

RECURSOS GENÉTICOS DE MILHO: IMPORTÂNCIA E USO NO MELHORAMENTO

MAIZE GENETIC RESOURCES: IMPORTANCE AND USE IN IMPROVEMENT

¹Flavia França Teixeira*

²Roberto dos Santos Trindade

¹Embrapa Milho e Sorgo. E-mail: flavia.teixeira@embrapa.br

²Embrapa Milho e Sorgo. E-mail: roberto.trindade@embrapa.br

*Autor de correspondência

Artigo submetido em 14/11/2021, aceito em 28/11/2021 e publicado em 30/12/2021.

Resumo: A grande diversidade genética do milho faz com que ele seja cultivado em quase todo o globo terrestre e utilizado de inúmeras formas. A alta tecnificação empregada no cultivo do milho engloba o uso de cultivares produtivas e uniformes em detrimento das cultivares tradicionais que guardam entre si maior diversidade genética. Com a tecnificação do cultivo do milho, a preservação dos recursos genéticos do milho em condições *ex situ* tornou-se prevalente a sua preservação *in situ/on farm*. As coleções de germoplasma de milho mantidas *ex situ* têm diversas funções e finalidades, entre elas, a coleção base visa a preservação em longo prazo; a coleção ativa, também chamada banco ativo de germoplasma de milho, que visa a preservação a médio prazo, ambas, preservam variedades locais ou exóticas e cultivares obsoletas. Ações de conservação, agregação de valor e promoção do uso de acessos preservados em bancos de germoplasma por meio da conservação *on farm* ou do melhoramento devem ser desenvolvidas de forma conjunta para atingir a adequada preservação de recursos genéticos, permitir o seu uso e ainda para permitir que variedades tradicionais voltem a sofrer pressão de seleção em campo possibilitando, desta forma, a evolução destas variedades e da cultura. O objetivo desse trabalho foi rever os recursos genéticos de milho desde a origem deste cereal até o uso da sua biodiversidade em programas de melhoramento com ênfase nas atividades desenvolvidas no âmbito do banco ativo de germoplasma de milho no Brasil preservado na Embrapa Milho e Sorgo em condições *ex situ*.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; agrobiodiversidade; banco de germoplasma; conservação *ex situ*.

Abstract: The great genetic diversity of maize leads its cultivation around the world and it is used in countless ways. The high technification used in the maize crop includes the use of productive and uniform cultivars in detriment to traditional cultivars that keep among themselves greater genetic diversity. With that technification of crops, the preservation of maize genetic resources under *ex situ* conditions has become prevalent than *in situ/on farm* preservation. Maize germplasm collections maintained in *ex situ* conditions have several functions and purposes, among them, the base collection is aimed at long-term preservation; the active collection, also called the maize active germplasm bank, aimed at medium-term preservation, both preserve local or exotic varieties and obsolete cultivars.

Conservation actions, adding value and promoting the use of accesses preserved in germplasm banks through on-farm conservation or breeding must be developed together to achieve the proper preservation of genetic resources, allow their use and also allow that traditional varieties are once again submitted to selection pressure in the field, thus enabling the evolution of these varieties and of the crop. The objective of this work was to review maize genetic resources from the origin of this cereal to the use of its biodiversity in improvement programs with emphasis on activities developed within the Brazilian maize active germplasm bank preserved at Embrapa Milho e Sorgo (Sete Lagoas, State of Minas Gerais, Brazil) under *ex situ* conditions.

Keywords: *Zea mays* L.; agrobiodiversity; germplasm bank; *ex situ* conservation.

1 ORIGEM E DISPERSÃO DA CULTURA DO MILHO

O milho domesticado (*Zea mays* L. ssp. *mays*) é uma gramínea de origem mesoamericana pertencente ao gênero *Zea* que inclui outras quatro espécies conhecidas coletivamente como teosinte (*Zea* ssp.) (BUCKLER e STEVENS, 2005). Possivelmente, o milho é originário de uma evolução a partir do teosinte que se deu há cerca de 8.700 anos nas atualmente denominadas Terras Baixas do México (PIPERNO *et al.*, 2009). O México preserva até os dias atuais grande diversidade genética do milho (OROZCO-RAMÍREZ *et al.*, 2017).

O processo de domesticação do milho iniciou-se na América Central e foi difundido por povos pré-colombianos para outras regiões. Dados arqueológicos indicam que o milho já estava presente no Sudoeste dos Estados Unidos há 4.000 anos (MERRILL *et al.*, 2009), cruzou o Panamá há 7.500 anos (PIPERNO *et al.*, 1985), atingiu a Costa Peruana há 4.000 anos (GROBMAN *et al.*, 2012), os Andes (BUSH *et al.*, 2016) e as Terras Baixas da Amazônia boliviana há 6.500 anos (BRUGGER *et al.*, 2016). Raças locais e achados arqueológicos sugerem que a população ancestral do milho na América do Sul é derivada do centro de domesticação mexicano, de forma isolada do pool gênico do teosinte e ainda em processo de domesticação. Assim, juntamente com dados relacionados a genômica, linguística, arqueologia e paleoecologia, Kistler *et al.* (2018) sugerem que o Sudoeste da Amazônia seja

um centro de domesticação secundário do milho.

A dispersão do milho pelas Américas está associada a muitas modificações adaptativas, o que faz com que esse cereal seja uma cultura com grande variabilidade genética (BRIEGER *et al.*, 1958). A dispersão geográfica do milho, enfatizada pelas suas numerosas formas de utilização, faz com que seja considerado uma das espécies de maior variabilidade genética dentre as plantas cultivadas.

Entre as décadas de 1950 e 1960, foram publicadas classificações do milho em raças por regiões, dentre as quais estão 52 raças brasileiras de milho (BRIEGER *et al.*, 1958; PATERNIANI E GOODMAN, 1977). Recentemente, as raças brasileiras de milho foram revistas, e foi proposta uma nova classificação a qual identificou 16 novas raças (SILVA *et al.*, 2020). Já foram identificadas cerca de 300 raças de milho e, dentro de cada raça, milhares de variedades (PATERNIANI *et al.*, 2000). A classificação do milho em raças fornece valiosas informações sobre a origem dos materiais cultivados e ilustra a variabilidade da cultura. Variabilidade essa que permite que o milho seja cultivado em diferentes condições ambientais, com adaptações específicas.

Atualmente, o milho é a espécie cultivada que atingiu o mais elevado nível de domesticação, o que faz com que o seja uma espécie de grande importância econômica e alimentar. Segundo a sociedade norte-americana “National Corn Growers Association” (<http://www.worldofcorn.com>), a produção

mundial de milho em 2020/2021 superou 1,1 bilhão de toneladas, cujos maiores produtores mundiais são os Estados Unidos da América, a China e o Brasil. Segundo o IBGE (2021), o milho ocupou uma área de 58 milhões de ha no Brasil, com sua produção crescente e superando 100 milhões de toneladas no Brasil em 2019.

Entretanto, o alto nível tecnológico empregado no cultivo do milho leva ao estreitamento da sua base genética. Nos Estados Unidos, em 1970, foi formado um comitê, designado pela Academia Nacional de Ciências daquele país, com o objetivo de quantificar a vulnerabilidade genética das plantas cultivadas. No caso do milho, 71% da área, então cultivada, era ocupada por cultivares derivadas de apenas seis linhagens, o que levou à conclusão de que a produção agrícola americana era vulnerável geneticamente (NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES, 1972). A vulnerabilidade genética do milho foi estudada posteriormente por Duvick (1984), que constatou que a base genética do milho cultivado nos Estados Unidos foi ampliada em comparação ao levantamento efetuado na década de 1970, porém a produção ainda se baseava em um pequeno número de cultivares.

A baixa variabilidade dos genótipos cultivados leva à vulnerabilidade genética das culturas, que já causou problemas no passado. Há alguns exemplos clássicos de perdas pela vulnerabilidade genética, entre eles a perda da safra de batata na Irlanda, no século XIX, e os prejuízos causados na cultura do milho em 1970, nos Estados Unidos. O milho híbrido cultivado nesse país nessa ocasião tinha sua produção de sementes facilitada pelo uso da macho-esterilidade, que dispensa o despendoamento manual da linha fêmea. Entretanto, apenas uma fonte de macho-esterilidade foi empregada e essa fonte estava associada à suscetibilidade ao fungo *Helminthosporium maydis*. Desta forma, a vulnerabilidade genética permitiu uma epidemia, que teve grande impacto na

produção americana de milho em 1970 (NASS *et al.*, 2007).

2 PRESERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE MILHO

Existem diferentes estratégias de manter a agrobiodiversidade, a mais tradicional destas formas é conservação *in situ*. No caso do milho, ela é encontrada em diversas regiões do México (LEYVA-MADRIGAL *et al.*, 2020; ALVARADO-BELTRÁN *et al.*, 2019), ou em campo, denominada *on farm*, que é realizada em outras localidades diferentes da região de origem.

Além da preservação dos recursos genéticos por cultivo em campo, há também a preservação em condições *ex situ*.

Diversas coleções de milho são preservadas em condições *ex situ* ao redor do mundo. A maioria delas tem seus dados preservados nos bancos de dados internacionais. A plataforma GENESYS (<https://www.genesys-pgr.org/c/maize>) continha informações de mais de 100.000 acessos de milho em agosto de 2021, preservados em diversas coleções ao redor do globo. Os países com as maiores coleções são México (32.243 acessos) e Estados Unidos (26.929). Entretanto, essa quantificação de acessos deve ser vista com cautela, pois, há fatores que induzem a supor que esses números sejam ainda maiores, uma vez que há acessos preservados em bancos não cadastrados na plataforma GENESYS e coleções-elite mantidas por programas de melhoramento. Há também variedades preservadas exclusivamente em condições *on farm* e, ainda, novas combinações gênicas que podem surgir constantemente. Por outro lado, os acessos preservados em bancos de germoplasma (BAG) muitas vezes são duplicados entre coleções.

