



## AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE MILHO (ZEA MAYS L.) EM REGIME DE SEQUEIRO

Rodrigues Agostinho Marcos<sup>1</sup>, Eugenia Forquilha Soares João<sup>1</sup>, Ricardo Monteiro Mariano Goveia Gudo<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Técnico do IIAM-CZnd- Setor de Milho-PAN: Doutorando em Agronomia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo- Alto Universitário, S/N Guararema, Alegre - ES, 29500-000;

<sup>1</sup> Técnica do IIAM-CZnd-Setor de Milho- PAN;

<sup>1</sup> Docente do Instituto Médio Politécnico de Gorongosa-Sofala;

Autor para correspondência:

rodamarcos0@gmail.com

Recebido em: 15/05/2022 – Aprovado em: 15/06/2022 – Publicado em: 30/06/2022

DOI: 10.18677/EnciBio\_2022B7

trabalho licenciado sob licença [Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivatives 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/)

### RESUMO

O estudo teve como objetivo avaliar o desempenho agrônomico de 32 genótipos de milho para aumento de rendimento, na região agroclimática R1 de Nampula, em regime de sequeiro. O experimento foi conduzido no campo do Instituto de Investigação Agrária de Moçambique, Posto Agronómico de Nampula, entre Janeiro a Maio de 2019. Foi usado o delineamento de blocos causalizados, com 32 tratamentos e três repetições. Foram utilizados genótipos de milho, provenientes dos programas de ensaios nacionais e internacionais de variedades. As parcelas foram compostas de duas linhas de cinco metros linear (5 m x 1.8 m), resultando numa população de 50,000 plantas/ha<sup>-1</sup>. As variáveis analisadas foram altura da planta, diâmetro e comprimento da espiga, número de fileiras de grãos e rendimento de grãos. Os dados foram analisados pelo software R Versão 3.5.1. O teste de agrupamento de médias de Tukey a 5% de probabilidade mostrou que o genótipo PFH10-1507 foi superior em altura (207.33 cm); o genótipo SY 5344 foi superior em diâmetro (54.43 mm) e em número de fileiras de grãos (16.33); o genótipo SP-1 foi superior em comprimento (185.07 mm); e o genótipo PFH10-1507 obteve maior rendimento de grãos (4.58 t./ha<sup>-1</sup>), mostrando-se mais adequado para cultivo em regime não irrigado.

**PALAVRAS-CHAVE:** Genótipos, Rendimento, Sequeiro

## AGRONOMIC EVALUATION OF CORN GENOTYPES (ZEA MAYS L.) IN RAIN REGIME

### ABSTRACT

This assay was to evaluate the agronomic performance of 32 from maize to the Nampula R1 agroclimatic region under dryland regime. The experiment was conducted at the Mozambique Agricultural Research Institute, Nampula Agronomic Post, between January and May 2019. Use causal block design with 32 treatments and three replications was used. Maize genotypes from national and international variety testing programs were used. The plots were composed of two lines of five linear meters (5 m x 1.8 m), resulting in a population of 50,000 plants/ha<sup>-1</sup>. The variables analyzed were plant height, ear diameter and length, number of grain rows and grain yield. Data were analyzed by the R Version 3.5.1 program. Tukey's clustering test at 5% probability showed that: PFH10-1507 genotype was superior in height (207.33 cm); genotype SY 5344 was superior in diameter (54.43 mm) and number of grain rows (16.33); SP-1 genotype was superior in length (185.07 mm); and genotype PFH10-1507 obtained higher grain yield (4.58 t/ha<sup>1</sup>), being more suitable for non-irrigated cultivation.

**KEYWORDS:** Genotypes, Rainfed, Yield.

### INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays*), é um dos cereais mais importantes no mundo, ocupando a terceira posição após o trigo e o arroz, em termos de área cultivada (USAID, 2017). Possui diversos nutrientes entre os quais: proteína (10%), amido (75%), vitamina A, Zinco e Ferro que são imprescindíveis na dieta humana e animal (USAID, 2017).

