AE** | **PP** | **PRO** | **RE** | **RG** |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **FF** | | 0,56 | 0,29 | 0,19 | -0,07 | -0,24 | -0,47 | -0,43 |
| **NS** | 0,24 | | 0,38 | 0,43 | 0,13 | -0,19 | -0,03 | 0,10 |
| **AP** | 0,05 | 0,27 | | 0,88 | -0,27 | 0,02 | 0,18 | 0,26 |
| **AE** | -0,008 | 0,30 | 0,83 | | -0,23 | 0,17 | 0,11 | 0,25 |
| **PP** | -0,04 | 0,11 | -0,05 | -0,03 | | 0,03 | 0,35 | 0,60 |
| **PRO** | -0,16 | 0,01 | 0,08 | 0,08 | 0,08 | | 0,003 | -0,06 |
| **RE** | -0,14 | -0,02 | 0,06 | 0,02 | 0,05 | 0,17 | | 0,92 |
| **RG** | -0,12 | 0,02 | 0,10 | 0,07 | 0,10 | 0,14 | 0,94 | |

**Fonte**: Própria autora.

Os ganhos previstos com seleção, com intensidade de 20% (Tabela 7), refletindo todos os parâmetros estimados, foram de boa magnitude para, AP (5,1%), AE (6,5%), PRO (5,5%), RE (5,0%) e RG (5,7%). Portanto espera-se sucesso com a seleção direta para esses caracteres como também foi encontrado por Zeeshan *et al.* (2013) e Magar *et al.* (2021). Andrade (2019) encontrou ganho de 5,65 para RG, com intensidade de 10%, em condições de baixa tecnologia. Com seleção também dentro de progênies, com a mesma intensidade o ganho estimado foi de 8,27%. Refletindo a baixa correlação genética (Tabela 6) a seleção para PRO não influenciará em RE e RG, com respostas correlacionadas de 0,01 e -0,27%. Isso indica uma possível diminuição no tamanho das espigas com a seleção para prolificidade, praticada anteriormente no Composto Flintisa, e que essa tendência ainda deverá ocorrer em ciclos futuros de seleção, desencorajando a seleção indireta. Também é interessante considerar que a seleção para RE causará uma

resposta correlacionada em RG de 4,0%, pouco abaixo da magnitude da seleção direta neste caractere (5,7%), mas sem alterações significativas em AP (0,5%) e AE (0,4%), refletindo os valores de correlação genética (Tabela 6).

**Tabela 7 -** Estimativas (em %) dos ganhos diretos com seleção entre progênies (diagonal) e respostas correlacionadas, com intensidade de 20%, para os caracteres dias para florescimento feminino (FF), nota para danos de *Spodoptera frugiperda* (NS), altura de planta (AP), altura de espigas (AE), porcentagem de plantas em pé (PP), prolificidade (PRO), rendimento de espigas (RE) e rendimento de grãos (RG), no composto Flintisa em condições de agricultura orgânica.

| | **Caracteres sob seleção** | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | **FF** | **NS** | **AP** | **AE** | **PP** | **PRO** | **RE** | **RG** |
| **FF** | **3,77** | 1,45 | 0,94 | 0,58 | -0,16 | -0,48 | -0,92 | -0,86 |
| **NS** | 14,26 | **21,67** | 8,88 | 9,43 | 2,12 | -2,75 | -0,44 | 1,35 |
| **AP** | 1,47 | 1,42 | **5,12** | 3,93 | -0,85 | 0,05 | 0,50 | 0,73 |
| **AE** | 1,29 | 2,15 | 5,60 | **6,51** | -0,99 | 0,67 | 0,40 | 0,94 |
| **PP** | -0,23 | 0,31 | -0,77 | -0,63 | **2,43** | 0,05 | 0,61 | 1,05 |
| **PRO** | -1,74 | -1,03 | 0,12 | 1,10 | 0,14 | **5,47** | 0,01 | -0,25 |
| **RE** | -3,26 | -0,16 | 1,14 | 0,63 | 1,51 | 0,01 | **5,01** | 3,54 |
| **RG** | -3,41 | 0,55 | 1,87 | 1,68 | 2,92 | -0,27 | 3,97 | **5,73** |

