

ISRAEL LEITE DE SOUZA NETO

**ANÁLISE DIALÉLICA E DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA DOS
CARACTERES AGRONÔMICOS E DA QUALIDADE DA FORRAGEM
EM MILHO (*Zea mays* L.)**

**MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
FEVEREIRO – 2011**

ISRAEL LEITE DE SOUZA NETO

**ANÁLISE DIALÉLICA E DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA DOS
CARACTERES AGRONÔMICOS E DA QUALIDADE DA FORRAGEM
EM MILHO (*Zea mays* L.)**

Dissertação apresentada à
Universidade Estadual de Maringá,
como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Agronomia para obtenção do título
de Mestre.

**MARINGÁ
PARANÁ – BRASIL
FEVEREIRO – 2011**

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)

S729a

Souza Neto, Israel Leite de.

Análise dialéctica e depressão por endogamia dos caracteres agronômicos e da qualidade da forragem em milho (*Zea mays L.*) / *Israel Leite de Souza Neto.*-- Maringá, 2011.
77 f.

Orientador : Prof. Dr. Ronald José Barth Pinto.
Dissertação (mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual de Maringá. Programa de Pós-graduação em Agronomia, 2011.

1. Milho forrageiro – Melhoramento genético. 2. Dialelo. 3. Melhoramento genético. I. Título

CDD 22. ed. 633.255

NBR/CIP-12899 AACR2

A Deus, incondicionalmente, por todas as conquistas e labutas na vida, por tudo que
tenho e que sou.

Aos meus pais Roberval Araujo de Souza e Dolores Zarantonelo de Souza, pela
união de nossa família, pelos bons princípios que me ensinaram, pelos esforços
financeiros e pelo amor infinito.

In memoriam de Ronaldo de Souza Pescador.

Aos amigos e toda a família.

AGRADECIMENTOS

A Universidade Estadual de Maringá, Programa de Pós-Graduação e Fazenda Experimental de Iguatemi por viabilizarem a realização deste projeto, além de me darem a oportunidade de chegar a mais esta titulação.

Aos Professores do Programa de Pós-graduação em Agronomia da Universidade Estadual de Maringá - PGA/UEM.

Ao Prof. Dr. Ronald José Barth Pinto, pela orientação e conselhos.

Ao Prof. Dr. Clóves Cabreira Jobim pela co-orientação.

Ao Prof. Dr. Carlos Alberto Scapim pelo apoio e companheirismo.

Aos nobres amigos Lucas Souto Bignotto, Gilberto Barbosa Sandoval Jr, Marcos de Araujo Rodovalho, Rafael Recanello Barretto, Fernando Sabadin dos Santos e Michele Simili da Silva.

Ao meu primo Ronaldo de Souza Pescador pelos conselhos e influência.

A todos os funcionários da Fazenda Experimental de Iguatemi da Universidade Estadual de Maringá - FEI/UEM.

Ao CNPq pelo auxílio financeiro.

A todos aqueles que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

A todos, muito obrigado!

BIOGRAFIA

Israel Leite de Souza Neto, filho de Roberval Araujo de Souza e Dolores Zarantonelo de Souza, nascido em Sertanópolis, Paraná, aos 8 dias do mês de agosto de 1985.

Em março de 2004, iniciou o Curso de Agronomia na Universidade Estadual de Maringá, Estado do Paraná, graduou-se em Agronomia no ano de 2008.

Em março de 2009, iniciou o curso de Pós-Graduação em nível de Mestrado, área de concentração em Produção Vegetal, na Universidade Estadual de Maringá, sobre orientação do professor Ronald José Barth Pinto.

SUMÁRIO

LISTA DE QUADROS	vii
RESUMO.....	xi
ABSTRACT	xii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DA LITERATURA	4
2.1 Milho forrageiro	4
2.2 Escolha da variedade	6
2.3 Análise dialélica.....	9
2.4 Depressão por endogamia	13
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	17
3.1 Material genético	17
3.1.1 Identificação dos genitores.....	17
3.2 Métodos.....	17
3.2.1 Cruzamentos dialélicos	17
3.2.2 Condução dos experimentos.....	18
3.2.3 Caracteres avaliados.....	19
3.2.3.1 Altura de planta (AP) e altura de espiga (AE).....	19
3.2.3.2 Porcentagem de folha, colmo, espiga e <i>stay green</i>	20
3.2.3.3 Rendimento de grãos	20
3.2.3.4 Massa verde e matéria seca	20
3.2.3.5 Análise bromatológica	21
3.2.3.6 Depressão por endogamia	22
3.2.4 Análise de variância	22
3.2.5 Análise dialélica.....	24
3.2.5.1 Análise dialélica de Griffing (1956).....	24

3.2.5.2	Análise dialélica de Gardner e Eberhart (1966).....	26
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	28
4.1	Análise de Variância.....	28
4.2	Dialelo de Griffing (1956).....	33
4.2.1	Análise de variância dialélica	33
4.2.2	Estudo dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_j)	42
4.2.3	Estudo dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij})	46
4.3	Dialelo de Gardner e Eberhart (1966)	52
4.3.1	Estimativas do efeito de variedade (\hat{v}_j)	59
4.3.2	Estimativas da heterose de variedades (\hat{h}_j)	63
4.4	Depressão endogâmica.....	65
	CONCLUSÕES	71
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	72

LISTAS DE QUADROS

Quadro 1 – Avaliação de três parâmetros nutricionais de milho para a produção de silagem.....	5
Quadro 2 – Perdas de energia na silagem de milho e de sorgo, considerando a matéria seca (MS) ₁	5
Quadro 3 – Descrição dos híbridos utilizados para a realização dos cruzamentos.....	17
Quadro 4 – Distribuição dos graus de liberdade da análise de variância.....	23
Quadro 5 – Esquema de análise de variância dialélica, método 2, envolvendo genitores e F ₁ , segundo Griffing (1956).....	25
Quadro 6 – Definição das fontes de variação para GL, SQ, QM e teste F, para a análise conjunta de Griffing (1956).....	25
Quadro 7 – Esquema da análise de variância dialélica individual, segundo a metodologia de Gardner e Eberhart (1966).....	27
Quadro 8 – Esquema da análise de variância dialélica conjunta, segundo a metodologia de Gardner e Eberhart (1966).....	27
Quadro 9 – Análise de variância individual dos caracteres massa verde, matéria seca, rendimento de grãos e <i>stay green</i>	30
Quadro 10 – Análise de variância individual dos caracteres porcentagem de folha, de espiga, de colmo; altura de planta (AP) e altura de espiga (AE).....	31
Quadro 11 – Análise de variância para os caracteres: proteína, FDN ₁ , FDA ₂ , lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).....	32
Quadro 12 – Análise de variância conjunta para os caracteres: massa verde (MV), matéria seca (MS), rendimento de grãos (RG), <i>stay green</i> (SG), porcentagem de espiga, porcentagem de colmo, porcentagem de folha, altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)	33
Quadro 13 – Análise de variância conjunta para os caracteres massa verde (MV), matéria seca (MS), rendimento de grãos (RG) e <i>stay green</i> , pelo Método 2 de Griffing (1956)	36
Quadro 14 – Análise de variância conjunta para os caracteres porcentagem de folha, de espiga, de colmo; altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), pelo Método 2 de Griffing (1956)	40

