



UNIVERSIDADE FEDERAL DO TOCANTINS
CAMPUS DE GURUPI
CURSO DE GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

LAURA CARNEIRO SILVA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM MILHO COM POTENCIAL FORRAGEIRO NA
REGIÃO SUL DO PARÁ**

Gurupi/TO
2021

LAURA CARNEIRO SILVA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM MILHO COM POTENCIAL FORRAGEIRO NA
REGIÃO SUL DO PARÁ**

Monografia foi avaliada e apresentada à UFT – Universidade Federal do Tocantins – Campus Universitário de Gurupi, Curso de Agronomia para obtenção do título de Bacharel e aprovada em sua forma final pelo Orientador e pela Banca Examinadora.

Orientador: Dr. Weder Ferreira dos Santos

Gurupi/TO

2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal do Tocantins

- S586d Silva, Laura Carneiro.
Divergência Genética em milho com potencial forrageiro na região sul do Pará. / Laura Carneiro Silva. – Gurupi, TO, 2022.
21 f.
- Monografia Graduação - Universidade Federal do Tocantins – Câmpus Universitário de Gurupi - Curso de Agronomia, 2022.
Orientador: Dr. Weder Ferreira dos Santos
1. Análises multivariadas. 2. Genótipos . 3. Silagem. 4. Melhoramento genético. I. Título

CDD 630

TODOS OS DIREITOS RESERVADOS – A reprodução total ou parcial, de qualquer forma ou por qualquer meio deste documento é autorizado desde que citada a fonte. A violação dos direitos do autor (Lei nº 9.610/98) é crime estabelecido pelo artigo 184 do Código Penal.

Elaborado pelo sistema de geração automática de ficha catalográfica da UFT com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

LAURA CARNEIRO SILVA

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM MILHO COM POTENCIAL FORRAGEIRO
NA REGIÃO SUL DO PARÁ

Monografia foi avaliada e apresentada à UFT – Universidade Federal do Tocantins – Campus Universitário de Gurupi, Curso de Agronomia para obtenção do título de Bacharel e aprovada em sua forma final pelo Orientador e pela Banca Examinadora.

Data de aprovação: 02 / 08 / 2021

Banca Examinadora



Prof. Dr. Weder Ferreira dos Santos, UFT
Orientador e presidente da banca examinadora



MSc. Layanni Ferreira Sodré, UFT



Agrônomo, Lucas Carneiro Maciel, UFT

Gurupi, 2021

Dedico

*Este trabalho, ao meu pai Gildeval Carneiro e
a minha mãe Elizama Nailde.*

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus que permitiu que tudo isso acontecesse, ao longo de minha vida, e não somente nestes anos como universitária, mas que em todos os momentos é o maior mestre que alguém pode conhecer.

À Universidade Federal do Tocantins, e seu colaboradores, do corpo docente aos responsáveis da limpeza, pela elevada qualidade dos serviços prestados.

Ao meu pai Gildeval Carneiro, minha mãe Elizama Nailde e minha irmã Tamires Carneiro, por todo o apoio e pela ajuda, que muito contribuiu para a realização deste trabalho.

Ao meu namorado, Belchior Rodrigues, pela paciência com minha ausência, pelo incentivo de nunca desistir, que de forma direta e indireta contribuiu muito para a realização desse sonho.

Aos meus colegas de curso, com quem convivi intensamente durante os últimos anos, pelo companheirismo e pela troca de experiências que me permitiram crescer não só como pessoa, mas também como formanda. Em especial à minha turma 2017.2, que nos aproximamos e estreitamos laços, onde pude aprender que na vida a caminhada compartilhada é muito mais leve. E fizeram com que esses anos de graduação passassem de forma muito mais divertida.

Agradeço aos meus amigos que fiz antes do início e durante essa jornada. Vocês me ensinaram muito e cada etapa da minha vida foi fundamental a participação de vocês.

Agradeço à empresa SoluBio Tecnologias Agrícolas, que acreditou no meu potencial, me concedendo a oportunidade de realizar meu estágio.

Aos avaliadores da banca (Layanni e Lucas Maciel) e ao orientador deste trabalho Dr. Weder Ferreira, que em 2018 me convidou para participar das pesquisas e caminhamos juntos nessa equipe até hoje, deixo meu muito obrigado, meu respeito e total admiração.