**Fonte:** Própria autora.

Para NS o ganho previsto foi de alta magnitude (21,7%), indicando inicialmente, a possibilidade de se aumentar a resistência à praga. No entanto essa estimativa de ganho, em porcentagem, torna-se enganosa pelo fato de a média da nota de danos das progênies ser muito baixa (1,7 na escala de 0 a 9,0). Por isso um pequeno ganho em unidade torna-se grande em porcentagem. Resultados parecidos foram obtidos por Souza *et al.* (2019). A forte infestação de lagarta pode ter dificultado a detecção da variância genética para esse caractere. Uma infestação mais branda na avaliação das progênies pode ser interessante para selecionar os melhores genótipos e aumentar a concentração de alelos para resistência à praga. Isso será possível se for conseguido um controle parcial da praga com utilização de outros produtos permitidos na agricultura orgânica, em conjunto com a liberação de *Trichogramma*, realizada no presente experimento.

Ao contrário de NS, para PP o ganho previsto foi de baixa magnitude (2,4%) e espera-se que a seleção para aumentar a porcentagem de plantas em pé não seja efetiva. Neste caso a média das progênies foi elevada (93,4%). Andrade (2019) encontrou ganho de 13,06%, com intensidade de 10% entre progênies, em condições de baixa tecnologia.

O ganho de 5,7% esperado com seleção direta para RG praticamente não

acarretará alterações indesejáveis nos demais caracteres. São esperadas respostas correlacionadas praticamente nulas em FF (apesar da correlação genética de -0,43), AP, AE, NS e PRO (Tabela 7), o que evidencia boa condição para melhoramento do rendimento de grãos da população nas condições de agricultura orgânica. Andrade (2019) encontrou resultados equivalentes para a população Flintisa em condições de baixa tecnologia, porém com intensidade de seleção de 10% entre e dentro de progênies. Mesmo a alta correlação com PP (0,60) não refletiu em resposta correlacionada muito alta para esse caractere (1,05%). O inverso também não deve ser incentivado pois a resposta correlacionada prevista em RG com seleção em PP é de apenas 2,92% frente ao ganho direto com seleção em RG (5,73%).

Para que um programa de seleção recorrente tenha possibilidade de sucesso em longo prazo, a intensidade de seleção não pode ser muito baixa. Com a seleção de 40 progênies de meios irmãos (20%) na presente situação, o tamanho efetivo é de 160, bem acima do recomendado por Souza Júnior (2001) para que não haja endogamia, deriva genética e redução drástica de variabilidade genética nos ciclos seguintes. Nesta situação, com esse tipo de progênie existe a possibilidade de se praticar, paralelamente, uma intensidade mais forte, visando a obtenção mais rápida de uma população melhorada que possa competir com as testemunhas do mercado. Não haverá continuidade desse processo, mas sim uma retirada em cada ciclo par recombinação e comparação com as testemunhas comerciais. Por isso a intenção é realizar uma seleção com intensidade de 3% (seis progênies no presente caso), a cada ciclo de seleção. Essa população terá tamanho efetivo de 24 e poderá ser recombinada e avaliada em comparação com as testemunhas comerciais visando o lançamento mais rápido de variedade adaptada ao sistema de agricultura orgânica.

Com a intensidade de seleção de 3% espera-se um ganho aproximadamente 62,0% maior para cada caractere em relação à intensidade de 20% (Tabela 8). Assim o ganho esperado em RG será de 9,29% (Tabela 8) e as mesmas tendências de repostas correlacionadas são esperadas nos demais caracteres. Assim entende-se que será possível obter uma população competitiva com as testemunhas comerciais já no primeiro ciclo de seleção, sem alterar o programa normal com 20% de intensidade de seleção. No segundo ciclo espera-se outra população ainda melhor e assim por diante.

**Tabela 8 -** Estimativas (em %) dos ganhos diretos com seleção entre progênies (diagonal) e respostas correlacionadas, com intensidade de 3%, para os caracteres dias para florescimento feminino (FF), nota para danos de *Spodoptera frugiperda* (NS), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), porcentagem de plantas em pé (PP), prolificidade (PRO), rendimento de espigas (RE) e rendimento de grãos (RG), no composto Flintisa em condições de agricultura orgânica.