Segundo dados estatísticos da FAOSTAT (2020), entre os anos 2014 e 2017, a América, concentra a maior produção mundial (cerca de 50,3 %), seguido de Ásia (cerca de 31.8 %), Europa (10.7 %), África (cerca de 7.2 %), ficando a Oceânia com menor participação (0.1 %). A produção global de milho deve crescer 160 milhões de toneladas entre 2021 e 2030, para 1,3 bilhão de toneladas, de acordo com relatório de perspectiva agrícola da OCDE e da FAO.

O aumento esperado deve ser liderado por China (35 milhões de toneladas), Estados Unidos (32 milhões de toneladas), Brasil (18 milhões de toneladas), Ucrânia (10 milhões de toneladas) e Argentina (7 milhões de toneladas), enquanto que na África subsaariana, a produção total de milho deve crescer 22,5 milhões de toneladas entre 2021 e 2030, refletindo uma melhora da produtividade (FAOSTAT, 2020).

Considerando que o cultivo do milho em Mocambique é realizado na sua maioria pelo setor familiar, tem se registado baixo rendimento por área de cultivo devido a utilização de variedades com baixa produtividade aliado ao surgimento de novas doenças e pragas, com destaque para *spodoptera frugiperda* (MASA, 2017).

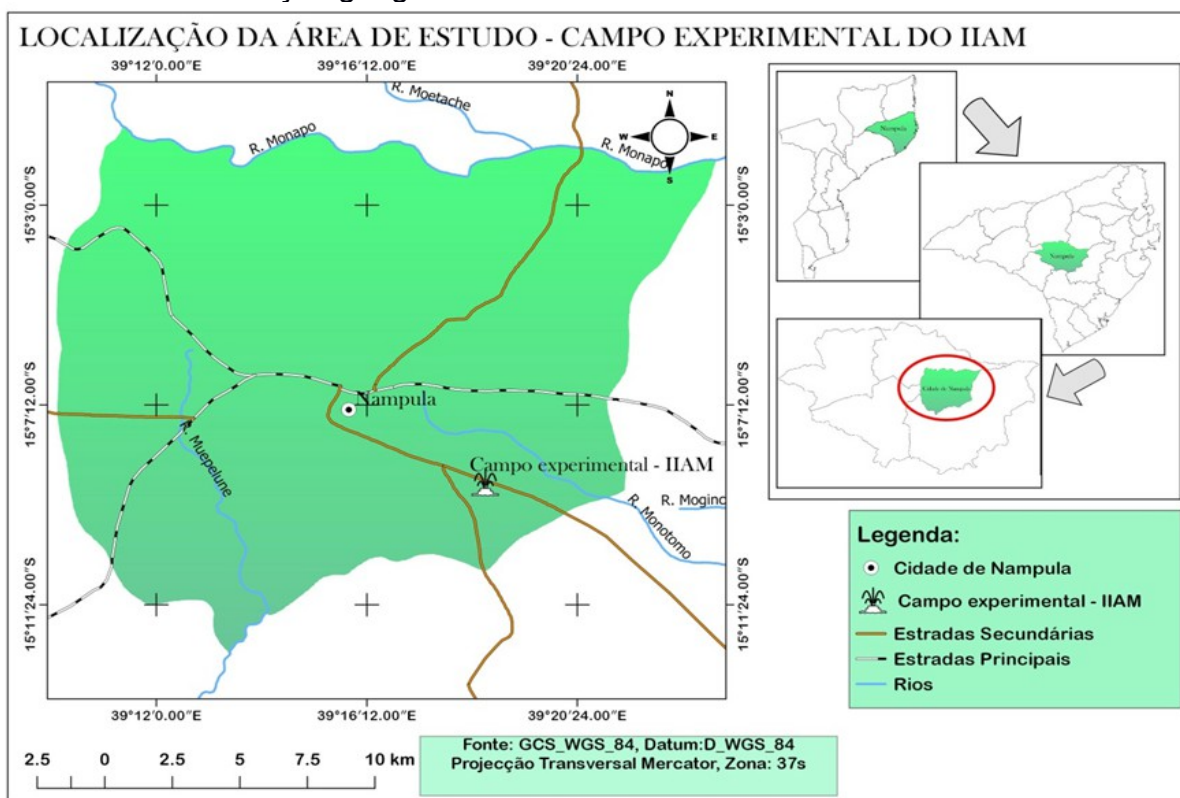
O rendimento do milho é resultante da combinação entre o potencial genético da semente com as condições edafo-climáticas do local de sementeira e do manejo adotado no cultivo (BÁRBARO *et al.*, 2008), sendo que a avaliação do desempenho agronômico de genótipos tem sido preponderante para elevar o rendimento médio nacional dos atuais 800 kg/ha para 6000 kg/ha (FATO *et al.*, 2011), determinado ecossistema permite a identificação daqueles mais apropriados para a produção de milho em condições ambientais (SANTOS *et al.* 2012), que são cruciais para aumento de rendimento naquele local (ABADE *et al.*, 2016).