Dentre os BAGs que preservam a biodiversidade do milho, destaca-se o do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT), localizado em El Batán, no México, que mantém uma

coleção de germoplasma de milho que foi formada a partir de 1943, com coletas na América Central e no Caribe e introduções de 64 países, especialmente dos Estados Unidos e países das Américas Central e do Sul (TABA *et al.*, 2005). Atualmente, o BAG do CIMMYT conserva cerca de 28.000 acessos de milho (<https://www.cimmyt.org/work/genetic-resources/>).

O BAG de milho do Brasil reúne mais de 4.000 acessos, que são preservados na Embrapa Milho e Sorgo, localizada em Sete Lagoas-MG (coleção ativa), e na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (coleção base), localizada em Brasília-DF. Alguns dos acessos preservados na coleção brasileira de milho são mantidos também em instituições localizadas em outros países, como o CIMMYT, no México, o ARS-USDA, nos Estados Unidos, e a reserva mundial de sementes em Svalbard, na Noruega. Visando ampliar a segurança na preservação dos recursos genéticos, as coleções ativa e base de milho preservadas no Brasil funcionam como coleções *back up*, pois a maior parte de seus acessos é duplicado em ambas. As diferenças entre essas duas coleções se referem às condições de armazenamento, uma vez que a coleção base é preservada em câmaras com temperaturas negativas e a coleção ativa é preservada em câmaras mantidas entre 5 °C e 9 °C. Por essa razão a preservação destas coleções é considerada em longo e curto prazos, respectivamente. Na coleção ativa, além da preservação, também são desenvolvidas as atividades de agregação de valor, atendimento a pedidos de intercâmbios para instituições nacionais e promoção do uso da coleção e atividades que promovam o uso dos acessos. Os dados sobre os acessos preservados nessas coleções podem ser consultados na Plataforma Alelo, disponível em <http://alelobag.cenargen.embrapa.br/Alelo/Consultas/Passaporte/index.do>

Conforme mencionado, os BAGs não são as únicas coleções a preservar

recursos genéticos em condições *ex situ*. Há também coleções-elites preservadas nos programas de melhoramento. Pelo fato de o milho ser uma espécie alógama, que sofre, porém suporta a depressão pela endogamia e também por estar associado à facilidade de produção de sementes, os programas de melhoramento são voltados a exploração da heterose e ao desenvolvimento de híbridos. Assim, os materiais preservados nas coleções-elite são em geral linhagens, híbridos ou populações segregantes derivadas de cruzamentos, com foco em características de interesse agrônomo, alta produtividade de sementes e grande uniformidade genética entre e dentro de cada genótipo preservado. Já os BAGs incluem em geral populações, algumas delas com adaptação restrita e/ou com menor potencial produtivo, entretanto com maior variabilidade genética entre e dentro de populações quando comparadas à coleção-elite do melhoramento.

No contexto da formação de populações-fonte dentro de um programa de melhoramento, conforme discutido anteriormente, embora acessos de BAG apresentem ampla variabilidade genética, essa variabilidade pode incluir altas frequências de alelos deletérios, como maior suscetibilidade a doenças, altas taxas de quebramento de colmo e acamamento, porte alto e arquitetura foliar inadequada para plantios em alta densidade, dentre outras (GUIMARÃES *et al.*, 2018). Assim, para a obtenção de populações de melhoramento em programas comerciais, as fontes preferenciais para extração de novas linhagens têm sido materiais-elites de origem comercial, como populações biparentais ou sintéticos de linhagens-elites, dentro de cada grupo heterótico.

Porém, além da inclusão de germoplasma-elite dentro de um programa, é importante o uso de estratégias que permitam explorar ao máximo a variabilidade existente em um grupo-elite e ampliá-la, na medida do possível. Neste

sentido, uma série de métodos é empregada, como a seleção recorrente, a “reciclagem de linhagens” via a formação de populações biparentais (diretamente ou por retrocruzamentos), a geração de linhagens duplo-haploides (DHs) e outras metodologias.

3 ATIVIDADES DESENVOLVIDAS EM BANCOS DE GERMOPLASMA

A seguir serão apresentadas as atividades desenvolvidas rotineiramente em BAGs, as quais podem ser agrupadas em três categorias: atividades que visam a manutenção da coleção, atividades que agregam valor aos acessos que a compõem e atividades que promovem o uso dos recursos genéticos de milho.

3.1 ATIVIDADES DE MANUTENÇÃO DO BAG MILHO

A manutenção de BAGs engloba uma série de atividades que são realizadas sistematicamente, entre elas: introdução, intercâmbio, conservação, regeneração e/ou multiplicação de acessos (TEIXEIRA *et al.*, 2005). A introdução é a entrada de um acesso em um BAG, que pode ser feita por coletas diretamente com agricultores e/ou intercâmbio de amostras com outras instituições. Em um BAG, devem ser feitas constantes introduções com o objetivo de formar o acervo mais representativo da variabilidade da cultura, sem repetições.

O intercâmbio é realizado com a troca de materiais entre BAGs com o objetivo de ampliar a variabilidade genética disponível a programas de pesquisa. Para a maioria dos países, o intercâmbio de amostras de sementes de BAGs segue o Tratado Internacional de Recursos Genéticos de Plantas para a Alimentação e Agricultura, adotado na 31^a. Sessão da Conferência da *Food and Agriculture Organization* (FAO) em 3 de novembro de 2001. De acordo com a FAO (<http://www.fao.org/plant-treaty/overview/en/>), o tratado tem o

objetivo de reconhecer a enorme contribuição dos agricultores para a diversidade agrária que alimenta o mundo; estabelecer um sistema global que provenha acesso da genética vegetal a agricultores, melhoristas e cientistas; e assegurar que os receptores repartam os benefícios derivados do uso destes materiais genéticos com os países que dos quais eles se originam. O milho é uma das culturas incluídas no tratado (FAO, 2009). Infelizmente, o cumprimento deste acordo internacional ainda está sujeito a falhas mesmo entre os países signatários, pois, segundo Bjørnstad *et al.* (2013), 121 dos países signatários foram contatados para envio de amostras de sementes, e destes apenas 44 (36%) atenderam às solicitações.

A conservação das sementes armazenadas no BAG Milho pode ser feita em câmaras frias e secas (5 °C a 8 °C e 25% a 30% UR para preservação em média prazo, ou ainda temperaturas negativas, quando o objetivo é a preservação em longo prazo). As sementes armazenadas devem ser acompanhadas quanto a sua viabilidade a cada quatro ou cinco anos. Aquelas com valores de germinação inferiores a 80% devem ser submetidas à regeneração no campo (TEIXEIRA *et al.*, 2011).

As atividades de regeneração ou multiplicação recuperam acessos de milho que apresentam baixa viabilidade ou aqueles com estoque de sementes armazenadas inferior a 2 kg, respectivamente. A reposição também pode ser realizada com a coleta adicional no local original, mas muitas vezes isso pode ser inviável, pois o agricultor pode não mais manter a variabilidade em campo. Os acessos de milho devem ser regenerados/multiplicados preferencialmente sob condições de solo e de clima semelhantes aos de local de origem de cada acesso. Na regeneração/multiplicação dos acessos de milho deve-se utilizar um mínimo de 16 linhas no campo, de 5 m cada, e o tamanho

do lote para regenerar/multiplicar deve ser de aproximadamente 100 m² por acesso, com um mínimo de 300 plantas por lote. A regeneração/multiplicação de acessos não adaptados ao local deve ser realizada em casa de vegetação com polinização controlada (PARDEY *et al.*, 2004).

3.2 ATIVIDADES DE AGREGAÇÃO DE VALOR AOS ACESSOS DO BAG MILHO

O segundo grupo de atividades realizadas nos BAGs visa a agregação de valor por meio da caracterização e avaliação dos acessos e, desta forma, o conhecimento a respeito da coleção é ampliado, assim como a viabilização da sua utilização em pesquisas diversas. A caracterização visa descrever cada acesso em relação a uma série de atributos constantes da lista de descritores no milho (INTERNATIONAL MAIZE AND WHEAT IMPROVEMENT CENTER, 1991; TEIXEIRA e COSTA, 2010). Esses descritores tendem a ser caracteres de fácil mensuração, tais como cor e tipo de grão, altura de planta, número de dias para florescimento, número de folhas acima da espiga e formato da folha.

As informações sobre a caracterização dos acessos são de grande importância, pois são usadas como ponto de partida para atividades que envolvem avaliações mais laboriosas. Essas informações permitem o planejamento de ensaios específicos, como para avaliação quanto à qualidade nutricional ou quanto à resistência a estresses bióticos ou abióticos. Nessas avaliações, que visam caracteres mais específicos, devem ser incluídos acessos com características de interesse e relativamente homogêneos para que seja viável a condução dos ensaios com maior precisão. Avaliação de acessos de BAGs não é uma tarefa fácil, principalmente quanto à seleção de acessos, dentre milhares de opções a serem incluídas nos ensaios.

Os dados de caracterização podem ser empregados também para avaliar a

variabilidade genética entre acessos do BAG ou de grupos de acessos. Esses dados foram empregados para avaliar a diversidade genética entre alguns grupos de acessos do BAG Milho, entre eles os grupos de acessos com grãos brancos do tipo dentado (TEIXEIRA *et al.*, 2019a), com grãos do tipo doce (TEIXEIRA *et al.*, 2019b), com grãos brancos dos tipos duro, semiduro e semidentado (TEIXEIRA *et al.*, 2020), com grãos com a qualidade proteica melhorada (TEIXEIRA *et al.*, 2021a) e de raças de origem indígena (TEIXEIRA *et al.*, 2021b). Esses estudos indicaram que há grande variabilidade genética entre os acessos de milho classificados nestes grupos.