| | **Caracteres sob seleção** | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | **FF** | **NS** | **AP** | **AE** | **PP** | **PRO** | **RE** | **RG** |
| **FF** | **6,11** | 2,36 | 1,53 | 0,94 | -0,26 | -0,77 | -1,49 | -1,39 |
| **NS** | 23,11 | **35,11** | 14,39 | 15,28 | 3,43 | -4,46 | -0,71 | 2,19 |
| **AP** | 2,39 | 2,30 | **8,29** | 6,37 | -1,38 | 0,09 | 0,81 | 1,19 |
| **AE** | 2,09 | 3,48 | 9,08 | **10,55** | -1,60 | 1,09 | 0,65 | 1,52 |
| **PP** | -0,38 | 0,50 | -1,26 | -1,03 | **3,93** | 0,09 | 0,99 | 1,70 |
| **PRO** | -2,83 | -1,67 | 0,20 | 1,79 | 0,22 | **8,87** | 0,02 | -0,41 |
| **RE** | -5,28 | -0,26 | 1,84 | 1,03 | 2,45 | 0,02 | **8,13** | 5,73 |
| **RG** | -5,52 | 0,89 | 3,03 | 2,72 | 4,73 | -0,45 | 6,44 | **9,29** |

**Fonte:** Própria autora.

# 5 CONCLUSÃO

O Composto Flintisa apresenta bom potencial para uso em condições de agricultura orgânica e ainda variabilidade genética suficiente para ganhos com seleção recorrente em caracteres ligados à arquitetura da planta e rendimento de grãos. Poderá ser praticada seleção direta para rendimento de grãos uma vez que as respostas correlacionadas em outros caracteres são consideradas de pequeno efeito, não sendo favoráveis nem desfavoráveis.

Para tolerância à lagarta do cartucho, nas condições de alta infestação ocorridas na avaliação, não se espera conseguir melhorar essa população.

# REFERÊNCIAS


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

ANDRADE, J. A. C. Genetic variability and breeding potential of Flintisa Composite of maize in two levels of technology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology,** Viçosa, MG, v. 19, p. 145-152, 2019.

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

ARAÚJO, P. A.; SANTOS, V. S.; BISON, O.; SOUZA, J. C. Avaliação de famílias de meios irmãos de milho em diferentes espaçamentos entre linhas. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo,** Sete Lagoas, v. 4, n. 3, p. 428-435, 2005.

ASSUNÇÃO, A.; BRASIL, E. M.; OLIVEIRA J. P.; REIS A. J. S.; PEREIRA A. F.; BUENO, L. G.; RAMOS, M. R. Heterosis performance in industrial and yield components of sweet corn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology,** Viçosa, MG, v. 10, p. 183-190, 2010.

BADILLO-FELICIANO J.; LUGO-LÓPEZ M. A.; SCOTT T. W. Influence of cultivars, N levels and time of N application on plant characters, leaf composition and yield of corn grown on as Oxisol. **Journal of Agriculture of the University of Puerto Rico,** Rio Piedras, v. 63, p. 273-280, 1979.

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

BORÉM, A.; MIRANDA G. V.; FRITSCHE-NETO, R. **Melhoramento de plantas.** 8ª ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021. 384 p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas.** 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2005. 525 p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: UFV, 2013.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento genético de plantas:** princípios e procedimentos. Lavras: Editora UFLA, 2001. 282 p.

BUEREN, E.T.; STRUIK, P. C.; JACOBSEN, E. Organic propagation of seed and planting material: An overview of problems and challenges for research. **NJAS - Wageningen Journal of Life Sciences**, Abingdon, v. 51, p. 263-277, 2003.

CÂMARA, T. M. M.; VIEIRA BENTO, D. A.; ALVES, G. F.; SANTOS, M. F.; MOREIRA, J. U. V.; SOUZA JUNIOR, C. L. de. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 595603, 2007.

CAMPOS, A. P.; BOIÇA J. A. L. Lagartas de *Spodoptera frugiperda* (JE Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) submetidas a diferentes concentrações de óleo de nim. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 11**,** p. 137-144, 2012.

CANDIDO, L. S. **Potencial do composto Flintisa anão de milho para melhoramento em condições de espaçamento reduzido e na Safrinha**. 2005. 92 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2005.

CANDIDO, L. S.; ANDRADE, J. A. C. Breeding potential of maize composite Isanão VF1 in small spacing in the second growing season. **Crop Breeding and Applied Biotechnology,** Viçosa, MG, v. 8, p. 56-64, 2008.

CANDIDO, L. S.; ANDRADE, J. A. C.; GARCIA, F. Q.; GONÇALVES, L. S. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Seleção de progênies de meios irmãos do composto Isanão VF-1 de milho na safra e safrinha. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 41, n. 6, p. 947-953, 2011.