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar as divergências genéticas em milho com potencial forrageiro na região Sul do Pará. Os ensaios foram conduzidos na safra 2017/18 em uma propriedade no estado do Pará (8°18'32''S, 50°36'58''O, e 150 metros de altitude). O delineamento utilizado no experimento foi o de blocos casualizados e 3 repetições. A parcela experimental foi composta por 4 fileiras de 5,0 m espaçadas a 0,9 m entre linhas, sendo considerada a área útil as duas fileiras centrais. A divergência genética foi avaliada por procedimentos multivariados com a distância generalizada de Mahalanobis, pelo método de agrupamento de otimização de Tocher e o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa das sete características. Os genótipos AG 8088PRO2 x P33-16, PR27D28 x P33-16 e AG 1051 x AG 8088PRO2 são promissores para uso em futuros programas de melhoramento. A análise de agrupamento pelo método de Tocher apresentou três grupos distintos. As características massa total da planta e massa de colmo e folha foram as que mais contribuíram para divergência genética.

Palavras-chaves: Análises multivariadas. Genótipos. Silagem. Melhoramento genético.

ABSTRACT

The genetic divergence in maize populations is important, as it allows us to identify among the existing genotypes, the best ones to be used as parents in future breeding programs as a strategy for obtaining greater gains. Therefore, the objective of this work was to estimate the genetic divergences in green corn cultivars. The tests were conducted in the 2017/18 harvest on a property in the state of Pará. The design used in the given experiment was randomized blocks (DBC) and 3 replicates. The experimental plot consisted of 4 rows of 5.0 m spaced at 0.9 m between rows, the two central rows being considered the useful area. The genetic divergence was evaluated by multivariate procedures such as the generalized Mahalanobis distance and by Tocher's optimization grouping methods and Singh's (1981) criterion to quantify the relative contribution of the seven characteristics. Cultivars AG 8088PRO2 x P33-16, PR27D28 x P33-16 and AG 1051 x AG 8088PRO2 are potentially promising for use in future breeding programs. Cluster analysis by Tocher method presented three in distinct groups. The PTP and PCF characteristics were the ones that most contributed to genetic divergence.

Key words: Multivariate analyses. Genotypes, Silage. Genetic improvement.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1** - Mapa de localização do Sítio Vitória, no município de Santa Maria das Barreiras, estado do Pará..... 12
- Figura 2** - Médias climatológicas de precipitação, temperatura mínima e máxima do município de Santa Maria das Barreiras, estado do Pará. Fonte: CLIMATEMPO, 2021..... 13

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Atributos químicos e granulometria do solo utilizado no experimento. Santa Maria das Barreiras – PA, 2017.....	13
Tabela 2 - Características agronômicas dos genótipos de milho utilizadas no experimento. .	13
Tabela 3 - Estimativa das distâncias de Mahalanobis (D2) máxima e mínima de genótipos de milho.....	16
Tabela 4 - Agrupamento pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis.	17
Tabela 5 - Distâncias médias entre grupos formados pela análise de divergência genética em genótipos de milho.	17
Tabela 6 - Contribuição relativa das características na dissimilaridade genética dos genótipos.	18

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	10
2	METODOLOGIA.....	12
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	16
4	CONCLUSÕES.....	19
	REFERÊNCIAS	20

1 INTRODUÇÃO

Os números referentes à produção total de milho no Brasil, na safra 2020/2021 chegaram a 108,1 milhões de toneladas, com área plantada de 19,5 milhões de hectares, e uma produtividade média de 5.543 kg ha¹, com foco para a segunda safra, que totaliza cerca de 77% da produção do grão. Comparando esses valores com a safra 2019/2020, houve um aumento de 5,4% na produção total (CONAB et al., 2021).

Uso do milho para alimentação animal no mundo é de 61,5% (CONAB, 2019). Na safra 2017/2018 a demanda de milho para consumo animal no Brasil foi 52,0%, dividindo por atividade as demandas são de: 30,4% para avicultura, 13,6% para suinocultura e 4,3% para bovinocultura (CONTINI et al., 2019). Já na safra 2020/2021 o consumo para produção animal representou 59,8% da produção (ABIMILHO, 2021).

A consumação de milho vai além do uso doméstico, estes produtos são utilizados na produção de diversos alimentos, como salgadinhos, pipoca doce, cereais matinais e alimentos infantis, e na fabricação de pães ou nas indústrias cervejeiras e farmacêutica e na mineração (STRAZZI, 2015).