Já a avaliação enfoca caracteres mais complexos, relacionados ao desempenho agrônomico e que muitas vezes necessitam ser observados em diversas condições ambientais utilizando-se metodologias de pesquisa apropriadas. A tolerância a estresses bióticos e abióticos, estabilidade e adaptabilidade e capacidade combinatória são alguns caracteres que devem ser frequentemente considerados na avaliação de acessos do BAG Milho (TEIXEIRA *et al.*, 2011).

Apesar da dificuldade em avaliar milhares de acessos, programas de avaliação estruturados já obtiveram sucesso em agregar valor aos BAGs. A avaliação de cerca de 12.000 acessos de milho, provenientes de diversos países, foi realizada pelo *Latin American Maize Project* (LAMP). Esse projeto reuniu 12 países: Argentina, Bolívia, Brasil, Colômbia, Chile, Guatemala, México, Paraguai, Peru, Uruguai, Estados Unidos e Venezuela para a avaliação de genótipos em cinco etapas. As regiões foram classificadas em áreas homólogas (AH) de acordo com suas latitude e altitude. Na Tabela 1, são apresentadas as definições dessas áreas homólogas assim, como o número de regiões utilizadas para a avaliação em cada área.

Na primeira etapa do LAMP, os acessos foram avaliados em apenas um

local dentro de suas regiões de origem. Nesta fase, foram selecionados 20% dos acessos de melhor desempenho para a segunda etapa, na qual foram conduzidas avaliações em dois locais para a seleção de 5% dos acessos com performance superior. Na terceira etapa, os acessos foram intercambiados entre regiões da mesma área homóloga. Após a seleção dos acessos de melhor desempenho, foi realizado o cruzamento destes com testadores de cada região. Na quarta etapa, foram conduzidos ensaios com os *top-crosses* dos acessos visando a avaliação de sua capacidade combinatória. Na quinta etapa, os acessos com os melhores desempenhos foram integrados aos programas de melhoramento dos países participantes (SALHUANA *et al.*, 1997).

Tabela 1. Áreas homólogas e número de regiões consideradas pelo LAMP (SALHUANA *et al.*, 1997).

	Faixa de altitude	Faixa de Latitude	No. de regiões consideradas
AH1	Abaixo de 1200 m	Entre 26° N e 26° S	14
AH2	Entre 1200 e 1900 m	Entre 26° N e 26° S	4
AH3	Entre 1900 e 2600 m	Entre 26° N e 26° S	5
AH4	Acima de 2600 m	Entre 26° N e 26° S	3
AH5	-	Acima de 26° N ou S	8

Mais de 1.200 acessos do BAG Milho foram avaliados quanto à reação aos seguintes patógenos causadores de manchas foliares: *Puccinia polysora*; *Exserohilum turcicum*; *Physopella zae*; enfazamentos e viroses; e *Phaeosphaeria maydis* (MIRANDA FILHO *et al.*, 2000). As fontes de resistência a alguns destes patógenos identificadas neste estudo foram empregadas para avaliar a reação de acessos do BAG Milho em cruzamento com linhagens-elite e para o desenvolvimento de novas populações a

serem empregadas no melhoramento (TEIXEIRA *et al.*, 2013, 2017).

Alguns acessos do BAG Milho coletados em regiões de caatinga e de cerrado foram avaliados quanto à tolerância à seca em três localidades. Nem todos os acessos testados atingiram o florescimento sob condições de seca. Desta forma, foram identificados acessos que apresentaram menor suscetibilidade aos danos causados pelo déficit hídrico imposto no período do pré-florescimento (TEIXEIRA *et al.*, 2010).

Em um BAG, a manutenção e a disponibilidade das informações de cada acesso são primordiais para o uso eficiente da variabilidade genética disponível. É importante que as informações sejam armazenadas de forma segura, em meio digital, e que tenham cópia de segurança. Normalmente, existem três conjuntos de dados: dados de passaporte, dados de manutenção e dados de caracterização. Esses dados têm naturezas diferentes. Os dados de passaporte englobam informações obtidas na coleta, tais como: data, tipo de vegetação, condições de solo, coordenadas geográficas do local de coleta, nome da propriedade e do produtor, nome da variedade e forma de utilização. No conjunto de dados de manutenção devem ser registradas informações sobre: data e local da última regeneração/multiplicação, quantidade de sementes em estoque, local de armazenagem na câmara, porcentagem de germinação, data do último teste de germinação, condições de regeneração (solo, clima) e número de vezes que o acesso foi regenerado/multiplicado. Nos dados da caracterização/avaliação, são anotadas informações relacionadas ao desempenho do acesso quanto a atributos (TEIXEIRA *et al.*, 2011).

A plataforma ALELO armazena informações sobre BAGs preservados no Brasil, e as plataformas GENESYS e GRIN GLOBAL (<https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/search>) armazenam dados de coleções preservadas ao redor do mundo.

3.3 ATIVIDADES QUE PROMOVEM O USO DE RECURSOS GENÉTICOS DE MILHO

Os recursos genéticos do milho são utilizados de diversas formas, desde o atendimento a pedidos de intercâmbio para a utilização dos acessos em pesquisas diversas até ações de conservação *in situ/on farm*, atendimentos de nichos de mercado que objetivam cultivar variedades com caracteres especiais, ausentes em cultivares comerciais e ações de pré-melhoramento que levam atributos úteis ao germoplasma-elite.

Muitas das ações de conservação *in situ/on farm* não estão associadas aos BAGs preservados em condições *ex situ*. A preservação da variabilidade genética do milho por meio da conservação *in situ* é largamente difundida no México, onde dezenas de variedades, classificadas em raças, são mantidas em mais de 400.000 ha dispostos em várias regiões no país. A variabilidade genética conservada pelos agricultores mexicanos está associada à qualidade gastronômica e à culinária local, que é muito diversificada (ARAGÓN-CUEVAS *et al.*, 2005).

No Brasil, agricultores tradicionais do Extremo Oeste do estado de Santa Catarina preservam variedades de milhos tradicionais, tanto do milho-comum, quanto de milho especiais, tais como doce e pipoca (COSTA *et al.*, 2016; SOUZA *et al.*, 2020, 2021). Essas variedades vêm sendo preservadas por diversos agricultores da região e apresentam diversidade entre si (KUHNEN *et al.*, 2010), alta adaptabilidade aos locais de cultivo, melhor qualidade nutricional (KUHNEN *et al.*, 2011; UARROTA *et al.*, 2011) e ainda potencial de uso comercial.

O emprego direto de acessos do BAG Milho por meio da conservação *on farm* é uma forma de utilização que tem

maior potencial de sucesso quando se visa atender demandas específicas. A (re)introdução desses materiais em comunidades indígenas é uma forma de promover o uso direto de variedades mantidas na coleção. Vários povos indígenas preservaram e melhoraram suas variedades tradicionais de milho. Entretanto, com a influência de outros povos que vieram habitar o Brasil, houve a introdução de culturas e cultivares não indígenas. Assim, com o decorrer do tempo, os povos tradicionais deixaram de cultivar suas variedades de milho e passaram a cultivar outras espécies, ou variedades de milho alheias às suas tradições.

As variedades tradicionais indígenas representam aspectos da cultura, não somente da questão agrícola, mas também têm importância na alimentação, na culinária e em outras tradições culturais, como festividades, cerimoniais e intercâmbio entre povos. A Embrapa e a Funai vêm desenvolvendo ações em parceria no sentido de levar essas variedades de milhos tradicionais aos povos indígenas (TEIXEIRA *et al.*, 2011). Algumas das etnias para as quais foram (re)introduzidas variedades de milho tradicionais são Krahô, Xavante, Bororo, Maxacali, Pataxó, Guarani e Caingang. A maioria dessas variedades apresentam grãos do tipo farináceo e grande variabilidade de coloração de sementes. Apenas as variedades entregues aos Xavante, Bororo, Guarani e Caingang são de origem dessas próprias etnias. Nos demais casos, as variedades foram selecionadas no BAG Milho, considerando as características do milho original e a localização da aldeia a ser atendida, uma vez que, em muitos casos, não há na coleção materiais coletados em comunidades de todas as etnias interessadas no resgate de variedades. Essa situação mostra a necessidade de ampliar a coleção do BAG Milho mantida na Embrapa com as variedades indígenas que ainda são cultivadas em algumas aldeias,

pois a conservação *ex situ* pode contribuir para maior segurança na preservação dessas variedades.

O melhoramento de milho oferece cultivares que são amplamente difundidas entre agricultores, porém determinados grupos de agricultores almejam obter cultivares com atributos específicos que não são contemplados pelos genótipos melhorados. Nessas condições o melhoramento participativo tendo como base para seleção acessos do BAG Milho portadores de caracteres especiais surge como uma prática para atender demandas especiais com ações em conjunto entre melhoristas, extensionistas e produtores. O melhoramento participativo tem maior potencial de uso, em relação ao melhoramento clássico, nos casos em que a cultura em questão tem importância local, para culturas adaptadas a ambientes marginais, onde é praticada a agricultura com baixo nível de investimento, para culturas com amplo espectro ambiental, associado à alta interação genótipos por ambientes, e em situações em que os usuários valorizam caracteres considerados especiais ou combinações entre esses casos.