CATÃO, H. C. R. M.; MAGALHÃSES, H. M.; SALES, N. L. P. DE.; JUNIOR BRANDÃO, D. S. DA.; ROCHA, F. S. Incidência e viabilidade de sementes crioulas de milho naturalmente infestadas com fungos em pré e pósarmazenamento. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 43, n. 5, p. 764-770, 2013.

CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; SANTOS, M. X.; SOUZA, E. M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, DF, v. 38, n. 1, p. 73-78, 2003.

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

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**, Chichester, v. 4, p. 254-266,1948.

COSER, E. **Avaliação da incidência de pragas e moléstias na cultura do milho (zea mays l.) crioulo e convencional no município de Xaxim – SC**. 2010. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) - Universidade Comunitária da Região de Chapecó, Chapecó, 2010.

COSTA, M. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.

CRUZ, C.D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

DAVIS, F. M.; NG, S. S.; WILLIAMS, W. P. **Visual rating scales for screening whorl-stage corn for resistance to fall armyworm**. Mississippi: Agricultural and Forest Experiment Station, 1992. (Technical Bulletin, 186).

DAWSON, J. C.; MURPHY, K. M. Decentralized selection and participatory approaches in plant breeding for low-input systems. **Euphytica**, Dordrecht, v. 160, p. 143-254, 2008.

DEMATTÊ FILHO, L. C.; MENDES, C. M. I.; KODAWARA, L. M. Produção de frango orgânico: desafios e perspectivas. *In*: **Biofach America Latina**. Rio de Janeiro, 2005. Disponível em: http://inopovos.blogspot.com.br/p/criacao-de-frangoorganico.html. Acesso em: jan. 2018.

DIAS PAES, M. C. **Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho**. Sete Lagoas: EMBRAPA, 2006. p. 1-6. **(**Circular Técnica, 75).

DOEBLEY, J. The genetics of maize evolution. **Annual Review of Genetics,** Palo Alto, v. 38, p. 37-59, 2004

DOEBLEY, J.; STEC, A.; GUSTUS, C. Teosinte branched1 and the origin of maize: evidence for epistasis and the evolution of dominance. **Genetics**, v. 141, n. 1, p. 333-346, 1995.

DOEBLEY, J.; STEC, A.; HUBBARD, L. The evolution of apical dominance in maize. **Nature**, v. 386, n. 6624, p. 485-488, 1997.

DOMINGUES, C. H. C. **Contribuição à análise de agregação de valor na pequena produção agrícola**: o caso dos produtos orgânicos. Campinas: UNICAMP, 2011. Disponível em: https://www.prp.unicamp.br/pibic/congressos/xixcongresso/paineis/085786.pdf . Acesso em: 20 jun. 2022.

DONÁ, A. F.; MIRANDA, G. V.; DE LIMA, R. O.; CHAVES, L. V.; GAMA, E. E. G. Genetic parameters and predictive genetic gain in maize with modified recurrent selection method. **Chilean Journal of Agricultural Research,** Cary, v. 72, p. 33-39, 2012.

DUVICK, D. N. Genetic Progress in Yield of United States Maize (*Zea mays* L.). **Maydica,** Bergamo, v. 50, p. 193-202, 2005.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, DF: Embrapa, 2013. 83 p.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Visão 2030**: o futuro da agricultura brasileira. Brasília, DF: Embrapa, 2018. 212 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Harlow: Pearson Education, 1996. 464 p.

FALUBA, J. S.; MIRANDA, G. V.; LIMA, R. V.; SOUZA, L. V.; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M. C. Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural,** Santa Maria, v. 40, p. 1250-1256, 2010.

FAVARATO, L. F.; SOUZA, J. L.; GALVÃO, J. C. C.; CAETANO, M. S.; GUARCONI, R. C.; BALBINO, J. M. S. Crescimento e produtividade do milho-verde sobre diferentes coberturas de solo no sistema plantio direto orgânico. **Solos e Nutrição de Plantas,** [*s. l.*], v. 75, p. 497-506, 2016.

FIGUEIREDO, E.; SOARES, J. P. Sistemas orgânicos de produção animal: dimensões técnicas e econômicas. *In*: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 49., 2012, Brasília, DF. **Anais** [...] Brasília, DF: SBZ, 2012. v. 1, p. 1-31.