Dado o exposto, o presente estudo teve como objetivo identificar genótipos de milho promissores para ecossistemas de sequeiro em Moçambique.

## MATERIAL E METODOS

Para realização da pesquisa foi montado um experimento a campo conduzido no ano de 2019, no campo experimental do Posto Agronômico de Nampula-via Corrane, situado entre as coordenadas: Latitude 15°08'50.9" Sul, longitude 39°18'33.9", altitude média de 403 m, pertencente ao IIAM-Centro Zonal Nordeste. De acordo com a classificação climática de Köppen-Geiger, o clima é classificado como Cwa (clima temperado úmido) e caracterizado por duas estações (verão e inverno), sendo verões quentes e chuvosos e invernos secos e frios (PEEL *et al.*, 2007). A província de Nampula encontra-se localizada ao norte de Moçambique na região agroecológica R7, com predominância de solos feralssolos, lixissolos e luvisolos apresentando fertilidade moderada a boa (TEXEIRA,2018).

**FIGURA 1:** Localização geográfica da área de estudo



Fonte: GCS\_WGS\_84, Datum: D\_WGS\_84 (2020).

Os resultados de análise química e física do solo da área experimental, mostraram que o solo apresentava um potencial de hidrogénio mediamente ácido, visto que, possui muitos íons  $H^+$  e poucos íons cálcio ( $Ca^{2+}$ ), magnésio ( $Mg^{2+}$ ) e potássio ( $K^+$ ) adsorvidos em seu complexo coloidal de troca.