Quadro 15 – Análise de variância dialélica individual segundo o método 2 de Griffing (1956) com os quadrados médios dos seguintes caracteres: proteína (%), fibra em detergente neutro FDN (%), fibra em detergente ácido FDA (%), lignina (%), matéria mineral MM%) e matéria orgânica (MO%).....	41
Quadro 16 – Estimativa dos efeitos de $jg\hat{g}$ para os caracteres: massa verde (MV), rendimento de grãos (RG) e <i>stay green</i> (SG).....	42
Quadro 17 – Estimativa dos efeitos de $jg\hat{g}$ para os caracteres: matéria seca (MS), porcentagem de folha e porcentagem de colmo	44
Quadro 18 – Estimativa dos efeitos de $jg\hat{g}$ para altura de planta (AP) e altura de espiga (AE).....	45
Quadro 19 – Estimativa dos efeitos de $jg\hat{g}$ para os caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO)	46
Quadro 20 – Estimativa dos efeitos de $ij\hat{s}$ para os caracteres: rendimento de grãos (RG), <i>stay green</i> (SG), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e porcentagem de espiga, em cruzamentos envolvendo os parentais: Impacto (1), Cargo (2), P30B39 (3), P30P34 (4), P30R50 (5), CD 304 (6), CD 308 (7), 2B710 (8) e DKB 390 (9)	48
Quadro 21 – Estimativa dos efeitos de $ij\hat{s}$ para os caracteres: massa verde (MV), matéria seca (MS) e porcentagem de folha, em cruzamentos envolvendo os parentais: Impacto (1), Cargo (2), P30B39 (3), P30P34 (4), P30R50 (5), CD 304 (6), CD 308 (7), 2B710 (8) e DKB 390 (9).....	49
Quadro 22. Estimativa dos efeitos de $ij\hat{s}$ para os caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO), em cruzamentos envolvendo os parentais: Impacto (1), Cargo (2), P30B39 (3), P30P34 (4), P30R50 (5), CD 304 (6), CD 308 (7), 2B710 (8) e DKB 390 (9).....	51
Quadro 23 – Análise de variância conjunta para os caracteres: massa verde (MV), matéria seca (MS), rendimento de grãos (RG) e <i>stay green</i> , segundo a metodologia de Gardner e Eberhart (1966)	55
Quadro 24 – Análise de variância conjunta para os caracteres porcentagem de folha, de espiga, de colmo; altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), segundo a metodologia de Gardner e Eberhart 1966).....	58

Quadro 25 – Análise de variância dialélica de Gardner e Eberhart (1966) com os quadrados médios dos seguintes caracteres: proteína (%), fibra em detergente neutro FDN (%), fibra em detergente ácido FDA (%), lignina (%), matéria mineral (MM %) e matéria orgânica (MO%)	59
Quadro 26 – Estimativa dos efeitos de variedade para os caracteres: massa verde (MV), rendimento de grãos (RG), <i>stay green</i> (SG), porcentagem de espiga e altura de planta (AP).	59
Quadro 27 – Estimativa dos efeitos de variedade para os caracteres: matéria seca (MS), porcentagem de folha e porcentagem de colmo.....	60
Quadro 28 – Estimativa dos efeitos de variedade para os caracteres: altura de planta (AP) e altura de espiga (AE).	60
Quadro 29 – Estimativa dos efeitos de variedade para os caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).....	62
Quadro 30 – Estimativa dos efeitos de heterose varietal para os caracteres: porcentagem de folha, altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e <i>stay green</i> (SG).....	63
Quadro 31 – Estimativa dos efeitos de heterose varietal para os caracteres: matéria seca (MS) e rendimento de grãos (RG).....	64
Quadro 32 – Estimativa dos efeitos de heterose varietal para os caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).....	65
Quadro 33 – Análise de variância conjunta dos genitores e de suas gerações S ₁ para os caracteres: massa verde (MV), matéria seca (MS), rendimento de grãos (RG), <i>stay green</i> (SG), porcentagem de espiga, porcentagem de colmo, porcentagem de folha, altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)	66
Quadro 34 – Análise de variância dos genitores e de suas gerações S ₁ para os caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).....	66
Quadro 35 – Depressão por endogamia em porcentagem dos caracteres: massa verde (MV), rendimento de grãos (RG), <i>stay green</i> (SG) e altura de espiga (AE)	67

Quadro 36 – Depressão por endogamia para as porcentagens de espiga, de colmo e de folha	68
Quadro 37 – Depressão por endogamia em porcentagem dos caracteres: matéria seca (MS) e altura de planta (AP).....	69
Quadro 38 – Depressão por endogamia em porcentagem dos caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).....	70

RESUMO

SOUZA NETO, Israel Leite de, M. Sc., Universidade Estadual de Maringá, fevereiro de 2011. **Análise dialélica e depressão por endogamia dos caracteres agrônômicos e da qualidade da forragem em milho (*Zea mays* L.)**. Professor Orientador: Ronald José Barth Pinto. Professor Co-orientador: Clóves Cabreira Jobim.

O milho é cada vez mais recomendado para uso em ensilagem, no Brasil, devido às suas características qualitativas e quantitativas, além da boa aceitação por bovinos, bubalinos, caprinos e ovinos, produção de leite e ganhos de massa satisfatória em animais de corte. Para uma produção adequada de silagem, é fundamental a recomendação de cultivares com melhor qualidade e potencial produtivo. Desta forma, a proposta desse estudo foi avaliar a capacidade geral e específica de combinação, heterose, efeitos varietais e depressão por endogamia de caracteres agrônômicos e de qualidade da forragem, a fim de identificar híbridos comerciais de milho que possam originar populações e/ou linhagens potenciais para a produção de forragem, os quais servirão como base para um programa de melhoramento de milho forrageiro. Os 36 híbridos resultantes de um dialelo completo 9 x 9, com os 9 genitores (1:Impacto, 2:Cargo, 3:P30B39, 4:P30P34, 5:P30R50, 6:CD304, 7:CD308, 8:2B710, 9:DKB390) sem os recíprocos, mais 9 gerações S₁ e 2 testemunhas, foram avaliados sob um delineamento de blocos completos com tratamentos ao acaso, com três repetições, na safra de verão 2009/2010 e 2010/2011. Foram aferidas quinze características: massa verde, matéria seca, rendimento de grãos, altura de planta, altura de espiga, porcentagem de folha, porcentagem de espiga, porcentagem de colmo, *stay green* (aferido nos dois ensaios) e proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral e matéria orgânica (aferidas no primeiro ensaio). Os dados coletados foram submetidos à análise de variância, e posteriormente realizou-se a análise dialélica por meio das metodologias propostas por Griffing (1956) e Gardner e Eberhart (1966). As informações obtidas permitiram recomendar os genitores DKB390, Impacto e CD304 para o melhoramento intrapopulacional e/ou para serem utilizados em um programa de seleção recorrente. As combinações híbridas 2B710 x DKB390, CD304 x DKB390 e Impacto x P30P34 podem ser utilizados em programas de melhoramento interpopulacional e/ou para a extração de linhagens. Foi detectada uma alta depressão endogâmica para rendimento de grãos, indicando que genes não aditivos contribuíram para a herança do caráter. Assim, para a produtividade, são recomendáveis estratégias de melhoramento interpopulacional acompanhadas da extração de linhagens.