FORNAESIERI F. D. **Manual da cultura do milho**. Jabuticabal: Funep, 2007. 576 p.

FRITSCHE-NETO, R.; VIEIRA, R. A.; SCAPIM, C. A.; MIRANDA, G. V.; REZENDE, L. M. Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum Agronomy,** Maringá, v. 34, p. 99-101, 2012.

GALINAT, W. C. Evolution of corn. *In*: SPARKS, D. L. **Advances in agronomy**. London: Academic Press, 1992. 403 p.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA, JR. C. L. Seleção recorrente fenotípica para melhoramento da qualidade protéica em populações de milho não opaco. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 59, n. 4, p. 743- 748, 2002.

GARCIA-LARA, S.; SERNA-SADIVAR, S. O. Corn history and culture. *In*: SERNA-SALDIVAR, S. O. **Corn:** chemistry and tecnology. 3. ed. Amsterdan: Elsevier, 2019. p. 1-18.

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

GOLDSTEIN, W.; JARADAT, A. A.; HURBURGH, C.; POLLAK, L. M.; GOODMAN, M. Breeding maize under biodynamic-organic conditions for nutritional value and N efficiency/$N_2$ fixation. **Open Agriculture,** Berlin, v. 4, p. 322-345, 2019.

GOODMAN, M. M. História e origem do milho. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (coord.) **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. 2 ed. p. 3-38.

GOODMAN, M.M. Exotic maize germplasm: status and prospects. **Iowa State Journal of Research**, Ames, v. 59, p. 497-527, 1985.

GRIGULO, A. S. M.; AZEVEDO, V. H.; KRAUSE, W.; AZEVEDO, P. H. Avaliação do desempenho de genótipos de milho para consumo in natura em Tangará da Serra - MT. **Bioscience Journal**, Darmstadt, v. 27, n. 4, p. 603-608, 2011.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Springer: New York, 2010. 463 p.

HEINZ, R.; MOTA, L. H. S.; GONÇALVES, M. C.; VIEGAS NETO, A. L.; CARLESSO, A. Seleção de progênies de meio-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. **Revista Ciência Agronômica**, Jaboticabal, v. 43, n. 4, p. 731-739, 2012.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; GOMIDE, R. L. **Fisiologia do milho.** Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2002. (Circular Técnica, 22).

MAGAR, B. T.; ACHARYA, S.; GYAWALI, B.; TIMILSENA, K.; UPADHAYAYA, J.; SHRESTHA, J. Genetic variability and trait association in maize (*Zea mays* L.) varieties for growth and yield traits. **Heliyon,** London, v. 7, p. e07939, 2021.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO – MAPA. SECRETARIA DE POLÍTICA AGRÍCOLA – SPA. **Instituto Interamericano de Cooperação para a Agricultura – IICA.** Brasília, DF, 2007. (Agronegócios: Cadeia Produtiva de Produtos Orgânicos, v. 5).

MATSUOKA, Y.; VIGOUROUX, Y.; GOODMAN, M. M.; SÁNCHEZ, J. J.; BUCKLER, E., DOEBLEY, J. F. A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. **Proc Natl Acad Sci,** Oxford, v. 99, n. 9, p. 6080–6084, 2002.

MAZZOLENI, E. M.; NOGUEIRA, J. M. Agricultura orgânica: características básicas do seu produtor. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, Brasilia, DF, v. 44, n. 2, p. 263-293, 2006.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO – MAPA. **Orgânicos: o que são produtos orgânicos**. Brasília, DF, 2016. Disponível em: http://www.agricultura.gov.br/assuntos/sustentabilidade/organicos. Acesso em: 02 ago. 2021.

MOLL, R. H.; STUBER, C. W. Comparisons response of two alternative selection procedures initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.) **Crop Science**, Hoboken, v. 11, p. 706-711, 1971.

MOTA, J. A. N. **Progresso com seleção nos compostos flintisa e dentado de milho (*Zea mays* L.)** 2006. 27 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Pós Graduação em Agronomia, Universidade Estadual Paulista- Unesp, Ilha Solteira.

NASCIMENTO, M. A.; KNAPP, L. L.; SANTOS, F. M.; BREIDENBACH JÚNIOR, T. C. **Avaliação da percepção dos consumidores em relação dos produtos orgânicos**. 2006. 15 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) - Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2006.