Uma série de vantagens e desvantagens são associadas ao melhoramento participativo em comparação ao melhoramento tradicional. Dentre as vantagens, se destacam o aumento na diversidade genética das plantas cultivadas, a rápida adoção de variedades provenientes do BAG e o fortalecimento de comunidades rurais. Entretanto, o alto custo relativo, considerando que as cultivares obtidas com o emprego do melhoramento participativo atendem a um número menor de agricultores, o alto custo da participação dos produtores, que empregam tempo, área, trabalho e capital no desenvolvimento das novas variedades, e a necessidade de treinamento adicional para pesquisadores são apontados como desvantagens do melhoramento participativo. A forma de participação do agricultor e do melhorista

no processo de melhoramento pode ser bastante variável, existindo modelos em que ambos atuam, desde a etapa da seleção de germoplasma até o teste de novas cultivares, e modelos em que a participação do produtor se dá apenas na etapa final de seleção de novas cultivares. O modelo em que o melhorista participa de seleção de germoplasma, pré-melhoramento, desenvolvimento de cultivares e avaliação varietal, enquanto o agricultor participa apenas das etapas de seleção de germoplasma e avaliação final, foi considerado o mais eficiente por Morris e Bellon (2004).

O melhoramento participativo do milho já foi empregado em algumas localidades no Brasil, por exemplo, para desenvolver cultivares que aliam boa produtividade e eficiência no uso de nitrogênio (MACHADO e FERNANDES, 2001) e para seleção de caracteres relacionados à palha do milho para artesanato a partir de acessos do BAG Milho (TEIXEIRA *et al.*, 2007).

O uso do BAG Milho muitas vezes necessita de ações em pré-melhoramento que devem ser realizadas considerando que os produtos serão utilizados primeiramente pelo melhoramento de plantas e, só depois podem chegar ao mercado de sementes. Por essa razão é fundamental que essas ações sejam planejadas de acordo com a estrutura do programa de melhoramento e com a evolução do mercado de sementes.

Ao avaliar a estrutura dos programas de melhoramento, é importante relembrar como eles e a indústria sementeira surgiram. O uso de sementes de milho tradicionais produzidas na propriedade foi gradualmente sendo substituído nos últimos 90 anos, e essa substituição se deve ao desenvolvimento do milho híbrido. A história desta substituição é relatada por Duvick (2001). Segundo o autor, no início do século XX, os fazendeiros norte-americanos procuravam formas de aumentar a produtividade de milho por causa da urbanização da população, do aumento do consumo de carne e da

demanda por grãos para alimentar os rebanhos e da menor disponibilidade de novas terras agricultáveis. Nesta ocasião, dois jovens cientistas, George Harrison Shull e Edward Murray East, de forma independente, redescobriram o fenômeno da depressão pela endogamia e o vigor híbrido, em 1908.

O fato de o milho ser o único cereal cultivado que apresenta flores masculina e feminina em órgãos separados e ainda por ser polinizado pelo vento fez com que o ele fosse a única cultura comercial em que a hibridização em larga escala fosse viável. Entretanto, na ocasião, as linhagens disponíveis apresentavam baixa produtividade, e a produtividade em campos produção de sementes era baixa ou nula. Assim, o custo de produção das sementes tornou inviável a adoção comercial dos híbridos. Alguns anos mais tarde, Donald F. Jones propôs o uso de híbridos duplos para a solução do alto custo das sementes. Assim, a tecnologia do milho híbrido surgiu com base em duas premissas: o vigor híbrido eleva a produtividade e os híbridos podem ser reproduzidos ano a ano por meio dos cruzamentos que os compõem. Cerca de 10 anos após a proposta de Jones surgiram os primeiros híbridos bem-sucedidos, e no início da década de 1930, a demanda pelo milho híbrido cresceu entre agricultores dos Estados Unidos. O híbrido simples só se tornou viável na década de 1960, quando a produtividade das linhagens se tornou elevada a ponto de viabilizar a produção de híbridos simples em escala comercial (DUVICK, 2001). A produtividade média de milho dos Estados Unidos passou de 1 ton/ha em 1930 para 8 ton/ha em 1997 (UNITED STATES, 2000), e ainda continua em crescimento, pois, segundo a “National Corn Growers Association” (<http://www.worldofcorn.com>), a produtividade média daquele país ultrapassa 11 ton/ha.

Duvick (2001) ressalta que os híbridos não são os únicos responsáveis

pelo avanço na produtividade do milho, que também se deve ao uso de insumos e práticas mais eficientes. Duvick (2001) relaciona também a contribuição do milho híbrido para o desenvolvimento de indústria sementeira, do fomento para o desenvolvimento de novas máquinas agrícolas e ainda pela dispersão da tecnologia do milho híbrido na América do Norte, Europa e China e no Brasil.

A tendência de utilização de sementes híbridas e variedades sintéticas faz com que a classificação de genótipos nos padrões heteróticos explorados pelo programa de melhoramento seja fundamental para o desenvolvimento de cultivares que tenham potencial de uso. O emprego de padrões heteróticos contrastantes no melhoramento de milho começou a ser usado em meados da década de 1960, no *Corn Belt* norte-americano. A obtenção de linhagens de alto potencial, que viabilizou o uso comercial de híbridos simples, fez com essas linhagens fossem agrupadas no pool denominado *Iowa Stiff Stalk Synthetic* (BSSS, ou simplesmente SS), que era usada como fêmeas na produção de híbridos. Já as linhagens que se combinavam bem com esse grupo foram denominadas não *Stiff Stalk* (NSS) (REIF *et al.*, 2005) Outros grupos heteróticos foram empregados na Europa, Ásia (REIF *et al.*, 2010) e no Brasil (PARENTONI *et al.*, 2001). No Brasil, a separação de linhagens em grupos heteróticos é feita de forma a distinguir as populações-fonte dentro de programas de melhoramento em grupamentos que apresentem a máxima heterose quando em cruzamento com outro grupo distinto, mas complementar (GUIMARÃES *et al.*, 2018).

Para a definição de grupos heteróticos em programas iniciais de melhoramento, recomenda-se a aplicação de cruzamentos dialélicos, ou cruzamentos-teste. Por exemplo, tendo-se um híbrido de alto valor produtivo, com parentais de grupos heteróticos definidos e complementares (A e B, por exemplo), o parental do grupo heterótico A pode ser

utilizado como testador para seleção de linhagens para o grupo heterótico “B”, com base no nível de heterose observado no cruzamento. Da mesma forma, o parental do grupo heterótico B pode selecionar linhagens do grupo heterótico “A”.

Em geral, os testadores utilizados em programas de melhoramento de milho são linhagens-elites, que, geralmente, já são utilizadas comercialmente, com alta frequência de alelos favoráveis (alta capacidade geral de combinação – CGC), boas polinizadoras, e pertencentes a grupos heteróticos opostos às progênies que se pretende avaliar (SANTOS *et al.*, 2001). Isso permite a seleção de novas linhagens com alta capacidade específica de combinação (CEC) com o testador, bem como a identificação de híbridos com alta heterose para produtividade de grãos e outros caracteres agrônômicos de interesse.

Os grupos heteróticos são um dos aspectos que o pré-melhorista precisa considerar ao planejar suas atividades, pois a informação sobre essa classificação é muito importante para uso efetivo de materiais genéticos dentro de um programa de melhoramento. Entretanto, a classificação de materiais genéticos em grupos heteróticos não é o único fator a ser considerado no pré-melhoramento. A região onde o material será cultivado, o clima, os estresses bióticos e abióticos aos quais a região está sujeita e os sistemas de cultivo também são fatores a serem considerados no planejamento de atividades de pré-melhoramento. O programa de melhoramento é o usuário em potencial dos ativos a serem gerados pelo pré-melhoramento, assim devem ser consideradas as regiões que o programa atende, assim como as demandas do mercado.

Segundo Nass e Paterniani (2000), o pré-melhoramento engloba duas atividades, a primeira, muito relacionada à agregação de valor ao germoplasma, é a identificação de genes e/ou características de interesse em germoplasma exótico; a segunda é a incorporação desses em

germoplasma-elite adaptado. Neste caso, entende-se por genótipos exóticos não somente aqueles provenientes de outros países, mas também os materiais de regiões com diferentes condições ambientais, ou não melhorados. Segundo Nass *et al.* (2007), vários direcionamentos podem ser tomados para desenvolver essas duas atividades, entre eles, formação de coleções nucleares, a síntese de novas populações-base, a identificação de genes potencialmente úteis e de novos padrões heteróticos, melhoramento de acessos do banco de germoplasma *per se* e em cruzamentos.

As coleções núcleo são amostras representativas de uma coleção de germoplasma constituídas visando manter a variabilidade genética com um mínimo de repetitividade. O desenvolvimento de coleções núcleo tem como principal vantagem a maior rapidez na avaliação e agregação de valor ao BAG, e proporciona ainda maior disponibilidade de germoplasma para ensaios de avaliação e para intercâmbio. O desenvolvimento de coleções núcleo segue técnicas de amostragens que possibilitam a manutenção da variabilidade. Para tanto, é necessário considerar a forma de estratificação da coleção, o número de representantes e a forma de seleção de membros para cada estrato (ABADIE *et al.*, 2000a). Diversos BAGs de milho contam com coleções núcleo, entre eles o do CIMMYT, no México, (BÄNZIGER e LONG, 2000) e os do Brasil (ABADIE *et al.*, 2000b).

A coleção nuclear de milho do Brasil foi desenvolvida com base em 2.280 acessos (ABADIE *et al.*, 2000a). A coleção foi classificada, preliminarmente, em quatro estratos: variedades autóctones, compostos derivados de variedades autóctones, materiais melhorados e introduções. A partir desses materiais foi desenvolvida uma coleção núcleo com 300 acessos, ou seja, 13% da coleção. O estrato “compostos derivados de variedades autóctones” não foi representado na

coleção nuclear, pois os compostos foram obtidos a partir das variedades já representadas no primeiro estrato, então, dessa forma, a redundância foi evitada. O número de representantes em cada estrato seguiu a distribuição proporcional. Posteriormente, dentro de cada estrato da coleção núcleo foi feita nova classificação. O estrato variedades autóctones foi dividido em 27 grupos, de acordo com a origem geográfica e o tipo de grão (ABADIE *et al.*, 2000a).