**TABELA 1:** Análise química do solo

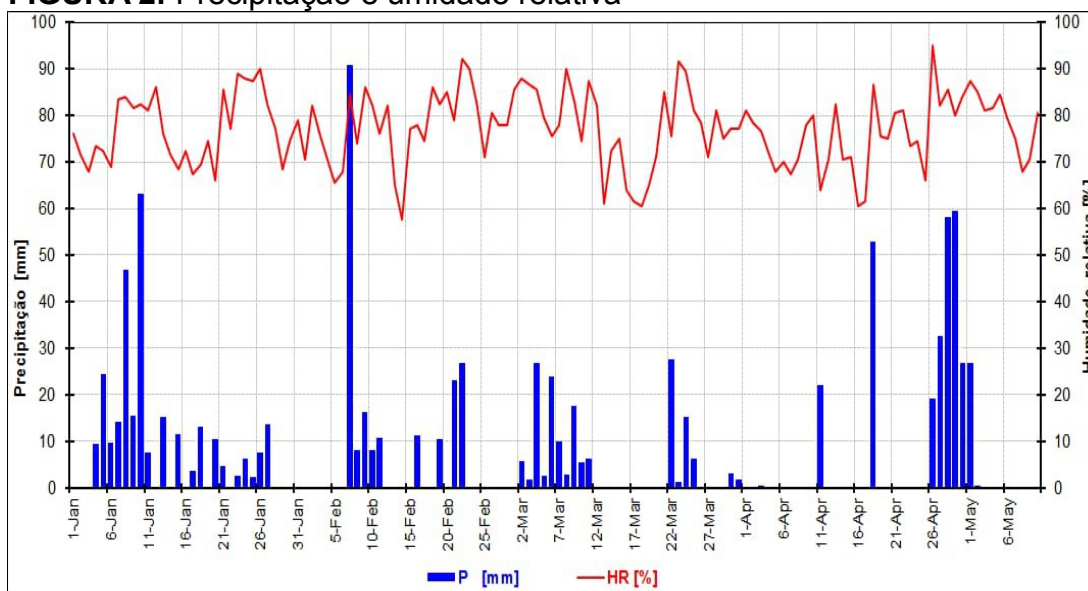
pH	CE	Al <sup>3+</sup>	K <sup>+</sup>	Ca <sup>2+</sup>	Mg <sup>2+</sup>	SB	P	Ar.	V	M.O
1:2,5	1:2,5									
H <sub>2</sub> O	μS/Cm	Cmol/Kg					Ppm	%		
5.9	42.4	0.0	0.9	2.0	1.0	3.9	11.9	7.5	76.9	0.5

Nota: pH: Potencial de hidrogénio no solo; CE: Condutividade elétrica do solo; SB: Soma de bases; Ar: Argila; M.O: Matéria orgânica, V: Saturação por bases.

Fonte: IIAM-CZnd (2019).

### Precipitação e umidade relativa da região

A produção agrícola 2018/19 foi marcada pela má distribuição do regime hídrico, alternando momentos de escassez hídrica. Contudo, a precipitação total foi de 1220.4 mm, sendo maior no mês de Janeiro, e baixa em Maio (Figura 2) que coincide com o período de floração, momento que a água é de extrema importância na definição do rendimento final. A umidade relativa do ar nesse período variou entre 75 e 78 %.

**FIGURA 2:** Precipitação e umidade relativa

Fonte: IIAM-CZnd (2019).

Os tratamentos do ensaio foram constituídos de 32 genótipos, provenientes de seis Instituições diferentes, Nacionais e Internacionais, nomeadamente, Syngenta, IIAM, K2, PANNAR, CIMMYT e Bayer. Dos genótipos envolvidos na pesquisa, o PAN 53, SP-1, WE2101, WE3128, Pristine, MRI744, são variedades cultivadas em Moçambique.

Os genótipos foram divididos em seis grupos com base em suas proveniências. Os genótipos do Grupo-1 foram: SY 5344, SY 5054, SY 6444, SY 5944 e MRI744, no grupo-2: DKC80-33, DKC80-53, KDC90-89, DK777 e DKC90-53, no grupo-3: PFH10-1501, PFH10-1502, PFH10-1503, PFH10-1504, PFH10-1505, PFH10-1506, PFH10-1507, PFH10-1508, PFH10-1675, PFH10-1676, PFH10-1681 e PFH10-1693, SP-1, WE2101 e WE3128, no grupo-4: CZH15184, CZH16108, CZH16109, CZH16086 e CZH16084, no grupo-5: PAN 53, e no grupo-6: Pristine.

Este estudo foi conduzido nas condições de sequeiro com precipitação média acumulada de 1220.4 mm o que contribuiu para garantir a humidade do solo do experimento, a entrada de água no campo foi por meio de precipitação natural e monitorada por meio de uma estação meteorológica semi-automática instalada nas proximidades do campo experimental do Posto Agrônômico de Nampula (PAN). O experimento foi conduzido empregando-se o delineamento experimental de blocos casualizados (DBC), com três (3) repetições. Os tratamentos foram constituídos de 26 genótipos novos de milho e seis (6) variedades já libertadas, as testemunhas todas elas híbridas proveniente de programas de melhoramento parceiras do IIAM, prefazendo assim 32 tratamentos.