A silagem é um processo muito antigo e utilizado para conservação de forragens, baseado na fermentação dos açúcares da planta e acidificação (redução do pH), é um dos métodos de conservação mais utilizados no Brasil para garantir o suprimento de alimentos durante a época da seca. Inúmeras forrageiras podem ser utilizadas com este propósito, entretanto o milho se destaca devido às características altamente desejáveis tais como: alta produtividade, baixo poder tampão, alto teor de açúcares e elevado teor energético (SENAR, 2011).

Quando o objetivo é obter uma boa silagem, é indispensável o manejo adequado em todos os estádios, do plantio até a colheita. O uso de fertilizantes nitrogenados é uma das etapas indispensáveis do manejo e que necessitam de muitos cuidados, pois está diretamente correlacionado ao alto rendimento da cultura, especialmente no caso de gramíneas (KAPPES, 2013).

Escolher a cultivar é um dos fatores de extrema importância a ser observados, pois é necessário considerar tanto as características agronômicas quanto as bromatológicas (GOMES et al., 2006).

Diversos são os estudos de divergência genética envolvendo a cultura do milho para qualidade de semente em Santa Catarina (PRAZERES et al., 2016), produção de grãos no sul do Brasil (NARDINO et al., 2017), produção de grãos no Tocantins (DIAS et al., 2018;

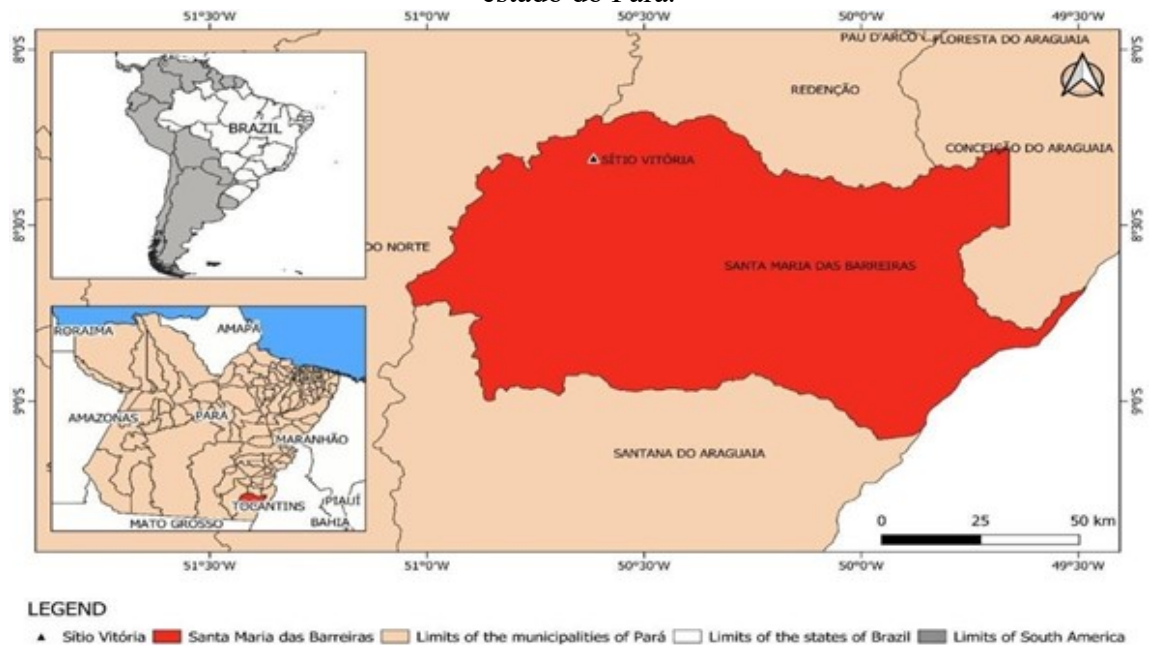
SANTOS et al., 2017; SANTOS et al., 2018; SILVA et al., 2019a), teor de óleo e proteína no Tocantins (SANTOS et al., 2014; SANTOS et al., 2015; SODRE et al., 2017), estresse hídrico no Tocantins (MELO et al., 2019), produção de forragem no semiárido (CARVALHO et al., 2020), e produção de grãos no Pará (SANTOS et al., 2019; SILVA et al., 2019b). No entanto, nenhum estudo sobre forragens na região sul do Pará, foi encontrado. Isso ressalta a necessidade de realizar mais pesquisas deste tema nessa região.