O SERVIÇO BRASILEIRO DE APOIO ÀS MICRO E PEQUENAS - SEBRAE (2019) **O mercado para os produtos orgânicos está aquecido**. [*S. l.*], 2019. Disponível em: ebrae.com.br/sites/PortalSebrae/artigos/o-mercado-para-os-produtos-organicos-esta-aquecido,5f48897d3f94e410VgnVCM1000003b74010aRCRD. Acesso em: 09 ago. 2021.

OLIVEIRA, A. S.; MIRANDA FILHO, J. B.; REIS, E. F. (2015) Variability and inbreeding in semiexotic maize populations. **Genetics and Molecular Research,** Ribeirao Preto, v. 14, p. 1184-1199, 2015.

OLIVEIRA, E. J.; SANTOS, V. S.; LIMA, D. S.; MACHADO, M. S.; LUCENA, R. S.; MOTTA, T. B. N. Estimativas de correlações genotípicas e fenotípicas em germoplasma de maracujazeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 2, p. 255-261, 2011.

PAES, M. C. D. Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho, **Circular Técnica**, Sete Lagoas, n. 75, p. 1-6, 2006. EMBRAPA Sorgo e Milho.

PATERNIANI, E. Phenotypic recurrent selection for prolificacy in maize Z*ea mays* L, **Maydica, Bergamo,** v. 23, p. 29-34, 1978.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas:Fundação Cargill, 1987. p. 215-274.

PEREIRA FILHO, I. A. **Sementes de milho: nova safra, novas cultivares e continua a dominância dos transgênicos.** Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2020. Disponivel em: https://apps.agr.br/wpcontent/uploads/2020/06/Cultivares-de-Milho-do-Brasil-na-safra-2019.20.pdf. Acesso em: 09 ago. 2021.

PEREIRA, D. C. O.; LONGARESI, R. H.; PEREIRA, G. V.; PINTO, D. F. P.; HOMMA, S. K.; DEMATTÊ FILHO, L. C. Organic maize: changes in amino acid composition. **Brazilian Journal of Sustainable Agriculture,** [*s. l.*], v. 8, p. 74-78, 2018.

PINTO, R. M. C.; LIMA NETO, F. P.; SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Estimates of the number of S1 progenies for recurrent selection in maize. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, DF, v. 35, n. 1, p. 63-73, 2000.

PIPERNO, D. R.; FLANNERY, K. V. (2001). The earliest archaeological maize (*Zea mays* L.) from highland Mexico: New accelerator mass spectrometry dates and their implications. **PNAS**, [*s. l.*], v. 98. n. 4, p. 2101-2103, 2001.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2012. 522 p.

RANDOLPH, L. F. History and origin of corn. II. Cyto genetic aspects of the origin and evolutionary history of corn. *In*: SPRAGUE, G. **A monograph in corn and corn improvement**. New York: The Academic, 1955. p. 16-61.

RAPASSI, R. M. A. **Avaliação técnica e econômica de sistemas de produção da cana-de-açúcar** (Saccharum spp) **convencional e orgânica na região oeste do Estado de São Paulo.** 2008. 146 f. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Engenharia, Ilha Solteira, 2008.

REGANOLD, J. P.; WACHTER, J. M. Organic agriculture in the twenty-first century. **Native Plants,** Austin, v. 2, p. 15221, 2016.

RUSSELL, B. A. W. **Melhoramento de populações de milho como fontes de linhagens**. Campinas: Fundação Cargil, 1978. 53 p.

SANTOS, L.; BIDARRA, Z.; SCHIMIT, C. M.; STADUTO, J. A. R. Políticas públicas para o comércio de produtos orgânicos no Brasil. **Revista de Ciências Agrárias,** Lisboa, v. 40, n. 2, 2017.

SANTOS, N. C. B.; CARMO, A. S.; MATEUS, G.; KOMURO, L. K.; PEREIRA, L. B.; SOUZA, L. C. D. Características agronômicas e de desempenho produtivo de cultivares de milho-verde em sistema orgânico e convencional. **Semina: Ciências Agrárias,** Londrina, v. 36, p. 1807-1822, 2015.

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, DF, v. 30, p. 683-686, 1995.

SEGOVIA, V. F. S. **Avaliação da seleção massal em ambos os sexos para prolificidade em milho** (*Zea mays* L.). 1983. 91 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultuta "Luiz de Queiroz", São Paulo, 1983.