Palavras-chave: milho forrageiro, dialelo, melhoramento genético.

ABSTRACT

SOUZA NETO, Israel Leite de, M. Sc., Maringá State University, February, 2011. **Diallel analysis and inbreeding depression in agronomic and forage quality traits of maize (*Zea mays* L.)**. Adviser: Ronald José Barth Pinto. Consultant: Clóves Cabreira Jobim.

Maize is increasingly being recommended for ensiling in Brazil, due to its qualitative and quantitative characteristics, besides the acceptance of bovine, bubalines, goats and sheeps, milk production and weight gain in meat production. The recommendation of better cultivars with quality and productive potential is very important for an appropriate silage production. Thus, the purpose of this study was to evaluate the general and specific combining ability, heterosis, varietal effects and inbreeding depression of agronomic traits and forage quality in order to identify commercial maize hybrids useful to originate superior populations and inbred lines with high potential for forage production, that will serve as the basis for the breeding program of maize. The 36 hybrids from a full diallel 9 x 9, with the 9 genotypes (1:Impacto, 2:Cargo, 3:P30B39, 4:P30P34, 5:P30R50, 6:CD304, 7:CD308, 8:2B710, 9:DKB390) without the reciprocals, more 9 S₁ generations and two checks were evaluated in a complete randomized block design with three replications during 2009/2010 and 2010/2011 growing seasons. Fifteen characteristics was measured and evaluated: fresh weight, dry matter, grain yield, height of plant, height of ear, leaf percent, ear percent, stem percent, stay green (on both trial) and crude protein (CP), neutral detergent fiber (NDF), acid detergent fiber (ADF), lignin, mineral weight and organic weight (on the first trial). The analysis of variance were applied on the experimental data. After that, diallel analysis according to the Griffing's (1956) and Gardner and Eberhart (1966) methodologies were performed. Results indicate a high potential of genotypes DKB390, Impacto and CD304 for using in intrapopulation breeding programs and also to be used in recurrent selection. Hybrids 2B710 x DKB390, CD304 x DKB390 and Impacto x P30P34 can be used in interpopulation breeding programs and also for obtaining elite inbred lines. The high levels of inbreeding depression observed for grain yield lead us to indicate interpopulational breeding strategies and synthesis of new elite inbred lines for increasing yield.

Keywords: forage mayze, diallel, breeding program.

1 INTRODUÇÃO

Em consequência do efeito da sazonalidade em algumas regiões, como, por exemplo, na região sul do país, gera-se um desequilíbrio na produção de forragens. Além disso, a qualidade da forragem é muito ruim, devido ao avanço na maturação das plantas, o seu valor nutritivo diminui. Deste modo, há demanda de alimento volumoso com finalidade de suplementar os animais na entressafra e/ou em períodos de estiagem. Isto resulta em melhor desempenho dos animais diminuindo os gastos com concentrados. Para suprir esse período de déficit, a ensilagem do material produzido no verão apresenta-se como uma alternativa cada vez mais adotada pelos produtores de carne e, principalmente, de leite, para terem a disponibilidade de volumoso de alta qualidade durante o ano todo (MEDEIROS, 2000).

O milho é tradicionalmente o material mais utilizado para ensilagem. As plantas são cultivadas com este propósito em grandes áreas ao redor do mundo (MCDONALD et al., 1991). No Brasil, a silagem vem sendo utilizada para a suplementação na estação seca e também como o principal volumoso disponibilizado durante todo o ano para animais criados em sistemas intensivos (CORREA, 2001; GOMES et al., 2004; OLIVEIRA et al., 2004).

Segundo a Conab (2011), a área semeada com a cultura do milho, no Brasil, na safra 2010/2011, é de aproximadamente 13 milhões de hectares, para uma produção de 52 milhões de toneladas. A região Sul compreende cerca de quatro milhões de hectares e mais de 19 milhões de toneladas. O Paraná é o Estado de maior produção, com 11 milhões de toneladas obtidas a partir de dois milhões de hectares.

O milho é cada vez mais recomendado entre as várias espécies que se prestam à produção de silagem como a cultura de maior expressão no Brasil (OLIVEIRA et al., 2004). Isto é devido às suas características de alto rendimento de massa verde por hectare, alta qualidade, relativa facilidade de fermentação no silo, além da boa aceitação por parte dos bovinos e ganhos de peso satisfatório em confinamento (GOMES et al., 2002).

Estima-se que a área semeada com milho no Brasil, visando à produção de silagem, é em torno de 1,4 milhões de hectares (OLIVEIRA et al., 2007). No entanto, nem sempre se tem obtido rendimentos satisfatórios, em

função da escassez de cultivares específicas para essa finalidade.

As diversas variedades de milho disponíveis no mercado apresentam características diferenciadas de adaptação ao ambiente e possuem qualidade variável quando são utilizadas na forma de silagem.

Para Gomes et al., (2002), os híbridos disponíveis no mercado apresentam forte interação com os ambientes. Existe a necessidade de avaliação destes híbridos em diversos locais, dos quais representam as principais áreas de produção de milho para silagem.

Destaca-se, portanto, que a recomendação de híbridos de milho para silagem ainda é uma incógnita aos pesquisadores e pecuaristas, pois, para alguns agricultores, ainda prevalece a opinião de que as melhores cultivares de milho para silagem são aquelas que apresentam maior produtividade de matéria seca.

Segundo Gomes (2003), historicamente, o primeiro objetivo do melhoramento do milho para a silagem foi a produção de biomassa. Posteriormente, quando a qualidade da silagem passou a ser uma característica de interesse, a seleção foi realizada priorizando-se, também, a maior porcentagem de grãos na matéria seca.

Para Silva (1997 apud GOMES, 2003), isto se deve ao grande número de trabalhos desenvolvidos até a década de setenta, demonstrando que os grãos de milho são mais digestíveis do que as folhas e a haste da planta. O aumento da proporção de grãos na silagem aumentaria a qualidade da forragem. Entretanto, Coors et al., (1994) mostraram que nem sempre as melhores cultivares para a produção de grãos são as de melhor digestibilidade da planta inteira.

A variabilidade encontrada nas diversas cultivares de milho disponível é enorme, que permite ao melhorista a oportunidade de explorar este potencial genético. No início de um programa de melhoramento de milho, é comum a utilização de híbridos comerciais, quer para a obtenção direta de linhagens, quer para a obtenção de novas populações. Para auxiliar na escolha de genótipos promissores com base nos conceitos de capacidade geral e específica de combinação, os cruzamentos dialélicos são bastante utilizados. Em face da crescente demanda por cultivares de milho que reúnam as características requeridas para produção de silagem, faz-se necessária a

obtenção de informações sobre o controle genético de caracteres de importância para esta finalidade.