Partindo disso, este trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética de onze genótipos de milho com potencial forrageiro no sul do estado do Pará.

2 METODOLOGIA

O experimento foi realizado no Sítio Vitória ($8^{\circ}18'32''$ S, $50^{\circ}36'58''$ O, e 150 metros de altitude), localizado no município de Santa Maria das Barreiras-PA (Figura 1), com sementeira realizada no dia 14 de novembro de 2017.

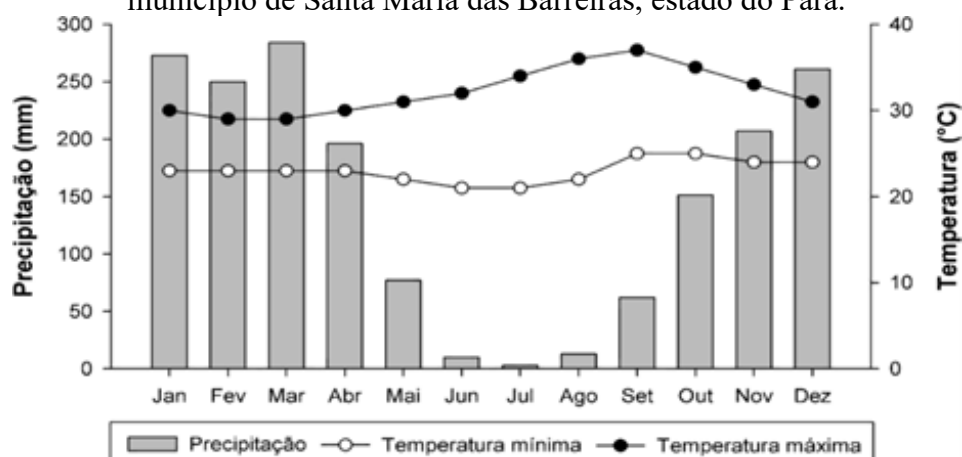
Figura 1 - Mapa de localização do Sítio Vitória, no município de Santa Maria das Barreiras, estado do Pará.



Fonte: Google Imagens, 2022.

A região possui um clima predominantemente tropical segundo Koppen como Aw, com chuvas no verão e com uma estação nitidamente seca no inverno, os dados de precipitação e temperatura obtidos ao longo do período de condução do experimento apresentados na Figura 2.

Figura 2 – Médias climatológicas de precipitação, temperatura mínima e máxima do município de Santa Maria das Barreiras, estado do Pará.



Fonte: CLIMATEMPO, 2021.

O solo é representativo da área de estudo, é da classe textural franco arenosa, com disponibilidade de fósforo e cálcio muito baixa, de magnésio baixa e de potássio média, conforme dados da tabela 1.

Tabela 1 – Atributos químicos e granulometria do solo utilizado no experimento. Santa Maria das Barreiras – PA, 2017.

pH	P meh	K	S	Ca ⁺²	Mg ⁺²	Al ⁺³	H+Al	M.O.	C.O.
	CaCl ₂	mg.dm ⁻³			cmolc.dm ⁻³			dag.kg ⁻¹	%
4,8	4,9	43	3,0	1,7	0,3	0,20	3,10	1,7	1,0
SB	CTCt	V %		m		Argila	Silte	Areia	Total
		mg.dm ⁻³					%		
2,11	5,21	40		9,0		15,0	5,0	80,0	

Fonte: SILVA, 2022.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com onze tratamentos e três repetições. Os tratamentos consistiram em genótipos de milho, sendo uma variedade de polinização aberta, um híbrido simples, oito híbridos duplos e um híbrido triplo, cujas características encontram-se na Tabela 2. A parcela experimental foi composta por 4 fileiras de 5,0 m de comprimento com espaçamento de 0,9 m entre linhas, sendo considerada as duas fileiras centrais como área útil.

Tabela 2 - Características agrônômicas dos genótipos de milho utilizadas no experimento.

Nome comercial	Base	Transgenia	Ciclo	Finalidade	Nível
AG 1051	HD	C	SMP	G/MV/SPI	M/A
AG 8088 PRO2	HS	PRO2	P	G/SPI	A
ANHEMBI	PPA	C	P	G/SPI	B/M
BRS 3046	HT	C	SMP	MV	M/A

M 274	HD	C	P	G/SPI	B/M
PR 27D28	HD	C	SP	G/SPI	B/M
P33-16*	HD				M
P33-11*	HD				M
P29-M12*	HD				M
P36-19*	HD				M
P40-8*	HD				M

Fonte: SILVA, 2022.