SILVA, C. A.; PARFITT, J. M. B.; SILVA, J. J. C.; THEISEN, G. Drenagem superficial para cultivos rotacionados em solos de várzea. **Pelotas: Embrapa Clima Temperado**, 2008. 22 p.

SILVEIRA, D. C. Caracterização agromofológica de variedades de milho crioulo (*Zea mays* L.) Na região noroeste do Rio Grande do Sul. Rev. **Ciência e Tecnologia,** Rio Grande do Sul, v. 1, p. 01-11, n. 1, 2015.

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

SOUZA JÚNIOR, C.L. Seleção recorrente. *In*: LIMA. R. O.; BORÉM, A. **Melhoramento de milho**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2018. p. 73-101.

SOUZA, G. P. F.; RODRIGUES, C. S.; DANIEL, Y. R.; FONTANETTI, A.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Desempenho de cultivares de milho sob sistema orgânico. **Revista Brasileira de Agroecologia,** [*s. l.*], v. 15, p. 88-96, 2019.

SZABÓ, V. M.; BURR, B. Simple inheritance of key traits distinguishing maize and teosinte. **Molecular General,** Genetics, Berlin, v. 252, p. 33-41, 1996.

TERRA, T. F. **Análises citogenéticas e moleculares em populações de milho (Zea mays L.), teosinto** (*Zea mexicana* L) **e em híbridos entre as duas espécies.** 2004. 45 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2004.

UNITED STATES DEPARTMENT OS AGRICULTURE - USDA, **World Agriculturam Supply and Demand Estimates.** Disponível em (https:\\usda.library.cornell.edu/concem/publications/3t945q76s?locale=en). Acesso em: 20 mar. 2021.

VAN BUEREN, E.; KLIJN, E. H.; JOOP, K. Dealing with Wicked Problems in Networks: Analyzing an Environmental Debate from a Network Perspective. **Journal of Public Administration Research and Theory**, Lawrence, v. 13, p. 193 212, 2003.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VENDRAMIM, J. D.; NISHIKAWA, M. A. N. Melhoramento para resistência a insetos. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento:** plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 737-781

VERONEZZI, F.; BASTOS, T. L. **Agricultura familiar orgânica**: alternativa de permanência no campo para o pequeno produtor da região centro-sul do estado do Paraná. Uberlândia-MG, outubro, 2012. Disponível em: www.lagea.ig.ufu.br ›anais_enga_2012 › eixos. Acesso em: 25 jun. 2022

VIEIRA, R. A.; ROCHA, R.; SCAPIM, C. A.; AMARAL JUNIOR, A. T. Recurrent selection of popcorn composites UEMCO1 and UEM-CO2 based on selection indices. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 17, n. 3, p. 266-272, 2017.

WANG, D.; SONG, K.; KREADER, C.; WEBER, S.; DINTHER, J. V.; VALDES-CAMIN, R. A High-Throughput System for the Rapid Extraction of Plant Genomic DNA for Genome Mapping and Marker-Assisted Breeding Studies. **SLAS Technology,** Philadelphia, v. 10, n. 4, p. 242-245, 2005.

WEATHERWAX, P. The phyllogeny of Zea Mays. **American Midland Naturalist**, Notre Dame, v. 16, p. 1-71, 1935.

WHITE, S. E.; DOEBLEY, J. F. Of genes and genomes and the origin of maize**.** **Trends in Genetics**, Cambridge, v. 14, n. 8, 1998.

WILLER, H.; LERNOUD, J. The World of Organic Agriculture. Statistics and Emerging Trends 2019. **Research Institute of Organic Agriculture FiBL and IFOAM Organics International**. [*S. l.*], 2019. 336 p.

WOLFE, M. S.; BARESEL, J. P.; DESCLAUX, D.; GOLDRINGER, I.; HOAD, S.; KOVACS, G.; Löschenberger, F.; MIEDANER, T.; ØSTERGÅRD, H.; LAMMERTS VAN BUEREN, E. T. Developments in breeding cereals for organic agriculture. **Euphytica**, Dordrecht, v. 163, n. 23–346, 2008.

ZEESHAN, M.; AHSAN, M.; ARSHAD, W.; ALI, S.; HUSSAIN, M.; KHAN, M. I. Estimate of correlated responses for some polygenic parameters in yellow maize (*Zea mays* L.) hybrids. **International Journal of Advanced Research,** [*s. l.*], v. 1, p. 24-29, 2013.