A proposta desse estudo é avaliar a capacidade geral e específica de combinação, heterose, efeitos varietais e depressão por endogamia de caracteres agronômicos e da qualidade da forragem, a fim de identificar híbridos comerciais de milho que possam originar populações e/ou linhagens potenciais para a produção de forragem que servirão como base para o programa de melhoramento de milho forrageiro.

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 Milho forrageiro

O empenho das empresas detentoras de tecnologia para lançar novas variedades híbridas geralmente está voltado para a síntese de materiais capazes de abranger a maior demanda de uma vasta região, geralmente, com a finalidade de produção de grãos. Tais variedades são recomendadas para grandes regiões com o intuito de diluir os gastos despendidos no decorrer do programa de melhoramento vegetal, pois sete a dez anos são requeridos para que se obtenha uma variedade pronta para ser lançada no mercado.

Dessa forma, verifica-se que o investimento das empresas para a obtenção de variedades voltadas especificamente para a alimentação animal é escasso, principalmente no caso de variedades para uma região específica. Na maioria das vezes, cabe ao agricultor e/ou pecuarista utilizar aquelas variedades que são indicadas para a produção de grãos como fonte de alimento para seu rebanho, que pode não ser uma escolha muito adequada para alcançar seus objetivos.

Este e vários outros aspectos contribuem para a falta de informação no desenvolvimento e na escolha da variedade adequada. Esta dificuldade também é acentuada pelo fato de o agricultor ou pecuarista utilizar o milho na forma de silagem, implicando em mais um processo a ser realizado, do qual demanda a avaliação do alimento não só quanto a sua produtividade, mas também quanto a sua qualidade nutricional após o processo de ensilagem.

De acordo com Cruz et al., (2001), tem-se o conhecimento que existe grande correlação entre o valor nutricional de uma cultura de milho e sua silagem. Dessa forma, avaliando-se a planta fresca, indiretamente estima-se a qualidade da futura silagem. Atualmente, a melhor maneira para estimar o valor nutritivo é por meio da digestibilidade da planta inteira. O valor nutritivo de uma forrageira é função da composição química, de sua digestibilidade e do consumo animal. A eficiência na produção animal, que utiliza material fresco ou conservado, não depende só do conteúdo de nutrientes digestíveis do alimento, mas também do consumo destes pelos animais. S

Segundo Almeida Filho (1996 apud CRUZ et al., 2001), a silagem,

corretamente preparada, pode ter 80% do valor alimentício que existia no material verde original. Nussio (1992 apud CRUZ et al., 2001) trabalharam com oito cultivares de milho e verificou que a análise da planta antes da ensilagem não diferiu significativamente do material ensilado (Quadro 1).

Quadro 1 – Avaliação de três parâmetros nutricionais de milho para a produção de silagem¹

Cultivar	DIVMS (%) ²		FDN (% na MS) ³		Material mineral (% na MS)	
	Planta inteira	Silagem	Planta inteira	Silagem	Planta inteira	Silagem
Ag 106	70,86	67,21	41,64	46,03	3,27	4,37
Ag 405	72,25	65,15	45,46	47,36	4,13	4,01
Ag 6601	68,55	71,05	44,80	45,54	3,49	3,94
B 670	64,51	68,18	49,61	45,17	4,94	4,78
C 511	68,61	71,05	48,56	46,60	4,84	4,58
P 3072	72,45	73,27	40,00	37,79	4,40	5,24
P 6875	64,16	71,54	45,58	37,05	5,54	6,64

1 - Adaptado de Nussio (1992 apud Cruz et al., 2001)

2 - DIVMS = digestibilidade *in vitro* da matéria seca

3 - FDN = Fibra em meio à detergente neutro

Durante o processo de ensilagem, podem ocorrer perdas, que podem ser evitáveis ou inevitáveis pelo produtor. Cabe ao mesmo executar todas as etapas da ensilagem a fim de minimizá-las (Quadro 2).

Quadro 2 – Perdas de energia na silagem de milho e de sorgo, considerando a matéria seca (MS)¹

Processo	Tipos de perdas	Perdas (%MS)	Agentes causais
Respiração	Inevitável	1 a 2	Reações da planta
Fermentação	Inevitável	2 a 4	Microrganismos
Fermentações secundárias e efluentes	Evitável	0 a 7	Teor de MS da planta e ambiente no silo
Deterioração aeróbica (armazenamento)	Evitável	0 a 10	Teor de MS da planta, tamanho da partícula, compactação, tempo para enchimento, vedação e tipo de silo
Deterioração aeróbia (descarregamento)	Evitável	0 a 15	Teor de MS da planta, densidade, técnica de descarregamento e época do ano
Perdas totais		7 a 30	

1 - Fonte: Mulback (1994 apud Lanes e Silveira Neta, [200-?]).

De acordo com o Quadro 2, verifica-se novamente que o valor nutritivo de uma cultura de milho e sua silagem são bem semelhantes, pois, entre as causas de perdas de energia na silagem, apenas duas, correspondendo no máximo 6% de perda, são inevitáveis pelo produtor, que é o principal responsável pela manutenção da qualidade do material ensilado.

Assim, a variedade que apresentar boas características para forragem na forma de planta inteira pode, também, ser recomendada para a ensilagem. Cabe ao melhorista saber e reconhecer quais são as características necessárias para buscar no germoplasma existente os materiais que servirão como fonte de genes para desenvolver variedades com essa finalidade.

2.2 Escolha da variedade

A escolha de variedades de milho com a finalidade de produção de silagem é geralmente feita com base em características agronômicas, como boa arquitetura foliar, manutenção das folhas e colmos verdes no final do ciclo (*stay green*), alta produtividade de grãos, alta produção de matéria seca por hectare, alta relação grãos/massa seca, resistência à pragas e doenças, adaptação às condições edafoclimáticas, resistência ao acamamento e quebraimento do colmo e ciclo vegetativo compatível com o manejo de corte da planta para ensilar (PECK, 1998).

Essa escolha deve ter como princípio básico a obtenção de uma produção de matéria seca de boa qualidade, a qual pode depender da participação da espiga e dos grãos na matéria seca total da planta e da produtividade de grãos (NUSSIO, 1997).

No Brasil, as variedades de milho destinadas à silagem eram, no passado, geralmente as que apresentassem porte alto com grande potencial de produção de massa. Levantamentos realizados em regiões de São Paulo e Minas Gerais mostraram que, além da baixa produtividade, as silagens produzidas apresentavam qualidade aquém da desejada (PIZARRO, 1978 apud CRUZ et al., 2001).

Conforme Valente (1991), a proporção de grãos na massa a ser ensilada está positivamente relacionada com a qualidade da silagem de milho. Logo, as variedades que apresentarem maior produtividade de grãos serão

mais adaptadas para a produção de silagem, sem perder de vista a produtividade de biomassa total.

Keplin (1992 apud NUSSIO, 1992), considerou como planta ideal de milho para ensilagem aquela que apresentar 16% de folhas, 20 a 23% de colmo e 64 a 65% de espigas. Existe uma faixa de percentagem de matéria seca ideal tanto para o consumo como para a produção e conservação da silagem. No caso do milho, essa faixa fica entre 28 e 35% de MS (Pionner, 1993). Segundo Silveira (1975), o teor de matéria seca regula o crescimento de bactérias e deve estar entre 30 e 35%.