O estrato dos acessos melhorados foi classificado em três grupos: pipoca, não pipoca do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo (CNPMS) e não pipoca obtido por outros programas de melhoramento. Quanto ao estrato dos acessos introduzidos, o agrupamento considerou a origem tropical ou temperada destes materiais exóticos (ABADIE *et al.*, 2000a, 2000b).

As atividades de pré-melhoramento também podem envolver o desenvolvimento de novas populações. Nesse caso, a escolha da metodologia mais adequada para a condução de programas de pré-melhoramento depende do número de genes que controlam a característica, da herdabilidade do caráter, do ambiente de avaliação e da disponibilidade de técnicas ou protocolos, no caso de emprego da biotecnologia. O método do retrocruzamento é indicado quando são considerados caracteres de herança mono ou oligogênica. Quando se trata de caracteres de herança quantitativa é indicada a obtenção de populações por meio do cruzamento com materiais adaptados e seleção massal, seleção recorrente intra ou interpopulacional (NASS *et al.*, 2007).

Algumas considerações devem ser feitas no momento do planejamento de um programa de pré-melhoramento de milho. A estrutura e o objetivo do programa de melhoramento devem ser considerados, pois se o objetivo é o desenvolvimento de variedades, a seleção recorrente intrapopulacional terá maior potencial,

mas se o programa visa o desenvolvimento de híbridos, a seleção recorrente interpopulacional é mais indicada. A classificação das novas populações nos grupos heteróticos explorados pelo programa é uma informação indispensável para obtenção de híbridos ou variedades sintéticas.

3.4. ESTRATÉGIAS PARA MELHORAMENTO APLICADAS A RECURSOS GENÉTICOS DE MILHO

Técnicas de seleção que visem reduzir o tempo de obtenção de cultivares em programas de melhoramento devem ser empregadas para promover economia de tempo e de recursos. Além disso, a agilidade no processo de melhoramento é especialmente importante quando o objetivo é a obtenção de novas cultivares tolerantes a patógenos, uma vez que essas estão sujeitas a terem suas fontes de resistência quebradas em alguns anos.

O uso de marcadores moleculares que auxiliem na recuperação do genótipo do pai recorrente em programas de retrocruzamento é uma das técnicas moleculares de maior potencial de uso rotineiro na seleção assistida (OPENSHAW *et al.*, 1994). O número de gerações de retrocruzamento necessários para recuperação do genótipo do pai recorrente, quando é empregada a seleção assistida por marcadores moleculares, é variável de acordo com o número de cromossomos da espécie, tamanho do genoma em cM, número de marcadores empregados, tamanho da população e a herança do caráter a ser introgridido.

Outra técnica que tem sido utilizada para reduzir o tempo na obtenção de novos genótipos-fonte de milho a partir de germoplasma de interesse é a tecnologia de duplo-haploides (DHs) (CHAIKAM *et al.*, 2019). A tecnologia de DH visa reduzir em um ano e meio (três gerações) a obtenção de linhagens homozigóticas.

O processo de obtenção de linhagens duplo-haploides envolve: i) a indução de

haploidia; ii) a identificação de haploides; iii) duplicação cromossômica nos haploides selecionados; iv) autofecundação das plantas duplo-haploides para estabilização e aumento do número de sementes (CHAIKAM *et al.* 2019). Além da redução do tempo de sete para três gerações em comparação com os métodos tradicionais, a tecnologia de DHs tem como vantagem adicional o aumento da variância entre as diferentes linhagens obtidas, tornando a seleção entre famílias mais eficaz (GUIMARÃES *et al.*, 2018).

O desenvolvimento de novas populações-elite visando o programa de obtenção de híbridos deve considerar a exploração da heterose. Com essa finalidade, a seleção recorrente recíproca é uma metodologia muito empregada, e visa, além de melhorar as populações *per se*, aumentar a resposta heterótica entre duas populações, através da seleção de famílias testadas em cruzamentos entre estas populações, concomitantemente. Em cada população e a cada ciclo, os genótipos de melhor vigor em cruzamentos com genótipos da outra população são selecionados, levando, assim, à obtenção de populações que servirão de base para extração de linhagens com maior potencial heterótico (PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1987).

Outra estratégia passível de uso no programa de melhoramento é a partir das melhores linhagens do programa em cada grupo heterótico, gerar novas fontes de variabilidade, por meio da reciclagem de linhagens já consolidadas com novas linhagens que demonstram desempenho superior nos híbridos em que são testadas, ou seja, os cruzamentos e/ou retrocruzamentos de linhagens-elites consolidadas com novas linhagens-elites, dentro de cada grupo heterótico.

3.5. METODOLOGIAS PARA CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE MILHO – VANTAGENS E LIMITAÇÕES

A comparação entre a conservação *in situ*, melhoramento participativo e pré-melhoramento permite a observação de algumas particularidades. A conservação *in situ* pode ou não estar associada à alteração da frequência alélica por meio da seleção, pois o interesse é manter a população em sua constituição original. O melhoramento participativo difere das demais abordagens pela participação indispensável do agricultor ou usuário final no processo de seleção.

Quanto ao potencial de uso, a conservação *in situ* ou o melhoramento participativo são metodologias que, em comparação ao pré-melhoramento, são direcionadas aos agricultores que usam cultivares antigas ou populações originárias de comunidades tradicionais ou indígenas que, em geral, têm demandas específicas ou cultivam em regiões com condições ambientais distintas. Assim, essas ações, se consideradas individualmente, tendem a atender a um menor número de agricultores. Por outro lado, materiais originários do BAG que passarem pelas etapas de pré-melhoramento e melhoramento tenderão a ter melhor desempenho sobre vários aspectos agronômicos, e, conseqüentemente, terão chances de serem adotados por um número maior de agricultores. Desta forma, essas metodologias oferecem vantagens em relação à ampliação da variabilidade genética das plantas cultivadas, porém de forma diferenciada.

Além da avaliação do germoplasma quanto a caracteres úteis ao melhoramento, o pré-melhoramento visa o desenvolvimento de novas populações que possam ser empregadas em etapas mais avançadas do programa de melhoramento. Dentre esses programas está a quarta etapa do LAMP, o projeto *Germoplasm Enhancement of Maize* (GEM), o projeto desenvolvido pelo Núcleo de Apoio a Projetos em Milho (NAP-Milho) e o programa de pré-melhoramento do CIMMYT.

O LAMP, conforme já comentado anteriormente, teve sua quarta etapa dedicada à avaliação do germoplasma de milho em cruzamentos com testadores empregados nos programas das instituições participantes (SALHUANA *et al.*, 1997). Desta forma, o projeto permitiu o desenvolvimento de populações segregantes e a avaliação de suas capacidades combinatórias com testadores empregados nos programas de melhoramento, sendo possível a classificação dos acessos em grupos heteróticos.

O projeto GEM teve início em 1993 e contou com a participação dos setores públicos e privados e com o suporte da *American Seed Trade Association* (ASTA). O objetivo principal do GEM foi melhorar e ampliar a base genética dos híbridos cultivados pelos agricultores americanos, com foco na produtividade, resistência a doenças e a insetos e valor nutricional. As atividades desenvolvidas pelo projeto GEM consideraram as informações obtidas pelo LAMP e tiveram como ponto de partida o cruzamento de 51 acessos, de melhor desempenho nas avaliações realizadas no LAMP, com as linhagens norte-americanas públicas B73 e Mo17, de padrões heteróticos opostos. As populações obtidas pelos cruzamentos foram retrocruzadas com as linhagens e, a partir dessas populações, com 25% e 50% de germoplasma não melhorado, foram obtidas famílias S₃. Essas famílias foram cruzadas com testadores de grupos heteróticos opostos para a avaliação. As avaliações permitiram a seleção de híbridos de excepcional desempenho, derivados de cruzamentos entre linhagens extraídas dos acessos e testadores.

No projeto GEM também foi realizada a avaliação do valor agregado de grãos, quanto à composição de amido, proteína e óleo, o que permitiu a identificação de acessos, que em cruzamentos apresentaram potencial para atingir ou superar os valores de cultivares comerciais (Tabela 2). Foram obtidas

linhagens que superam os percentuais máximos das faixas de proteína, óleo e amido dos híbridos do *Corn Belt* norte-americano (POLLAK, 2003).

Tabela 2. Composição de grãos de milho em híbridos do *Corn Belt*, populações e grupos de linhagens do projeto GEM. (adaptado de POLLAK, 2003).

Genótipos	Amplitude da composição do grão*		
	Proteína (%)	Óleo (%)	Amido (%)
Híbridos do <i>Corn Belt</i>	9,0 a 11,0	3,0 a 4,0	69,0 a 70,0
Populações do GEM	9,9 a 14,7	3,3 a 5,4	65,5 a 70,5
Grupo de linhagens A	10,4 a 15,1	3,3 a 5,0	64,7 a 70,0
Grupo de linhagens B	9,4 a 14,6	2,7 a 5,8	65,3 a 72,9
Grupo de linhagens C	10,2 a 14,7	2,9 a 5,6	66,1 a 70,6
Porto Rico	14,7	5,6	70,6
Grupo de linhagens C	9,9 a 14,9	3,9 a 5,7	65,3 a 70,2
Hawái	14,9	5,7	70,2

* em percentual da matéria seca

O NAP-Milho, conduzido no Brasil, avaliou mais de 1.200 acessos do BAG e desenvolveu novas populações por meio da formação de compostos com fontes de tolerância aos patógenos enfocados no projeto. Isso torna esse trabalho de pré-melhoramento de milho bastante completo, pois envolveu tanto a etapa de avaliação de germoplasma, quanto o desenvolvimento de novas populações. Desta forma, foram formados cinco compostos de base ampla para resistência a *Puccinia polysora*; *Exserohilum turcicum*; *Physopella zae*; enfezamentos e viroses; e *Phaeosphaeria maydis* (MIRANDA FILHO *et al.*, 2000). A ampla base genética dos compostos obtidos pelo NAP é extremamente favorável, pois possivelmente os genes e alelos responsáveis pela tolerância não têm a mesma origem, o que aumenta a diversidade genética. A formação de compostos permite também a recombinação entre as diversas fontes de tolerância, o que possibilita a obtenção de novas combinações gênicas. Outro fator

vantajoso é que a grande variabilidade dos acessos, quanto aos locais de origem, confere maior margem de adaptação ambiental a esses compostos. Em contraposto às vantagens da formação de compostos de base genética ampla, está a desuniformidade presente nessas populações, o que impede o uso direto em programas de melhoramento, pois esses requerem populações com maior uniformidade genética.