HS: Híbrido simples; HD: Híbrido duplo; HT: Híbrido triplo; PRO2: Tecnologia VT PRO 2™; C: Convencional; P: Precoce; PPA: População de Polinização Aberta; SMP: Semiprecoce; SP: Superprecoce; G: Grão; MV: Milho verde; SPI: Silagem da planta inteira; A: Alto; M: Médio e B: Baixo; * Genótipos experimentais.

Para o preparo de solo foi utilizado uma gradagem seguida do nivelamento da área. A adubação de pré-plantio foi calculada de acordo com os níveis obtidos através de análise do solo (Ribeiro et al., 1999), foram aplicados 300 kg ha⁻¹ do formulado 5-25-15 (N-P₂O₅-K₂O) + 0,5% Zn. Foi utilizada ureia (45% de N) como fonte de N em cobertura, resultando em um total de 266 kg ha⁻¹, que foram parceladas em duas aplicações, nos estádios fenológicos com 4 e 8 folhas, respectivamente.

A semeadura foi efetuada em sulco com profundidade aproximada de 0,04 m, logo após a emergência das plântulas foi efetuado o desbaste para a obtenção do espaçamento de 0,20 m entre plantas, e uma população final de 55.555 plantas ha⁻¹.

Os tratos culturais, de controle fitossanitário de doenças, pragas e plantas daninhas foram realizados de acordo com as recomendações técnicas da cultura (BORÉM et al., 2015).

A colheita foi realizada nas duas fileiras centrais, no período em que a planta estava no estágio de R5 (farináceo-duro), devido ser o período em que mais acumula matéria seca na planta (BOREM et al., 2015).

Foram analisadas as seguintes características: altura de planta (AP) em cm, altura de espiga (AE) em cm, diâmetro de colmo (DC) em mm, diâmetro de espiga (DE) em mm, massa de colmo e folha (MCF) em g, massa de espiga (ME) em g, e massa total da planta (MTP) em g.

Para a análise de divergência genética, foram utilizadas medidas de dissimilaridades que foram determinadas segundo o modelo de análise multivariada, permitindo a obtenção das matrizes de dissimilaridades, covariâncias residuais e médias das populações.

Para formação de grupos foi aplicado o método de agrupamento por otimização de Tocher (RAO, 1952), cujo cálculos foram fundamentados na distância generalizada de Mahalanobis (MAHALANOBIS, 1936), e o critério de Singh (1981) para quantificar a contribuição relativa das sete características avaliadas na divergência genética.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa Computacional Genes, versão 2007 (CRUZ, 2007).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As medidas de dissimilaridade genética, estimadas a partir da distância de Mahalanobis (Tabela 3), apresentaram uma elevada magnitude (31,13 a 688,29), indicando a presença de variabilidade genética entre genótipos. Silva et al. (2019) encontraram magnitude ($D^2 = 4,8$ a $79,2$), Sodré et al. (2017) encontraram uma magnitude de D_2 de 0,4 a 328,7 e Santos et al. (2018) encontraram magnitude ($D_2 = 4,0$ a $644,6$) na cultura do milho.

Tabela 3 - Estimativa das distâncias de Mahalanobis (D_2) máxima e mínima de genótipos de milho.

Genótipo	Maior		Menor	
	Distância D^2	Genótipo	Distância D^2	Genótipo
BRS 3046	271,34	AG 8088PRO2	31,13	P33-11
M 274	371,82	AG 8088PRO2	44,22	BRS 3046
AG 8088 PRO2	688,29	P33-16	115,49	P36-19
ANHEMBI	388,74	PR 27D28	32,68	P29-M12
PR 27D28	614,82	P33-16	181,03	P36-19
AG 1051	530,12	AG 8088PRO2	50,17	M 274
P33-16	688,29	AG 8088PRO2	37,49	P40-8
P33-11	404,8	AG 8088PRO2	31,13	BRS 3046
P29-M12	515,34	PR 27D28	32,68	ANHEMBI
P36-19	267,29	P33-16	54,73	BRS 3046
P40-8	487,64	PR 27D28	37,49	P33-16
Maior distância		688,29		AG 8088PRO2 x P33-16
Menor distância		31,13		BRS 3046 x P33-11

Fonte: SILVA, 2022.