A área experimental teve as seguintes dimensões, 33.5 m de comprimento e 28.8 m de largura, fazendo uma área total de aproximadamente 965 metros quadrado (965 m<sup>2</sup>). Cada parcela, teve uma dimensão de 5 m x 1.6 m, constituída de duas linhas lineares de milho de 5m, espaçadas à 0.8 m e 0.25 m de distância entre plantas na linha, representando uma população aproximada de 50,000 plantas/ha<sup>-1</sup>. A adubação de fundo foi realizada utilizando 100 kg/ha<sup>-1</sup> NPK nas proporções: 12-24-12. A adubação de cobertura foi realizada aos 41 e 60 dias. Foram determinados fatores fenotípicos como altura da planta, comprimento da espiga, diâmetro da espiga, número de fileiras por espiga e rendimento de grãos. Para análise das variáveis estudadas foi usado o pacote estatístico R, versão 3.5.1 para processar os dados. A análise de variâncias foi realizada pelos testes de Shapiro-Wilk para normalidade dos erros e Bartlett para verificação da homogeneidade das variâncias dos erros. Para a comparação múltipla de médias foi usado o teste de Tukey a 5% de probabilidade.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise de variância revelaram ausência de evidências suficientes para rejeitar a hipótese de que os 32 tratamentos usados no ensaio diferem significativamente entre si, pelo teste de Tukey a 5% de significância.

**TABELA 2:** Resumo da ANOVA para variáveis fenotípicas dos genótipos avaliados

FV	GI	QM				
		Hp	CEsp	DEsp	NFE	Rend
Blocos	2	1884.45	52.43	16.175	4.4479	10624935
Genótipos	31	687.72	803.87	29.308	3.8871	2411820
Erro	62	375.58	443.84	15.308	2.2651	875582
Total	95	-	-	-	-	-
Média	-	173.98	145.74	45.76	12.96	2.44
CV(%)	-	11.14	14.46	8.55	11.61	17.63
p – value	-	0.0216522*	0.02362*	0.01500*	0.035627*	0.00034428*

Nota: (\*) significativo pelo teste de Tukey a 5% de significância. Hp: altura da planta, CEsp: comprimento da espiga, DEsp: diâmetro da espiga, NFE: número de fileiras por espiga, Rend: rendimento de grãos

Os coeficientes de variação foram entre 8.55% e 17.63%. Esta variação indica que a precisão no ensaio oscilou de alta à média, o que remete a confiabilidade científica dos resultados da pesquisa dentro dos limites estatísticos estabelecidos. De acordo com o quadro de análise de variância, verificaram-se diferenças estatisticamente significativas entre os genótipos. A média foi de 173,98 cm, tendo uma variação entre 144,33 cm e 207,33 cm. A comparação de médias para altura pelo teste de Tukey. O genótipo PFH10-1507 obteve maior altura (207.33 cm) quando comparado aos demais genótipos, contrariamente ao genótipo DKC80-33, que apresentou altura mais baixa (144.33 cm). Os restantes dos genótipos avaliados no ensaio apresentaram comportamento intermediário entre PFH10-1507 e DKC80-33 em relação a altura. Quanto ao diâmetro da espiga a média foi de 45.76 mm, variou entre 40.57 mm e 54.43 mm. Os resultados da análise de variância, mostraram diferenças estatisticamente significantes entre os genótipos para esta variável pelo teste de Tukey.