No programa de pré-melhoramento do CIMMYT, os grupos gênicos são divididos de acordo com dois grupos heteróticos (duro e dentado), com a região de cultivo (terras altas, subtropical e tropical), a maturidade (precoce, intermediário e tardio) e com a cor do grão (branco e amarelo), sendo, desta forma, conduzidos 34 conjuntos gênicos distintos. A seleção recorrente recíproca em famílias de meios irmãos e linhas S_1 e S_2 , com seleção entre e dentro de famílias, é empregada para melhorar a capacidade combinatória dos conjuntos gênicos, utilizando-se tanto linhagens testadoras, quanto conjuntos gênicos opostos, no melhoramento interpopulacional. Também é realizado o melhoramento intrapopulacional baseado na seleção de uma espiga por linha com o objetivo de melhorar caracteres de espiga e de planta controlados por genes de efeitos aditivos (TABA *et al.*, 2002).

Na Figura 1, é esquematizada a metodologia utilizada pelo CIMMYT no pré-melhoramento, na qual são atribuídas, a cada acesso, informações sobre raça, adaptação e caracteres de plantas e espigas. Esses dados são submetidos à análise molecular para a formação de clusters por meio de análises multivariadas e é feita a seleção de 20% dos acessos, dentro de cada *cluster*, para a criação de subconjuntos representativos de cada grupo.

Cada subconjunto é avaliado em cruzamentos com testadores para classificação dos acessos em padrões heteróticos. Em cada grupo heterótico, os

materiais são cruzados com linhagens-elite dentro do mesmo grupo para formar populações envolvendo três materiais com, em média, 25% de alelos derivados dos acessos do germoplasma e 75% dos alelos de materiais-elite. É feita a seleção para caracteres de importância agrônômica em linhas S_2 derivadas das populações melhoradas, as quais são cruzadas com testadores de grupos heteróticos opostos e avaliadas em, no mínimo, dois locais para diversos caracteres.

As famílias selecionadas são submetidas ao esquema apresentado na Figura 2, para melhoramento dos conjuntos gênicos. Essas famílias são recombinadas para a obtenção de cerca de 300 a 400 famílias S_0 que são autofecundadas para a obtenção de 600 a 800 famílias S_1 e 300 a 400 S_2 , com emprego de seleção nessas etapas. Então, as famílias S_2 são cruzadas com testadores dos grupos heteróticos opostos e avaliadas quanto a caracteres de importância agrônômica e quanto a produtividade. De um modo geral, são avaliadas cerca de 250 a 350 entradas para a seleção de 100 a 125 famílias S_2 para o próximo ciclo de recombinação (TABA *et al.*, 2007).

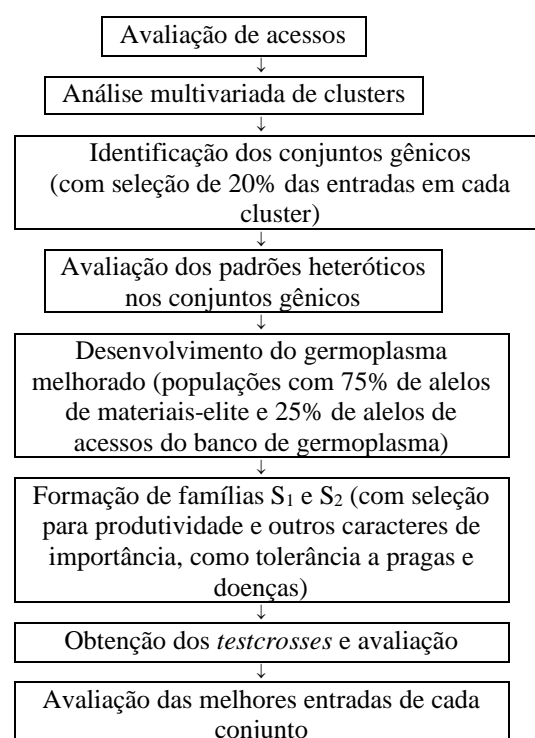


Figura 1. Metodologia de pré-melhoramento empregada no programa do CIMMYT (adaptado de TABA *et al.*, 2007).

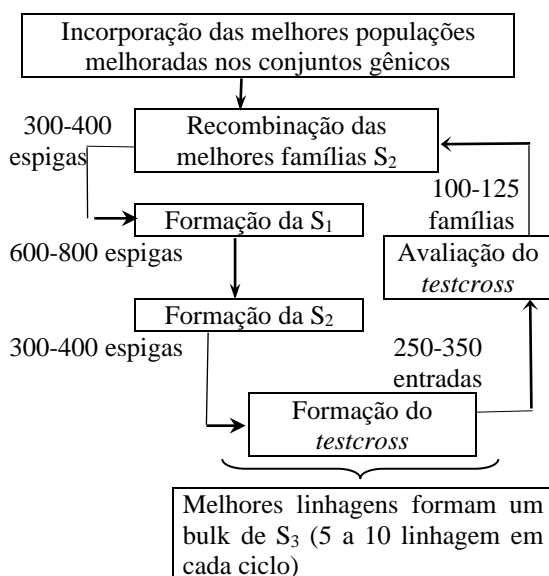


Figura 2. Metodologia de melhoramento de populações dentro de cada conjunto gênico empregada no programa do CIMMYT (Adaptado de TABA *et al.*, 2007).

Pelo fato de o milho ser uma das culturas com maior grau de melhoramento, mais distante fenotipicamente se tornam os genótipos-elites dos materiais do BAG e, conseqüentemente, mais longo torna-se o caminho a ser percorrido para se levar alelos úteis de uma coleção para outra. O número de cultivares de milho já disponibilizadas para cultivo é um indicativo do alto grau de melhoramento da cultura. O Registro Nacional de Cultivares disponibilizado pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (Mapa) conta com mais de 5.800 cultivares de milho registradas em agosto de 2021, entretanto cerca de apenas 200 foram disponibilizadas para cultivo na safra de 2019/2020 (PEREIRA FILHO e BORGHI, 2020). Assim, em razão do alto grau de melhoramento já atingido pelo milho, essas coleções se tornam mais distantes.

O milho pode ser usado também com finalidades específicas, por exemplo, milho-pipoca, milho-doce, minimilho, milho forrageiro, milho verde e milhos

com alta qualidade nutricional. Nesses casos, o melhoramento deve considerar, além dos aspectos agrônômicos, caracteres relacionados à qualidade, exigidos pelos consumidores de cada tipo de milho, e a correlação entre caracteres agrônômicos e de qualidade. Assim, atributos especiais devem ser considerados nos programas de pré-melhoramento que visam desenvolver genótipos para atender a esses nichos de mercado. A oferta de cultivares de milhos especiais no mercado é bem menor. O milho-doce, por exemplo, conta pouco mais de 100 cultivares registradas no Mapa. Algumas variedades de milhos especiais, como o milho-branco, são registradas como milho comum, entretanto, representam um pequeno percentual das cultivares disponibilizadas. No caso do milho-branco, entre cerca de 200 cultivares listadas por Pereira Filho e Borghi (2020) como disponíveis para o cultivo na safra 2019/2020, apenas três são desse tipo. Outros atributos, especialmente dos grãos, são raros ou ausentes entre as cultivares recomendadas para cultivo, entretanto muitas vezes estão presentes em acessos do BAG Milho.

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A preservação de recursos genéticos de milho é fundamental para a segurança alimentar, especialmente em função da imensa área em que o milho é cultivado, sua importância direta para a economia e para as cadeias em que está envolvido e, ainda, por causa da uniformidade genética das cultivares comerciais de milho. Recursos genéticos de milho são mantidos de diversas formas, desde seus parentes silvestres preservados em condições *in situ*, até em coleções-elite do melhoramento, passando por variedades tradicionais preservadas *on farm* e BAGs mantidos em condições *ex situ*. Essas formas de preservação guardam diferenças entre si, assim todas são indispensáveis e complementares entre si, sendo necessária a intensificação do relacionamento entre elas.

As expectativas dos usuários do BAG Milho, quer sejam agricultores ou melhoristas, em relação ao acervo do BAG, devem ser conhecidas para o desenvolvimento de ações de pesquisa em que promovam o uso de acessos do BAG. As demandas do agricultor que visa cultivar milhos tradicionais ou com atributos ausentes nas cultivares comerciais precisam ser levantadas e confrontadas com as informações obtidas a respeito dos BAGs. Da mesma forma isso deve acontecer com os objetivos do melhoramento e as demandas de mercado. Assim, acessos do BAG Milho precisam estar preservados com base nas atividades de preservação do acervo, agregação de valor à coleção e promoção do seu uso por meio da conservação *on farm* ou do melhoramento, pois apenas com o desenvolvimento destas atividades conjuntamente a preservação dos recursos genéticos tange o status de adequado.

A retomada do cultivo de variedades tradicionais cujas sementes vinham sendo preservadas exclusivamente em câmaras frias e secas beneficia não somente o setor agrícola como um todo, mas também favorece a cultura do milho, pois permite que variedades tradicionais voltem a sofrer pressão de seleção em campo possibilitando, dessa forma, a evolução dessas variedades e da cultura.