A combinação entre os genótipos AG 8088PRO2 x P33-16 (Tabela 3) foram consideradas as mais divergentes ($D_2 = 688,29$), seguida por PR 27D28 x P33-16 ($D_2 = 614,82$) e AG 1051 x AG 8088PRO2 ($D_2 = 530,12$). As menores distâncias foram entre as combinações BRS 3046 x P33-11 ($D_2 = 31,13$), ANHEMBI x P29-M12 ($D_2 = 32,68$), P33-16 x P40-8 ($D_2 = 37,49$), M 274 x BRS 3046 ($D_2 = 44,22$). Combinações que resultam em maiores distâncias representam genótipos que são oriundos de bancos de germoplasma distintos (COUTAS et al., 2021; COELHO et al., 2019; SANTOS et al., 2017; SANTOS et al., 2018; SANTOS et al., 2019; SILVA et al., 2019a; SILVA et al., 2019b).

A análise de agrupamento pelo método de Tocher separa os materiais em grupos distintos, para que haja homogeneidade intragrupo e heterogeneidade intergrupo (CRUZ et al., 2014). Após obtidas as medidas de dissimilaridade (D^2) os genótipos foram agrupados em três grupos (Tabela 4).

Tabela 4 - Agrupamento pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis.

Grupo	Acessos
I	BRS 3046, M 274, ANHEMBI, AG 1051, P33-16, P33-11, P29-M12, P36-19 e P40-8
II	PR 27D28
III	AG 8088PRO2

Fonte: SILVA, 2022.

O primeiro grande grupo separado pelo método de Tocher foi composto por nove genótipos (BRS 3046, M 274, ANHEMBI, AG 1051, P33-16, P33-11, P29-M12, P36-19 e P40-8), o segundo grupo por um genótipo (PR 27D28), e o terceiro grupo formado por um genótipo (AG 8088PRO2). Estas informações confirmam quais genótipos são, realmente, mais divergentes (CARVALHO et al., 2020; COUTAS et al., 2021; COELHO et al., 2019; SANTOS et al., 2018; SANTOS et al., 2019; SILVA et al., 2019a; SILVA et al., 2019b).

As distâncias médias intergrupos, oriundas do método de otimização de Tocher (Tabela 5), indicam quais os grupos são os mais divergentes entre si. Assim, os grupos menos divergentes foram II e III (211,68) e o mais divergente I e III (409,11).

Tabela 5 - Distâncias médias entre grupos formados pela análise de divergência genética em genótipos de milho.

Grupo	II	III
I	356,78	409,11
II		211,68

Fonte: SILVA, 2022.

Neste sentido, AG 8088PRO2 x P33-16 e AG 1051 x AG 8088PRO2, por serem as mais divergentes (Tabela 3), estarem em agrupamentos distintos (Tabela 4) e com uma maior distância intergrupo (Tabela 5), são potencialmente promissoras para uso em futuros

programas de melhoramento em processos de hibridação ou autofecundações para a extração de linhagens (CARVALHO et al., 2020; DIAS et al., 2018; NARDINO et al., 2017; MELO et al., 2019; PRAZERES et al., 2016; SANTOS et al., 2014; SANTOS et al., 2015; SANTOS et al., 2017; SANTOS et al., 2018; SILVA et al., 2019a; SILVA et al., 2019b; SODRÉ et al., 2017).

Com relação à contribuição das características para estudo da divergência genética (Tabela 6), aquela que mais contribuiu foi a MTP (53,74%), seguida pelo MCF (31,09%). As menores contribuições foram das características DC (1,31%) e AP (1,65%). Com isso, as características do DC e AP, podem ser descartadas das avaliações futuras, pois contribuem pouco para discriminar os materiais avaliados, podendo então, reduzir tempo, mão- de-obra e custos nos programas de melhoramento (COELHO et al., 2019; SANTOS et al., 2017; SANTOS et al., 2018; SANTOS et al., 2019; SILVA et al., 2019a; SILVA et al., 2019b).

Tabela 6 - Contribuição relativa das características na dissimilaridade genética dos genótipos.

Variável	Valor em %
Altura de planta	1,65
Altura de espiga	4,44
Diâmetro de colmo	1,31
Diâmetro de espiga	3,65
Massa de colmo e folha	31,09
Massa de espiga	4,12
Massa total da planta	53,74

Fonte: SILVA, 2022.