Outro fator importante que deve ser levado em consideração na escolha da variedade é seu ciclo vegetativo, pois variedades mais precoces tendem a ter um porte menor, e conseqüentemente, uma porcentagem maior de grãos na matéria seca; ao passo que variedades de ciclo mais tardio tendem a produzir mais matéria seca e, por conseqüência, a participação dos grãos na matéria seca é menor, diminuindo a digestibilidade e qualidade nutricional da forragem. Porém, em relação a este aspecto, segundo boletim técnico da Embrapa (Embrapa, 1997), nem sempre a produção de grãos de uma cultivar lhe confere as melhores qualidades para ser utilizada como silagem e sim a qualidade do grão e da fração fibrosa da planta (caule, folhas, sabugo e palhas). O percentual de cada uma dessas partes na planta irá determinar o valor nutritivo do material ensilado.

Ainda conforme a Embrapa (1997), atualmente, a melhor maneira para se avaliar o valor nutritivo seria por meio da digestibilidade da planta inteira, uma vez que, teoricamente, uma amostra do material combina o percentual e a qualidade das diferentes partes da planta.

No Brasil avaliam-se não somente a produção de massa verde e massa seca, mas também a qualidade da forragem. Dentre as análises de maior importância, destacam-se a proteína bruta, fibra bruta, fibra detergente em ácido (FDA), fibra detergente em meio neutro (FDN), resíduo mineral, nutrientes digestíveis totais (NDT) e a matéria seca.

A fibra é quimicamente um agregado de compostos e sua composição química depende da fonte e da forma como foi medida (MERTENS, 1992 apud ROCHA et al., [200-?]). A fibra pode ser definida nutricionalmente como a fração do alimento parcialmente digerível, e que ocupa lugar no trato

gastrintestinal do animal.

Nutricionalmente, a fibra é importante por conter a parte orgânica da matéria alimentar mais resistente às ações digestivas do trato gastrintestinal (RODRIGUES, 1998 apud ROCHA et al., [200-?]). Segundo Weiss (1980 apud ROCHA et al., [200-?]), a fibra pode ser definida, em termos abstratos, como sendo o componente estrutural das plantas (parede celular), a fração menos digestível dos alimentos, a fração do alimento que não é digerida por enzimas de mamíferos ou a fração do alimento que promove a saúde do rúmen.

A fibra desempenha importante função no controle do consumo voluntário e, conseqüentemente, na ingestão de nutrientes (Allen, 2000 apud ROCHA et al., [200-?]), além de estimular um ambiente ruminal favorável ao desenvolvimento dos microrganismos responsáveis pela digestão de carboidratos fibrosos (NUSSIO et al., 2006 apud ROCHA et al., [200-?]).

Caso a silagem possua muita fibra, a passagem pelo trato digestível é lenta, ocasionando baixa digestão e absorção dos alimentos (Cruz et al., 2001). Contudo, se a silagem possuir pouca fibra, a passagem pelo trato digestivo é rápida, provocando fermentações indesejáveis, alterando o metabolismo do animal (PIONEER, 1993).

Há cerca de 30 anos, os nutricionistas passaram a analisar a fibra não mais pelo método da fibra bruta (FB); que consiste de celulose com poucas quantidades de lignina e hemicelulose, e sim a utilizar os métodos de fibra em detergente ácido (FDA) e fibra em detergente neutro (FDN) para expressar a concentração de fibras e para o balanceamento de rações para ruminantes (LIMA, 2003 apud ROCHA et al., [200-?]).

A FDN indica a quantidade total de fibra dentro do volumoso, que, por sua vez, se relaciona com o consumo. Assim, quanto menor o teor de FDN, maior o consumo de matéria seca (CRUZ et al., 2001).

De acordo com Cruz et al., (2001), os níveis de FDN variam de acordo com a espécie vegetal e o estágio vegetativo. Normalmente, os níveis de FDN nas leguminosas são mais baixos do que nas gramíneas. Dentro da mesma espécie vegetal, as plantas mais novas apresentam níveis de FDN mais baixos, que é facilmente detectado com o maior consumo pelos animais.

Os teores de FDN nas silagens de milho podem variar bastante, porém é considerado um bom nível ao redor de 50%. Atualmente, com base em

pesquisas, estabeleceu-se, por exemplo, que o consumo total de FDN, nas vacas em lactação, deve ficar em 1,2% do seu peso vivo, em que 75% devem ser oriundos dos volumosos (silagem) (PIONEER, 1993).

O teor de FDA indica a digestibilidade da silagem, o qual contém a maior proporção de lignina, fração de fibra não digestível (CRUZ et al., 2001). A FDA é indicadora do valor energético da silagem: quanto menor a FDA, maior o valor energético. Na média, um bom nível de FDA na silagem de milho fica ao redor de 30% (PIONEER, 1993).

É importante conhecer o nível protéico da forragem ou silagem de milho, que normalmente varia de 6 a 9%, com média entre 7 a 7,5% (PIONEER, 1993).

De acordo com o texto, pode-se verificar que vários fatores estão envolvidos na obtenção de uma cultivar adequada para produção e confecção de silagem. Dificilmente, todas essas características serão encontradas em uma única cultivar. Neste caso, aconselha-se optar por aquelas que apresentem alta produtividade de massa e boa percentagem de grãos, assegurando um processo de fermentação melhor e garantindo ingestão voluntária compatível com o elevado desempenho animal esperado (CRUZ et al., 2001).

2.3 Análise Dialélica

Nem sempre um material promissor para determinada finalidade irá transferir, com sucesso, seus alelos favoráveis para a característica as suas progênes. Os cruzamentos dialélicos têm como objetivo aferir a capacidade de transferência de alelos. Com esta ferramenta, é possível identificar os genitores e cruzamentos promissores para o desenvolvimento de novas cultivares. De modo mais teórico, segundo Cruz et al., (2004), as metodologias de análise dialélica têm por finalidade analisar o delineamento genético definido e prover estimativas de parâmetros genéticos úteis na seleção de genitores para hibridação e no entendimento da natureza e magnitude dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres.

Existem várias metodologias de análise dialélica. A metodologia proposta por Griffing (1956), visa avaliar a capacidade combinatória de um

grupo de genitores e, quando for o caso, estudar os efeitos recíprocos. A metodologia proposta por Gardner e Eberhart (1966) visa avaliar o potencial de variedades *per se* e em combinações híbridas, por meio de estimativas de efeitos varietais e da heterose manifestada no híbrido. Por último, a análise dialélica proposta por Hayman (1954 apud CRUZ et al., 2004) permite avaliar o potencial de linhagens endogâmicas e estimar parâmetros genéticos úteis no entendimento do controle genético de caracteres e na avaliação da eficácia do emprego de estratégias de melhoramento. Em relação ao material genético avaliado, esta metodologia informa sobre a concentração de alelos favoráveis dominantes e recessivos. Quanto ao caráter estudado, tem-se informação sobre o número de genes e o grau médio de dominância, entre outros. No que se refere à seleção, têm-se informações sobre os limites teóricos, fundamentais para se avaliar a potencialidade da população, para fins de melhoramento (CRUZ et al., 2004).