De acordo com Albuquerque *et al.* (2008), para considerar espigas de milho como comerciais, devem ser adotados critérios de diâmetro maior que 300 mm, além de estarem isentas de pragas e doenças. Na avaliação da característica comprimento da espiga, foram observadas diferenças estatísticas significativas entre os genótipos. No entanto, o índice da variável teve a média de 145.74 mm. O teste de comparação de médias de Tukey permitiu a formação de agrupamentos do comprimento.

**TABELA 3:** Comprimento de espiga

Genótipo	Índices de Cesp.	Genótipo	Índices de Cesp.
SP-1	185.07 a	DKC90-53	146.37
SY 5054	175.97 ab	PFH10-1681	144.00
SY 5344	172.37 abc	PFH10-1504	143.73
CZH16084	167.07 abc	PFH10-1503	142.20
CZH16108	161.43 abc	DKC80-33	141.27
PFH10-1507	154.03 abc	DKC80-53	140.00
CZH16086	153.50 abc	PFH10-1505	139.17
SY 5944	153.43 abc	PFH10-1675	137.63
PFH10-1502	152.17 abc	PFH10-1676	135.93
Pristine	150.27 abc	SY 6444	135.83
PFH10-1501	149.30 abc	PFH10-1508	133.97
CZH15184	149.27 abc	CZH16109	133.37
PFH10-1693	148.37 abc	WE3128	130.83
DK777	148.30 abc	MRI744	129.37
PFH10-1506	147.87 abc	DKC90-89	108.23
WE2101	147.03 abc	PAN 53	106.03
<b>CV (%)</b>			<b>14.46</b>

Nota: As médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey ao nível de 5% de significância.

O genótipo controle SP-1 mostrou-se superior para o comprimento da espiga, com uma média de 185.07 mm, quando comparado com os demais genótipos, e o genótipo controle PAN 53, obteve o menor valor. O restante dos genótipos mostraram

comportamento intermediário, entre os genótipos SP-1 e PAN 53, mostrando a instabilidade quanto ao comprimento.

De acordo com Palhares (2003), o comprimento de espiga varia de tamanho em função da cultivar, do espaçamento entre linhas e da densidade populacional. Dourado Neto *et al* (2003), Bergamaschi e Matzenauer (2014), ao estudarem a fenologia de milho concluíram que essa diferença deve-se às características genéticas do material, Zucareli *et al*. (2013), afirmaram que é fortemente influenciada pelo ambiente. Todavia, a variação do comprimento dos genótipos do ensaio são atribuídas a própria genética, uma vez que os demais fatores foram mantidos constantes para todos os genótipos.

### RENDIMENTO DE GRÃOS

Na análise de variância, a fonte de variação genótipos foi significativa ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F, indicando que pelo menos um dos genótipos estudados diferiu dos demais com relação à produtividade de grãos (Rend). Entretanto, as diferenças entre os genótipos mostraram-se claramente pelo teste Tukey.

**TABELA 4:** Rendimento de grãos

Genótipos	Índices de Rend.	Genótipos	Índices de Rend.
PFH10-1507	4.58 a	DKC80-53	2.37
WE3128	4.31 ab	CZH16109	2.31
PFH10-1675	4.21 ab	PFH10-1503	2.27
SP-1	4.03 ab	PFH10-1681	2.16
PFH10-1508	3.53 ab	DKC90-89	2.06
PFH10-1505	2.94 abc	CZH15184	2.05
PFH10-1501	2.90 abc	PFH10-1502	1.96
PFH10-1506	2.64 abc	PFH10-1504	1.95
SY 5054	2.58 abc	PAN 53	1.94
PFH10-1676	2.56 abc	CZH16108	1.82
DKC90-53	2.49 abc	SY 5344	1.71
DK777	2.42 abc	CZH16084	1.68
WE2101	2.41 abc	PFH10-1693	1.58
CZH16086	2.41 abc	SY 5944	1.51
SY 6444	2.38 abc	DKC80-33	1.36
Pristine	2.38 abc	MRI744	0.43
<b>CV (%)</b>			<b>17.63</b>

Nota: As médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey ao nível de 5% de significância.