REFERÊNCIAS

- ABADIE, T.; CORDEIRO, C. M. T.; ANDRADE, R. V.; MAGALHÃES, J. R.; PARENTONI, S. N. A coleção nuclear de milho no Brasil. In: UDRY, C. V.; DUARTE, W. (ed.) **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**. Brasília: Paralelo 15, 2000a. p. 65-174.
- ABADIE, T.; CORDEIRO, C. M. T.; ANDRADE, R. V.; PARENTONI, S. N.; MAGALHÃES, J. R. **A coleção nuclear de milho para o Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2000b. 37 p.
- ALVARADO-BELTRÁN; G.; LÓPEZ-SÁNCHEZ, H.; SANTACRUZ-VARELA, A.; MUÑOZ-OROZCO, A.; VALADEZ-MOCTEZUMA, E.; GUTIÉRREZ-ESPINOSA, M. A.; LÓPEZ, P. A.; GIL-MUÑOZ A.; GUERRERO-RODRÍGUEZ, J. D.; TABOADA-GAYTÁN, O. R. Morphological variability of native maize (*Zea mays* L.) of the west highland of Puebla and east highland of Tlaxcala, Mexico. **Revista FCA Uncuyo**, v. 51, n. 2, p. 217-234, 2019.
- ARAGÓN-CUEVAS, F.; TABA, S.; CASTRO-GARCIA, F. H.; HERNÁNDEZ-CASILLAS, J. M.; CABRERA-TOLEDO, J. M.; ALCALÁ, L. O.; RAMÍREZ, N. D. In situ conservation and use of local maize races in Oaxaca, Mexico: a participatory and decentralized approach. In: WORKSHOP LATIN AMERICAN MAIZE GERMPLASM CONSERVATION: REGENERATION, IN SITU CONSERVATION, CORE SUBSETS, AND PREBREEDING, 2003, Mexico. **Proceedings...** Mexico: CIMMYT, 2005. p. 26-38.
- BÄNZIGER, M.; LONG, J. The potential for increasing the iron and zinc density of maize through plant-breeding. **Food and Nutrition Bulletin**, v. 21, n. 4, p. 397-400, 2000.
- BJØRNSTAD, Å.; TEKLE, S.; GÖRANSSON, M. “Facilitated access” to plant genetic resources: does it work?. **Genet Resources and Crop Evolution**, v. 60, p. 1959-1965, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-013-0029-6>.
- BRIEGER, F. G.; GURGEL, J. T. A.; PATERNIANI, E.; BLUMENSCHIN, A.; ALLEONI, M. R. **Races of maize in Brazil and other eastern south American Countries**. Washington: Nacional

Academy of Sciences, 1958. 283 p. (Publication 593).

BRUGGER, S. O.; GOBET, E.; VAN LEEUWEN, J. F. N.; LEDRU, M. P.; COLOMBAROLI, D.; VAN DER KNAAP, W. O.; LOMBARDO, U.; ESCOBAR-TORREZ, K.; FINSINGER, W.; RODRIGUES, L.; GIESCHE, A.; ZARATE, M.; VEIT, H.; TINNER, W. Long-term man-environment interactions in the Bolivian Amazon: 8000 years of vegetation dynamics. **Quaternary Science Reviews**, v. 132, p. 114-128, 2016. DOI: https://ui.adsabs.harvard.edu/link_gateway/2016QSRv..132..114B/doi:10.1016/j.quascirev.2015.11.001.

BUCKLER, E. S.; STEVENS, N. M. Maize origins, domestication, and selection. In: MOTLEY, T. J.; ZEREGA, N.; CROSS, H. (ed.). **Darwin's harvest**. New York: Columbia University Press, 2005. p. 67-90.

BUSH, M. B.; CORREA-METRIO, A.; MCMICHEL, C. H.; SULLY, S.; SHADIK, C. R.; VALENCIA, B. G.; GUILDERSON, T.; STEINITZ-KANNAN, M.; OVERPECK, J. T. A 6900-year history of landscape modification by humans in lowland Amazonia. **Quaternary Science Reviews**, v. 141, p. 52-64, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2016.03.022>.

CHAIKAM, V.; MOLENAAR, W.; MELCHINGER, A. E.; BODDUPALLI, P. M. Doubled haploid technology for line development in maize: technical advances and prospects. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, p. 3227-3243, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03433-x>.

COSTA, F. M.; SILVA, N. C. A.; OGLIARI, J. B. Maize diversity in southern Brazil: indication of a microcenter of *Zea mays* L. **Genetic**

Resources and Crop Evolution, v. 64, n. 4, p. 681-700, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-016-0391-2>.

DUVICK, D. Biotechnology in the 1930s: the development of hybrid maize. **Nature Reviews Genetics**, v. 2, p. 69-74, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1038/35047587>.

DUVICK, D. N. Genetic diversity in major farm crops on the farm and in reserve. **Economic Botany**, v. 38, p. 161-178, 1984. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF02858829>.

FAO. **International treaty on plant genetic resources for food and agriculture**. Rome, 2009. 56 p.

GROBMAN, A.; BONAVIA, D.; DILLEHAY, T. D.; PIPERNO, D. R.; IRIARTE, J.; HOLST, I. Pre-ceramic maize from Paredones and Huaca Prieta, Peru. **Proceedings of the National Academy Sciences of the United States of America**, v. 109, n. 5, p. 1755-1759, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1120270109>.

GUIMARÃES, L. J. M.; TRINDADE, R. S.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. O. Desenvolvimento de linhagens. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (ed.). **Melhoramento de milho**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2018. p. 102-129.

IBGE. **Levantamento sistemático da produção agrícola**. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9201-levantamento-sistematico-da-producao-agricola.html?=&t=resultados>. Acesso em: 5 jul. 2021.

INTERNATIONAL MAIZE AND WHEAT IMPROVEMENT CENTER. **Descriptors for maize**. Mexico, 1991. 86 p.

- KISTLER, L.; MAEZUMI, S. Y.; SOUZA, J. G.; PRZELOMSKA, N. A. S.; COSTA, F. M.; SMITH, O.; LOISELLE, H.; RAMOS-MADRIGAL, J.; WALES, N.; RIBEIRO, E. R.; MORRISON, R. R.; GRIMALDO, C.; PROUS, A. P.; ARRIAZA, B.; GILBERT, M. T. P.; FREITAS, F. O.; ALLABY, R. G. Multiproxy evidence highlights a complex evolutionary legacy of maize in South America. **Science**, v. 362, n. 6420, p. 1309-1313, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.aav0207>.
- KUHNEN, S.; OGLIARI, J. B.; DIAS, P. F.; BOFFO, E. F.; CORREIA, I.; FERREIRA, A. G.; DELGADILLO, I.; MARASCHIN, M. ATR-FTIR spectroscopy and chemometric analysis applied to discrimination of landrace maize flours produced in southern Brazil. **International Journal of Food Science & Technology**, v. 45, n. 8, p. 1673-1681, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1111/J.1365-2621.2010.02313.X>.
- KUHNEN, S.; LEMOS, P. M. M.; CAMPESTRINI, L. H.; OGLIARI, J. B.; DIAS, P. F.; MARASCHIN, M. Carotenoid and anthocyanin contents of grains of Brazilian maize landraces. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 91, n. 9, p. 1548-1553, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1002/jsfa.4346>.
- LEYVA-MADRIGAL, K. Y.; BÁEZ-ASTORGA, P. A.; NEGRETE-YANKELEVICH, S.; NÚÑEZ-DE LA MORA, A.; AMESCUA-VILLELA, G.; MALDONADO-MENDOZA, I. E. Maize genetic diversity in traditionally cultivated polycultures in an isolated rural community in Mexico: implications for management and sustainability. **Plant Ecology and Diversity**, v. 13, n. 1, p. 15-28, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1080/17550874.2019.1708985>.
- MACHADO, A. T.; FERNANDES, M. S. Participatory maize breeding for low nitrogen tolerance. **Euphytica**, v. 122, p. 567-573, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1023/A:1017543426136>.
- MERRILL, W. L.; HARD, R. J.; MABRY, J. B.; FRITZ, G. J.; ADAMS, J. R.; RONEY, J. R.; MACWILLIANS, A. C. The diffusion of maize to the southwestern United States and its impact. **Proceedings of the National Academy Sciences of the United States of America**, v. 106, n. 50, p. 21019-21026, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0906075106>.
- MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X.; REGITANO NETO, A. **Avaliação de acessos de milho para resistência a doenças foliares**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2000. 147 p. (Embrapa Recursos Genéticos. Circular Técnica, 3).
- MORRIS, M. L.; BELLON, M. R. Participatory plant breeding research: opportunities and challenges for the international crop improvement system. **Euphytica**, v. 136, p. 21-25, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1023/B:EUPH.0000019509.37769.b1>.
- NASS, L. L.; NISHIKAWA, M. A. N.; FÁVERO, A. P.; LOPES, M. A. Pré-melhoramento de germoplasma vegetal. In: NASS, L. L. (ed.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. p. 683-716.
- NASS, L. L.; PATERNIANI, E. Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 3, p. 581-587, 2000. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-90162000000300035>.
- NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES. Committee on Genetic Vulnerability of

Major Crops. **Genetic vulnerability of major crops**. Washington, DC, 1972.

OPENSHAW, S. J.; JARBOE, S. G.; BEAVIS, W. D. Marker assisted selection in backcross breeding. In: LOWER, R. (ed.). **Join plant breeding symposium on analysis of molecular marker data**. Corvallis: Oregon State University, 1994. p. 41-43.