Griffing (1956) definiu cruzamentos dialélicos como o conjunto de n^2 possíveis genótipos obtidos a partir de n linhas puras. Nas n^2 combinações, estariam contidas: a) as próprias linhas puras; b) os $n(n-1)/2$ híbridos F_1 ; e c) um conjunto de $n(n-1)/2$ híbridos F_1 recíprocos. Uma tabela dialélica é formada pelas n^2 médias obtidas dos cruzamentos dialélicos ou de gerações mais avançadas. Esse mesmo autor considerou quatro tipos de tabelas dialélicas. A tabela completa inclui os parentais, híbridos e recíprocos e as outras três derivaram desta pela supressão de alguns de seus elementos, como por exemplo, os parentais ou seus recíprocos.

Conforme a metodologia proposta por Griffing (1956), os genótipos distribuídos em uma tabela dialélica permitem a classificação de quatro métodos experimentais, descritos a seguir:

Método 1: são incluídos os parentais, o grupo de híbridos F_1 e seus recíprocos (todas as p^2 combinações);

Método 2: são incluídos os parentais e o grupo de híbridos F_1 ; $p(p-1)/2$ combinações;

Método 3: são incluídos o grupo de híbridos F_1 e seus recíprocos; $p(p-1)$ combinações;

Método 4: é incluído apenas o grupo de híbridos F_1 ; $p(p-1)/2$ combinações.

Com base nessas metodologias, o comportamento dos genótipos é expresso na forma de capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, diferenciadas de acordo com o modo de ação gênica envolvida no controle dos diversos caracteres estudados (CRUZ; REGAZZI, 1994). De acordo com Sprague e Tatum (1942), o termo CGC é utilizado para definir o comportamento médio de um genitor em uma série de combinações híbridas. A CGC reflete o valor genético aditivo do genitor, ou seja, reflete a porção de seu genótipo capaz de ser transferida aos seus descendentes, não importando qual seja o outro genitor que participe do cruzamento.

Se os valores estimados de CGC forem altos, positivos ou negativos, há indício de que o genótipo em questão é muito superior ou inferior aos demais genótipos do dialelo com relação ao desempenho médio dos cruzamentos. Esses valores são indicações de que os genes têm efeitos predominantemente aditivos. Assim, nos programas de melhoramento que visam a exploração de híbridos e seleção de genótipos superiores, é mais indicada a seleção de linhagens com elevada CGC.

Segundo Sprague e Tatum (1942) a CEC é aplicável a certas combinações híbridas que são relativamente superiores ou inferiores ao esperado com base na CGC dos genitores envolvidos no cruzamento. A CEC reflete o efeito de interação entre os alelos procedentes de cada parental (ação gênica de dominância) e o efeito das interações entre os alelos de diferentes locos envolvidos na transmissão do caráter (ação gênica de epistasia). Tais efeitos genéticos não aditivos não podem ser previstos com base na CGC, ou seja, antes de ser realizado o cruzamento.

Os híbridos que apresentarem maior CEC são aqueles em que os genes responsáveis por determinado caráter estão se complementando com o cruzamento. Por outro lado, aqueles híbridos que apresentarem baixa CEC são aqueles em que seus genitores não transmitiram alelos favoráveis para a expressão do caráter e cuja complementação desses genes não foi eficiente e, aqueles que apresentarem CEC próximo de zero ou nula, são aqueles em que os resultados encontrados corresponderam ao esperado pela CGC de seus genitores.

As estimativas de \hat{s}_{ij} evidenciam a importância dos genes com efeitos não-aditivos, enfatizando a importância de interações não-aditivas, resultantes da complementação gênica entre os genitores. Neste tipo de análise, a escolha dos melhores híbridos deve ser feita com base nas maiores capacidades específicas de combinação, onde um dos genitores envolvidos no cruzamento apresente a maior capacidade geral de combinação. Esse híbrido, portanto, deve ser resultado do cruzamento entre o genitor selecionado com base na CGC e aquele cuja frequência de alelos favoráveis é superior à frequência média da população e que apresente considerável divergência em relação ao genitor com o qual está sendo cruzado (CRUZ; VENCOVSKY, 1989).

A metodologia de Gardner e Eberhart (1966) se baseia no estudo da heterose, que é a superação da geração híbrida em relação a média de seus parentais. Deste modo, os parentais que apresentarem mais alelos favoráveis para a expressão de um caráter será aquele que determinará uma maior heterose em suas progênes. Portanto, esta metodologia inclui os efeitos aditivos e dominantes, desprezando-se os efeitos epistáticos. A determinação do modelo mais adequado é, portanto, em função da estrutura genética dos genitores e não do controle genético do caráter estudado (VENCOVSKY, 1970).

A interpretação dos resultados obtidos na análise de variância permite determinar qual dos quatro modelos é o mais adequado para a ocasião, do qual fornecerá informações importantes a respeito da estrutura gênica dos genitores incluídos no dialelo.

A estrutura genética de um grupo de genitores, em nível dos genes com dominância, com significância das heteroses de variedade e específica, dependerá de: a) do valor da frequência gênica média do genitor (i), da dispersão ou variâncias das suas frequências gênicas ou de ambos os fatores; e b) dependerá do valor das frequências médias dos genitores (i e j), do valor de complementação entre as frequências gênicas destes genitores, ou de ambos. Portanto, a heterose tem papel importante na capacidade geral de combinação dos genitores envolvidos. Será significativa se pelo menos alguns dos genitores diferirem suficientemente, entre si, quanto às frequências gênicas médias ou ao grau de dispersão destas frequências (AGUIAR, 2002).

A heterose de variedades representa os desvios em relação à heterose média. Quando a estimativa é negativa, indica que existe pouca diversidade da variedade em questão, com relação ao total de variedades estudadas; já, quando esta estimativa for positiva, indica maior divergência genética em comparação ao total de variedades analisadas, atuando no sentido de aumentar a média do caráter, quando cruzadas.

Chaves (2009), trabalhando com gerações F1 e F2 de dez híbridos comerciais em esquema de dialelo completo sem recíprocos, método 4 de Griffing (1956), verificou que há ausência de variabilidade genética para produtividade de matéria verde e seca na geração F1 e maior importância dos efeitos aditivos para essas características na geração F2, e para as características nutricionais houve predominância dos efeitos de variância não aditiva nas duas gerações. O trabalho demonstrou o potencial do germoplasma comercial para a seleção de genitores de milho forrageiro por meio de populações obtidas de gerações avançadas na obtenção de híbridos superiores e maior importância dos efeitos não aditivos para as características nutritivas.

Devido a crescente demanda por variedades de milho que reúnam as características requeridas para produção de silagem de qualidade, faz-se necessária a obtenção de informações quanto ao controle genético de caracteres de importância. Para isso, inicialmente, deve-se identificar, entre híbridos comerciais disponíveis, as melhores combinações e os melhores genitores para a síntese de novas populações, base para o programa de melhoramento.