O genótipo PFH10-1507 obteve maior rendimento de grãos (4.58 t.ha<sup>-1</sup>) quando comparado aos demais genótipos, contrariamente ao genótipo MRI744, que apresentou rendimento mais baixo (0.43 t.ha<sup>-1</sup>) de todos os genótipos estudados. O restante dos genótipos apresentaram comportamento intermediário a PFH10-1507 e MRI744.

Os resultados obtidos podem ser atribuídos à própria genética dos híbridos conforme Balbinot et al., (2005), Albuquerque *et al.*, (2008) e Araújo *et al.* (2016), que conduziram ensaios semelhantes e o comportamento desta variável foi similar ao da presente pesquisa. Portanto, o genótipo introduzido SY5344 apresentou o maior diâmetro da espiga, que por sua vez contribuiu para o aumento significativo do número de fileiras de grãos em detrimento de peso de grãos por espiga, valores estes encontrados por Cambaza (2007), ao avaliar o processo fotossintético e inibição de potencial produtivo, fenômeno que já havia sido reportado por Silva (2013).

### **CORRELAÇÃO ENTRE RENDIMENTO DE GRÃOS E VARIÁVEIS ASSOCIADAS**

Na tabela 5 está demonstrada a relação existente entre o rendimento de grãos e as variáveis estudadas.

**TABELA 5:** Correlação entre rendimento de grãos e variáveis associadas

	<b>Hp</b>	<b>DEsp</b>	<b>CEsp</b>	<b>NFE</b>	<b>Rend</b>
Hp	1.0				
DEsp	0.2	1.0			
Cesp	0.2	0.5	1.0		
NFE	0.2	0.5	0.0	1.0	
Rend	0.5	0.4	0.4	0.2	1.0

Fonte: Autores, (2020)

De acordo com o quadro das correlações da presente pesquisa, nota-se que foi possível apurar a correlação entre rendimento de grãos e todas as variáveis estudadas, porém, a relação entre rendimento de grãos e altura dos genótipos foi significativa em regime de sequeiro, exceto as demais variáveis.

Em estudo realizado por Nascimento *et al.* (2003), citado por Cancellier (2011), correlacionaram as características de altura de planta com altura de espiga, rendimento de grãos e floração, e observaram alta correlação de altura de planta com rendimento de grãos. Esses resultados são concordantes com os resultados encontrados na presente pesquisa.

### **CONCLUSÕES**

De acordo com os resultados do estudo conclui-se que, em regime de sequeiro, os genótipos PFH10-1507, PFH10-1675 e PFH10-1508 mostraram-se promissores para cultivo em regime pluviométrico registrado no período da pesquisa, com potencial para produzir três vezes mais que a produtividade nacional estimada em 0,6 a 1.2 toneladas por hectare e pode ser uma boa alternativa para o aumento da produtividade nesses ecossistemas.



O genótipo PFH10-1507 mostrou-se superior relativamente a todos os genótipos testados em Moçambique apresentando um rendimento de grãos 4580kg/ha no período em estudo rendimento este que ultrapassa os atuais 800kg/ha registados no setor familiar em regime de sequeiro. Para mais inferência estatística e recomendação para fomento ao nível do setor familiar requer mais pesquisas contínuas em outros ambientes para determinar adaptabilidade, estabilidade dos genótipos avaliados bem como respostas a diferentes níveis de adubação, pragas e doenças.

## REFERÊNCIAS

ABADE,H., BOKOSI,J. M.; MWANGWELA, A. M.; MZENGEZA, T. R.; ABDALA, A. J. Characterization and evaluation of twenty rice (*Oryza sativa* L.) genotypes under irrigated ecosystems in Malawi and Mozambique.**African Journal of Agricultural Research**,**11(17)**, 1559-1568.2016.