OROZCO-RAMÍREZ, Q.; PERALES, H.; HIJMANS, R. J. Geographical distribution and diversity of maize (*Zea mays* L. subsp. *mays*) races in Mexico. **Genet Resources in Crop Evolution**, v. 64, p. 855-865, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-016-0405-0>.

PARDEY, P. G.; KOO, B.; VAN DUSEN, M. E.; SKOVMAND, B.; TABA, S.; WRIGHT, B. D. CIMMYT Genebank. In: KOO, B.; PARDEY, P. G.; WRIGTH, B. D. (ed.). **Saving seeds: the economics of conserving crop genetic resources ex situ in future havest centres of the CGIAR**. Cambridge: CABI Publishing, 2004. p. 21-47.

PARENTONI, S. N.; MAGALHÃES, J. V.; PACHECO, C. A. P.; SANTOS, M. X.; ABADIE, T.; GAMA, E. E. G.; GUIMARÃES, P. E. O.; MEIRELLES, W. F.; LOPES, M. A.; VASCONCELOS, M. J. V.; PAIVA, E. Heterotic groups based on yield-specific combining ability data and phylogenetic relationship by RAPD markers for 28 tropical maize open pollinated varieties. **Euphytica**, v. 121, p. 197-208, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1023/A%3A1012221129762>.

PATERNIANI, E.; GOODMAN, M. M. **Races of maize in Brazil and adjacent areas**. Mexico: CIMMYT, 1977. 95 p.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (ed.).

Melhoramento e produção de milho. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 217-274.

PATERNIANI, E.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil. In: UDRY, C. V.; DUARTE, W. **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**. Brasília, DF: Parelelo 15, 2000. p. 11-41.

PEREIRA FILHO, I. A.; BORGHI, E. **Sementes de milho do Brasil: a dominância dos transgênicos**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2018. 31 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 223).

PIPERNO, D. R.; RANERE, A. J.; HOLST, I.; IRIARTE, J.; DICKAU, R. Starch grain and phytolith evidence for early ninth millennium B.P. maize from the Central Balsas River Valley, Mexico. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 106, n. 13, p. 5019-5024, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0812525106>.

PIPERNO, K. H.; CLARY, R. G.; COOKE, A. J.; RANERE, D. Weiland, Pre-ceramic maize in central Panama: phytolith and pollen evidence. **American Anthropologist**, v. 87, n. 4, p. 871-878, 1985. DOI: <http://dx.doi.org/10.1525/aa.1985.87.4.02a00090>.

POLLAK, L. M. The history and success of public-private project on germplasm enhancement of maize (GEM). **Advances in Agronomy**, v. 78, p. 45-87, 2003. DOI: [http://dx.doi.org/10.1016/S0065-2113\(02\)78002-4](http://dx.doi.org/10.1016/S0065-2113(02)78002-4).

REIF, J. C.; FISCHER, S.; SCHRAG, T. A.; LAMKEY, K. R.; KLEIN, D.; DHILLON, B. S.; UTZ, H. F.; MELCHINGER, A. E. Broadening the genetic base of European maize heterotic pools with US Cornbelt germplasm using

field and molecular marker data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 120, p. 301-310, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1055-9>.

REIF, J. C.; HALLAUER, A. R.; MELCHINGER, A. E. Heterosis and heterotic patterns in maize. **Maydica**, v. 5, p. 215-223, 2005.

SALHUANA, W.; SEVILLA, R.; EBERHART, S. A. **Latina American Maize Project**: final report. Hohnson: Pioneer Hi-Bred Int., 1997. 147 p.

SANTOS, M. X.; GAMA, E. E. G.; PACHECO, C. A. P.; CARVALHO, H. W. L.; POLLAK, L. M. Heterotic responses of tropical elite maize accessions from Latin America with two Brazilian testers. **Scientia Agricola**, v. 58, n.4, p. 767-775, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-90162001000400019>.

SILVA, N. C. A.; COSTA, F. M.; VIDAL, R.; VEASEY, E. A. **Milhos das terras baixas da América do Sul e conservação da agrobiodiversidade no Brasil e no Uruguai**. Ponta Grossa: Atena Editora, 2020. v. 1. 261p.

SOUZA, R. de; OGLIARI, J. B.; SELEDES, R. M.; OLIVEIRA, W. B. dos S.; PINTO, T. T. Identification of alleles for sweet phenotype in local corn varieties in southern Brazil. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 4, e46510414310, 2021. DOI: <https://doi.org/10.33448/rsd-v10i4.14310>.

SOUZA, R.; OGLIARI, J. B.; PINTO, T. T. Analysis of on farm conservation of sweet corn in a diversity microcenter of *Zea mays* L. in Southern. **Maydica**, v. 65, n. 1, 2020.

TABA, S.; KRAKOWSKY, M.; KIRUBI, D.; RIVAS, M.; RODRÍGUEZ, M.; RAMÍREZ, M.; CHÁVEZ, V. **Maize**

Genetic Resources Annual Report 2002. México: CIMMYT, 2002. 147 p.

TABA, S.; KRAKOWSKY, M.; RIVAS, M.; RODRIGUEZ, M.; DIAZ, J. **CIMMYT's Maize prebreeding program**. México: CIMMYT, 2007.

TABA, S.; SHANDS, H. L.; EBERHART, S. A. The growth of CIMMYT's maize collection with the introduction of Latin American Maize Landraces Accessions through the cooperative regeneration project. In: WORKSHOP LATIN AMERICAN MAIZE GERMPASM CONSERVATION: REGENERATION, IN SITU CONSERVATION, CORE SUBSETS, AND PREBREEDING, 2003, Mexico. **Proceedings...** Mexico: CIMMYT, 2005. p. 1-8.

TEIXEIRA, F. F.; ARAÚJO, G. dos R.; SILVA, T. R. da; COELHO, R. S. **Diversidade genética entre acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Milho com grãos brancos do tipo dentado**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2019a. 67 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 233).

TEIXEIRA, F. F.; COSTA, F. M. **Caracterização de recursos genéticos de milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2010. 10 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Comunicado Técnico, 185).

TEIXEIRA, F. F.; COSTA, F. M.; SABATO, E. O.; LEITE, C. E. P.; MEIRELLES, W. F.; GUIMARÃES, C. T.; BELICUAS, S. N. J. Pré-melhoramento de milho quanto à resistência a enfezamentos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 1, p. 51-58, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013000100007>.

TEIXEIRA, F. F.; GOMIDE, R. L.; ALBUQUERQUE, P. E. P. de; ANDRADE, C. de L. T. de; LEITE, C. E. P.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. de O.; GUIMARÃES, L. J. M.; SILVA,

- A. R.; BASTOS, E. A.; CARDOSO, M. J. Evaluation of maize core collection for drought tolerance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 312-320, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1984-70332010000400005>.
- TEIXEIRA, F. F.; GUIMARÃES, C. T.; PINTO, M. de O.; PEREIRA FILHO, I. A.; COELHO, R. S.; ARAÚJO, G. dos R.; PONTELLO, I. de O. **Catálogo de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Milho com grãos do tipo doce**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2019b. 66 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 241).
- TEIXEIRA, F. F.; GUIMARÃES, L. J. M.; GUIMARÃES, P. E. O.; PACHECO, C. A. P.; PARENTONI, S. N.; SILVA, A.R. Prémelhoramento de milho. In: LOPES, M. A.; FÁVERO, A. P.; FERREIRA, M. A. J. F.; FALEIRO, F. G.; FOLLE, S. M.; GUIMARÃES, E. P. (ed.). **Prémelhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2011. p. 571-614.
- TEIXEIRA, F. F.; JESUS, L. N. de; BUENO, F. C. **Diversidade genética entre acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Milho com grãos brancos dos tipos duro, semiduro e semidentado**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2020. 79 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 252).
- TEIXEIRA, F. F.; JESUS, L. N. de; BUENO, F. C.; OLIVEIRA JÚNIOR, A. H. de. **Diversidade genética entre acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Milho com Qualidade Proteica Melhorada (QPM)**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2021a. 34 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 260).
- TEIXEIRA, F. F.; LANDAU, E. C.; BUENO, F. C.; JESUS, L. N. de; OLIVEIRA JÚNIOR, A. H. de. **Diversidade genética entre acessos do Banco de Germoplasma de Milho de origem indígena**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2021b. 133 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 259).
- TEIXEIRA, F. F.; PORTUGAL, A. F.; OLIVEIRA, M. S.; SILVA, D. D. da; GUIMARÃES, L. J. M.; GUIMARÃES, P. E. de O.; PARENTONI, S. N. Prémelhoramento de milho para resistência à mancha-branca e à ferrugem-polissora. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 16, n. 2, p. 273-286, 2017. DOI: <https://doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v16n2p273-286>.
- TEIXEIRA, F. F.; VASCONCELLOS, J. H.; ANDRADE, R. V.; SANTOS, M. X.; NETTO, D. A. M.; NOVOTNY, E. H.; MONTEIRO, M. A. R. Desempenho de variedades de milho quanto a qualidade da palha para artesanato. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 6, n. 1, p. 84-94, 2007. DOI: <http://dx.doi.org/10.18512/1980-6477/rbms.v6n1p84-94>.
- TEIXEIRA, F. F.; SOUZA, B. O.; ANDRADE, R. V.; PADILHA, L. **Boas práticas na manutenção de germoplasma de variedades crioulas de milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2005. 8 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Comunicado Técnico, 113).
- UNITED STATES. Department of Agriculture. **Crops production data, by states, 1866-1997**. Washington, DC, 2000.
- UARROTA, V. G.; SCHMIDT, E. C.; BOUZON, Z. L.; MARASCHIN, M. Histochemical analysis and protein content of maize landraces (*Zea mays* L.). **Journal of Agronomy**, v. 10, n. 3, p. 92-98, 2011. DOI: <https://dx.doi.org/10.3923/ja.2011.92.98>.