2.4 Depressão por endogamia

Ao longo de um programa de melhoramento genético de espécies alógamas, são necessárias informações a respeito do efeito de eventuais danos provocados pelo cruzamento de indivíduos aparentados. Esse efeito, denominado depressão por endogamia, caracteriza-se pela redução no valor médio de caracteres quantitativos, relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica da planta, devido à homozigose de alelos deletérios (FALCONER, 1989).

Por meio da genética quantitativa, a depressão por endogamia pode ser quantificada pela redução na média, que ocorre devido aos efeitos genéticos não aditivos. O incremento dos homozigotos ou o decréscimo na frequência dos genótipos heterozigóticos leva à endogamia, obtendo-se seu máximo com a autofecundação (MIRANDA FILHO, 1999). Uma maneira prática para se estimar a depressão por endogamia pode ser visualizada por meio da seguinte expressão:

$$D = [(\bar{F}_1 - \bar{S}_1) / \bar{F}_1] * 100$$

em que:

D = depressão por endogamia;

\bar{F}_1 = média do híbrido comercial;

\bar{S}_1 = média da população S_1 do híbrido comercial.

A redução na média da população é maior nas primeiras gerações de endocruzamentos, já que, nas gerações mais avançadas, os incrementos nas frequências de homozigotos inferiores tendem a ser proporcionalmente menores. É devido a isso que, na prática, a depressão endogâmica não costuma ser avaliada ao longo de todas as gerações, e sim apenas na primeira (PINTO, 2009).

Segundo Allard (1960) e Falconer (1989), a teoria da dominância parcial preconiza que a existência de dominância entre alelos faz com que ocorram diferenças entre os valores fenotípicos de indivíduos homozigotos e heterozigotos. Assim, a depressão causada pela endogamia é proporcional ao grau de dominância, sendo maior para os locos com frequências intermediárias. Deste modo, uma vez que os caracteres quantitativos estão sob controle de muitos locos, a redução no valor fenotípico do caráter dependerá, também, do grau médio de dominância que o controla.

De acordo com Falconer (1989), os maiores níveis de depressão por endogamia são esperados em populações com elevada frequência de heterozigotos em locos com dominância gênica no caso dos híbridos simples, e em populações que apresentem acentuada carga genética, como no caso de populações não melhoradas. De um modo geral, os híbridos apresentam maior depressão por endogamia se comparados a outras classes genéticas. Entretanto, segundo estimativas apresentadas por Vencovsky et al., (1988), as

variedades de polinização-aberta e populações não melhoradas podem apresentar tanta depressão por endogamia quanto os híbridos. Ressalva-se que, para variedades melhoradas, os autores verificaram estimativas ligeiramente mais baixas.

Good e Hallauer (1977), comparando a depressão por endogamia em milho por meio da avaliação de famílias endogâmicas, famílias de irmãos germanos e da combinação entre os dois métodos, constataram que a razão linear da depressão para as variáveis alturas de plantas, altura de espigas e produtividade de grãos foi maior sob autofecundação quando comparada aos cruzamentos entre irmãos germanos. A redução na produtividade de grãos ficou em torno de 4.600 kg.ha⁻¹ e detectou-se também um incremento de 5,2 dias para o caráter florescimento entre as gerações S₀ e S₇.

Lima et al., (1984), estudando os efeitos de depressão por endogamia em 32 populações brasileiras de milho, verificaram as amplitudes dos valores compreendidas entre 27 a 57,9% para rendimento de grãos, 7,5 a 20,3% para altura de plantas e 6,9 a 27,4% para altura de espigas. Foi observado também que as populações derivadas a partir de híbridos exibiram menor depressão (-34%) do que a população não submetida à seleção.

Araújo e Gerage (2002) trabalharam com nove híbridos comerciais de milho e quatro populações a fim de estimar a depressão por endogamia. Os genótipos foram semeados em esquema que possibilitasse obter os 78 híbridos para posterior avaliação em esquema dialélico completo juntamente com as diferentes gerações S₁ obtidos a partir dos treze genótipos. Para rendimento de grãos, foram observados valores de depressão por endogamia de 20% a 66% entre os híbridos e de 42% a 62% entre as populações. Os autores concluíram que as populações apresentaram tendência de valores relativamente altos de endogamia devido, em parte, à pouca seleção realizada nestes genótipos.

Hallauer e Sears (1973), avaliando a depressão por endogamia e seus efeitos sobre as características agrônômicas durante sete gerações de autofecundação da população *Iowa Stiff Stalk Synthetic* (BSSS); relataram que, para cada 1% de aumento na homozigose em milho, se pode esperar, em média, um decréscimo de 0,48cm na altura de plantas, um decréscimo de 0,30cm na altura da espiga e uma redução de 44,9kg.ha⁻¹ na produtividade. Observaram ainda que as diferenças na taxa de depressão por endogamia

entre variedades foram decorrentes da diferença na frequência alélica, nível de dominância e efeito da amostragem.

Scapim et al., (1998) trabalharam com híbridos e suas gerações avançadas (F_2 e F_3) de sorgo forrageiro em duas épocas de plantio. Além das variáveis de campo, avaliaram-se também a qualidade da forragem (FDN, FDA, lignina, hemicelulose, carboidratos estruturais e proteína). Os autores concluíram que não houve, em geral, depressão endogâmica, com exceção da alteração do rendimento de grãos, na geração F_2 do híbrido BR 602, no plantio normal, inviabilizando a utilização comercial das sementes F_2 .

De maneira geral, constata-se que os níveis de depressão por endogamia variam entre as populações de mesma espécie devido às diferenças nas frequências alélicas, aos níveis de dominância existentes entre os diferentes caracteres, e ao grau de parentesco entre os indivíduos da população. Logo, as populações menos sensíveis à depressão por endogamia podem ser selecionadas como fonte potencial para a extração de linhagens. Já as populações com alta taxa de depressão endogâmica devem ser direcionadas aos programas de seleção recorrente, de modo a reduzir a frequência dos alelos deletérios. Deve-se mencionar que a depressão por endogamia também varia dentro das populações, isto é, os genótipos de uma população apresentam diferentes valores fenotípicos médios sob endogamia (GARBUGLIO, 2007).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

3.1.1 Identificação dos genitores

Os genitores utilizados nos cruzamentos dialélicos são híbridos comerciais de milho de diferentes empresas, participantes das últimas avaliações de variedades de milho para silagem na região Sul do Brasil (Oliveira, 2004; Embrapa, 2005; Mittelman et al., 2005) e outros com bom desempenho para produção de grãos na região, a saber: Impacto, Cargo, P30B39, P30P34, P30R50, CD304, CD308, 2B710 e DKB390. Suas características serão descritas no Quadro 3.

Quadro 3 – Descrição dos híbridos utilizados para a realização dos cruzamentos.