4 CONCLUSÕES

Os genótipos AG 8088PRO2 x P33-16, PR 27D28 x P33-16 e AG 1051 x AG8088PRO2 são potencialmente promissores para uso em futuros programas de melhoramento.

A análise de agrupamento pelo método de Tocher apresentaram três em grupos distintos.

As características massa total da planta e massa de colmo e folha foram as que mais contribuíram para divergência genética.

REFERÊNCIAS

- ABIMILHO – Associação Brasileira das Indústrias do Milho. **Estatísticas do milho**. 2021. Disponível em: <<http://www.abimilho.com.br/estatisticas>>. Acesso em: 08 ago. 2021.
- BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. **Milho**: do plantio à colheita. Viçosa: Editora UFV, 46-47 2015.
- CARVALHO, M. N.; SILVEIRA, E.S.; MENEZES, B. S.; OLIEIRA, T.R.A.; OLIVEIRA, G.H.F. Caracterização e divergência genética de genótipos de milho com potencial forrageiro avaliados em região semiárida. **Agri-Environmental Sciences**, v. 6, p. 13-13, 2020. DOI: <https://doi.org/10.36725/agries.v6i0.3659>.
- CLIMATEMPO. **Histórico de dados**. 2021. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 31 jul. 2021.
- COELHO, D.R.; SANTOS, W.F.; SODRÉ, L.F.; PELÚZIO, J.M. ASSUNÇÃO, F.A.; PEREIRA, J.S.; FONSECA, S.L.; OLIVEIRA, M.; DUARTE JÚNIOR, B.L.; SILVA, R.M. Genetic Divergence in Corn Genotypes in the South of the State of Pará. **International Journal of Advanced Engineering Research and Science**, v.6, n.6, p.471-475, 2019. <http://doi.org/10.22161/ijaers.6.6.48>.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento Safra Brasileira de Grãos**: v.6 - Safra 200/21 - n.6 - sexto levantamento. Brasília: CONAB, 2021. 106p. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 28 mar. 2021.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Perspectivas para a agropecuária**: v.7- Safra 2019/2020. Brasília: CONAB, 2019. 106p. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 08 ago. 2021.
- CONTINI, E.; MOTA, M. M.; MARRA, R.; BORGHI, E.; MIRANDA, R. A.; SILVA, A. F.; SILVA, D. D.; MACHADO, J. R. A.; COTA, L. V.; COSTA, R. V.; MENDES, S. M. **Milho**: caracterização e desafios tecnológicos. Brasília, DF: Embrapa Milho e Sorgo, 2019. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/195075/1/Milho-caracterizacao.pdf>>. Acesso em: 08 ago. 2021.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3 ed. Viçosa: UFV, 2014. 668 p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Imprensa Universitária, 2007. 480p.
- DIAS, M.A.R.; MELO, A.V.; SANTOS, V.M.; SANTOS, D.P.S.; NUNES, H.V. Divergência genética entre progênies de milho na região centro-sul do estado do Tocantins. **Revista Engenharia na Agricultura**, v. 26, n. 6, p. 483, 2018. DOI: <https://doi.org/10.13083/reveng.v26i6.726>.
- GOMES, M.S.; VON PINHO, R.G.; RAMALHO, M.A.P.; FURTADO, D.F. Alternativas para seleção de híbridos de milho envolvendo vários caracteres visando à produção de silage. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 5. N. 3, p. 406-421, 2006.

KAPPES, C.; ARF, O.; ARF, M. V.; FERREIRA, J. P.; DAL BEM, E. A.; PORTUGAL, J. R.; VILELA, R. G. Inoculação de sementes com bactéria diazotrófica e aplicação de nitrogênio em cobertura e foliar em milho. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 2, p. 527-538, 2013a.

MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. *Proceedings of the National Institute of Sciences of India*, v.2, n.1, p.49-55, 1936.

MELO, A.V.; SANTOS, V.M.; LOPES, T.M.; DIAS, M.A.R.; NUNES, H.V. Divergência genética entre híbridos de milho em condições de deficiência hídrica. **Revista de Agricultura Neotropical**, v.6, n.3, p.66-75, 2019.

NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I.R.; FOLLMANN, D.N.; FERRARI, M.; PELEGRIN, A.J.; SZARESKI, V.J.; KONFLANZ, V.A.; SOUZA, V.Q. Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 40, n. 1, p. 164-174, 2017. <http://dx.doi.org/10.19084/RCA16013>.