ALBUQUERQUE, C.J.B; VON PINHO, R.G; SILVA, R.; **Produtividades de híbridos de milho verdes experimentais e comerciais**. 2008.

ARAÚJO, L. D. S.; SILVA, L. G. B.; SILVEIRA, P. M.; RODRIGUES, F.; LIMA, M. D. P.; *et al.* Agronomic performance of maize hybrids in the southeast of the State of Goiás, **Brazil.Agro@mbiente On line**,10 (4), 334-341.2016.

BALBINOT JUNIOR, A. A. Contribuição de componentes de rendimento na produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. **Revista brasileira de Agrocência**, Pelotas, v.11, n. 2, p. 161-166 acesso: 16.04. 2020.

BERGAMASCHI, H. O clima como fator determinante da fenologia das plantas.**Fenologia: ferramenta para conservação, melhoramento e manejo de recursos vegetais arbóreos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

BERGAMASCHI, H.; MATZENAUER, R. **O milho e o clima**. Porto Alegre: Emater/RS-Ascar. 2014.

CAMBAZA, C. M. **Estudo de datas de sementeira para reduzir o risco de falha da cultura de milho (*Zea mays* L.) na agricultura de sequeiro no Distrito de Chókwè**. Universidade Eduardo Mondlane Faculdade de Agronomia e Engenharia Florestal, Maputo. Repositorio UEM. 2007.

CANCELLIER, L.L.; AFFÉRI, F. S.; DOTTO, M. A.; DUTRA, D. P.; CORNÉLIO, G. L. Avaliação de top crosses de milho no sul do Tocantins. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**. v.6, n.4, 2011.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1997.

FAOSTAT. **Estatística da produção de milho** [on line]. Disponível em <http://www.faostat.org.site>.,2017.Acesso: 15 de Julho de 2019.

FAOSTAT. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data>. Acesso: 11/02/2020.

FATO, P.; CHAUQUE, P.S.; MULIMA, E.; MUTIMBA, E.; SENETE, A.A C.T.; *et al.* Manual de produção do milho. **Colecção transferência de Tecnologias** – Série Agricultura. Maputo. IIAM. p.52. 2011.

MASA (Ministério de Agricultura e Segurança Alimentar). **Situação actual da Spodoptera frugiperda- lagarta do funil de milho**, Moçambique, 2017.

NASCIMENTO, M.; TABOSA, J. N.; TAVARES FILHO, J. J.; Avaliação de cultivares de milho no agreste semi-árido de Pernambuco. Manejo de água e Solo, 7 (1) **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, abr/2003.

PEEL, M.C.; FINLAYSON, B.L.; MCMAHON, T. A.; Mapa mundial atualizado da classificação climática de Köppen-Geiger. **Hydrology Earth and System Sciences**, 2007.

SILVA, A. F.; GONTIJO NETO, M. M.; TARDIN, F.; FILIMBERTI, E.; SOUZA, M. M.; *et al.* Avaliação de desempenho de cultivares de milho safrinha no município de SINOP-MT- **Milho safrinha, XII seminário nacional** , Dourados – MS, 26 a 28 nov/2013

TEXEIRA, J.V. **Participação das comunidades locais na gestão das florestas em Moçambique: Caso dos distritos de Montepuez, Maúa, Marrupa e Majune**. 2018.

ZUCARELI, C.; de Oliveira, M. A.; Spolaor, L. T.; Ferreira, A. S. Desempenho agronômico de genótipos de milho de segunda safra na região Norte do Paraná. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 12, 2013.

USAID. International Food Assistance Report: Fiscal Year 2017-2018., Disponível em:[https://www.usaid.gov/sites/default/files/documents/1967/FY\\_2017\\_IFAR.pdf](https://www.usaid.gov/sites/default/files/documents/1967/FY_2017_IFAR.pdf)> acessado 16 de Julho de 2019.