PRAZERES, C.S.; COELHO, C.M.M. Divergência genética e heterose relacionada à qualidade fisiológica em sementes de milho. **Bragantia**, v.75, n.4, p.411-417, 2016.

RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometri cresearch**. New York: John Willey, 1952. 390p.

RIBEIRO, A.C.; GUIMARÃES, P.T.G.; ALVAREZ V.V.H. **Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais – 5ª Aproximação**. Viçosa: Comissão de Fertilidade do Solo do Estado de Minas Gerais. 1999.

SANTOS, W.F.; AFFÉRI, F.S.; PELÚZIO, J.M.; SODRÉ, L.F.; ROTILI, E.A.; CERQUEIRA, F.B.; FERREIRA, T.P.S. Diversidade genética em milho sob condições de restrição ao nitrogênio. **Journal of Bioenergy and Food Science**, v.5, n.2, p.44-53, 2018. <http://doi.org/10.18067/jbfs.v5i2.190>.

SANTOS, W.F.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M. Eficiência ao uso do nitrogênio e biodiversidade em genótipos de milho para teor de óleo. **Enciclopédia Biosfera**, v.11, n.21, p.2916-2925, 2015.

SANTOS, W.F.; MACIEL, L.C.; SODRÉ, L.F.; SILVA, R.M.; AFFÉRI, F.S.; FREITAS, J.H.; PEREIRA, J.S. Diversidade genética em genótipos de milho para baixo nível tecnológico em Gurupi, TO. **Tecnologia & Ciência Agropecuária**, v.11, n.2, p.21-24, 2017.

SANTOS, W.F.; MILHOMEM, D.A.; SILVA, Z.D.; BARBOSA, A.S.; FERREIRA JUNIOR, O.J.; SANTOS, L.F.S.; SANTOS, M.M.; FERREIRA, T.P.S.; MACIEL, L.C.; OLIVEIRA, M. Genetic divergence in corn indifferent concentrations of the powder. **International Journal of Development Research**, v.09, n.11, p.31099-31102, 2019.

SANTOS, W.F.; PELÚZIO, J.M.; AFFÉRI, F.S.; SODRÉ, L.F.; SANTOS, D.S.; FARIAS, T.C.M. Variabilidade genética e eficiência de uso do nitrogênio em populações de milho para teor de óleo. **Revista de Ciência Agrárias**, v.57, n.3, p.312-317, 2014.

SENAR - Serviço Nacional de Aprendizagem Rural. **Silagem de milho e sorgo: produção, ensilagem e utilização** / Serviço Nacional de Aprendizagem Rural. -- Brasília: SENAR, 2011.

SILVA, K.C.L.; SANTOS, W.F.; AFFÉRI, F.S.; PELUZIO, J.M.; SODRÉ, L.F. Diversidade genética em cultivares de milho de plantio tardio sob diferentes níveis de nitrogênio no Tocantins. **Revista de Agricultura Neotropical**, v.6, n.3, p.92-100, 2019 (a). <http://doi.org/10.32404/rean.v6i3.2327>.

SILVA, R.M.; SANTOS, W.F.; ANDRADE, M.R.; SILVA, Z.D.; SANTOS, L.F.S.; PELUZIO, J.M.; BEQUIMAN, L.R.S.; LUZ, C.N.M.; DIAS, V.C.; BORGES, T.A.S.L.; MARTINS, A.L.L.; OLIVEIRA, M. Agronomic Performance and Genetic Divergence in Corn (*Zea mays*) in the Cerrado- Amazon Ecotone. **International Journal of Plant & Soil Science**, v.31, n.1, p.1-7, 2019(b). <http://doi.org/10.9734/IJPSS/2019/v31i130202>.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 41, n. 02 p. 237-245, 1981.

SODRÉ, L.F.; SANTOS, W.F.; ASCÊNCIO, S.D.; PELUZIO, J.M.; SILVA, R.M.; REINA, E. Divergência genética em milho para baixo e alto nitrogênio visando à produção de óleo e proteína. **Pesquisa Agropecuária Pernambucana**, v.22, n.1, p.1-7, 2017.

STRAZZI, S. Derivados do milho são usados em mais de 150 diferentes produtos industriais. **Revista Visão Agrícola–USP/ESALQ**, n. 13, p. 146–150, 2015.