Cultivar	Tipo	Ciclo	Época de semeadura	Uso	Cor do grão	Textura do grão	Empresa
Impacto	HS	P	C/N/T/S	G/SPI	AL	duro	Syngenta
Cargo	HD	P	C/N/T/S	G/SPI	AL	duro	Syngenta
P30B39	HS	P	N	G/SPI	AL	semiduro	DuPont
P30P34	HT	P	N	G/SPI	AL	semiduro	DuPont
P30R50	HS	P	N	Grãos	AL	semiduro	DuPont
CD 304	HT	SP	N/S	G/SGU	AL	duro	COODETEC
CD 308	HD	P	N/S	G/SPI	AL	semiduro	COODETEC
2B710	HS	P	C/N/T/S	Grãos	AM/AL	semiduro	Dow Agrosiences
DKB 390	HS	P	C/N/T/S	Grãos	AM/AL	semiduro	Dekalb

Tipo: HD - Híbrido duplo; HT - Híbrido triplo; HS - Híbrido simples.

Ciclo: SP - superprecoce; P - Precoce.

Graus Dias/dias: valores sem especificação se referem a graus dias em °C

Época de Semeadura: C - Cedo; N - Normal; T - Tarde; S – Safrinha

Uso: G - Grãos; SPI - Silagem da planta inteira; SGU - Silagem de grãos úmidos.

Cor do Grão: AL - Alaranjado; AM - Amarela.

Fonte: José Carlos Cruz e Israel Alexandre Pereira Filho (Embrapa Milho e Sorgo).

3.2 Métodos

3.2.1 Cruzamentos dialélicos

Os cruzamentos foram realizados na safrinha do ano de 2009, por volta de 60 dias após a semeadura, de acordo com o ciclo de cada genitor. A

semeadura foi realizada no dia 02/03/2009. Essas atividades ocorreram na Fazenda Experimental de Iguatemi - FEI, localizada numa latitude de 23° 25' S; 51° 57' O, a 550 metros de altitude, em solo classificado como Latossolo Vermelho Distrófico.

Foram inter cruzados 9 híbridos comerciais de milho, utilizados como genitores de um esquema dialélico, segundo o método 2 proposto por Griffing (1956), obtendo-se, para avaliação, as 36 combinações híbridas F1.

Para compor o campo de cruzamentos, os 9 híbridos comerciais foram semeados aos pares, em todas as combinações possíveis, em parcelas de duas linhas de 10m, em três épocas, com intervalos de 8 dias para garantir a coincidência do florescimento dos híbridos. Também foram semeadas duas linhas de cada genitor para a realização das autofecundações. Os cruzamentos direcionados foram realizados conforme descrito por Borém (1999). As espigas dos cruzamentos foram colhidas e debulhadas e as sementes selecionadas e identificadas.

3.2.2 Condução dos experimentos

A condução dos experimentos de campo ocorreu na FEI – Fazenda Experimental de Iguatemi na safra de 2009/2010 e 2010/2011. As semeaduras foram realizadas na primeira quinzena de outubro.

O trabalho foi executado no período de 24 meses. As análises laboratoriais foram realizadas no Laboratório de Alimentação e Nutrição do Departamento de Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá.

Avaliaram-se 56 genótipos [36 combinações híbridas, 9 genitores *per se*, 9 gerações S₁ e mais duas testemunhas adicionais, os híbridos simples AG5011 (Monsanto) e P30F53 (Pioneer)]. Os milhos foram semeados em sistema de plantio direto, segundo o delineamento em blocos completos com tratamentos ao acaso com três repetições. As parcelas foram constituídas de 4 linhas de 5m, espaçadas de 0,9 m e com densidade de 60.000 plantas.ha⁻¹ após o desbaste.

Com exceção da produtividade de grãos (PG), avaliada nas duas fileiras externas de cada parcela, todos os outros caracteres foram aferidos nas duas fileiras centrais da parcela, deste modo, em uma das linhas centrais

colheram-se cinco plantas competitivas para se determinar o *stay green*, a porcentagem de folhas, porcentagem de colmo e porcentagem de espiga. Na outra linha central, colheram-se cinco plantas competitivas para a avaliação das demais características e obtenção das amostras que foram utilizadas para as análises bromatológicas.

Os caracteres referentes às qualidades agronômicas, como: massa verde; matéria seca; rendimento de grãos; *stay green*; porcentagem de folha, espiga e colmo; altura de planta e de espiga; foram avaliados nos dois ensaios realizados. Ao passo que os caracteres referentes à qualidade da forragem, como: proteína, fibra em detergente neutro e ácido, lignina, matéria mineral e matéria orgânica, foram avaliados apenas no primeiro ensaio.

No momento da semeadura, foram aplicados 350 kg.ha⁻¹ da fórmula 4-14-8 (N, P₂O₅, K₂O) + zinco. A adubação nitrogenada em cobertura foi realizada em duas etapas, a primeira realizou-se quando as plantas de milho apresentavam entre quatro e cinco folhas completamente desenvolvidas, utilizando 80 kg.ha⁻¹ de nitrogênio na forma de uréia, e a segunda, quando as plantas de milho apresentavam entre oito e nove folhas completamente desenvolvidas, utilizando-se 150 kg.ha⁻¹ de sulfato de amônio.

O controle das plantas daninhas foi efetuado com a aplicação de Atrazina, com a adição de 0,5% de óleo mineral na dose de 1500 g i.a. ha⁻¹ aos 20 dias e Paraquat na entrelinha na dose de 200 g i.a. ha⁻¹ aos 45 dias após a semeadura.

3.2.3 Caracteres avaliados

3.2.3.1 Altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)

Para aferir a altura de planta e de espiga, fez-se o uso de uma régua de madeira e tomou-se uma amostra de 10 plantas por parcela. Cada planta foi aferida do nível do solo até a inserção da folha bandeira (para altura de planta) e do nível do solo até a inserção da espiga superior do colmo.

3.2.3.2 Porcentagem de folha, colmo, espiga e *stay green*

Para a avaliação destes caracteres, colheram-se cinco plantas competitivas de uma das linhas centrais a 20cm do solo, com o uso de facão no estádio reprodutivo de grão pastoso a farináceo, ponto denominado de meia linha de leite (FANCELLI; DOURADO NETO, 2000). Com a porcentagem de matéria seca entre 30 a 40%. Primeiramente, fez-se a contagem de folhas senescentes para a determinação do *stay green*. Posteriormente, foram separadas as partes das plantas (folhas, espigas e colmo mais pendão) fazendo-se a pesagem de cada uma. Com as massas das diferentes partes das plantas foi possível determinar a porcentagem de cada uma por regra de três.

3.2.3.3 Rendimento de grãos

Para a determinação do rendimento de grãos, colheram-se as duas linhas externas da parcela realizando-se, posteriormente, a debulha e a aferição da umidade.

Os dados referentes ao rendimento de grãos foram corrigidos para t.ha⁻¹ com umidade de 13,00% base úmida, utilizando-se a fórmula:

$$RG = (PG * K) * [(100 - UM) / (100 - UD)]$$

em que:

RG = rendimento de grãos em t.ha⁻¹;

PG = massa dos grãos da parcela em toneladas;

K = constante definida por: 10.000m² divididos pela área útil da parcela (9m²);

UM = umidade de colheita;

UD = umidade desejada para correção (13,00%).

3.2.3.4 Massa verde e matéria seca

Primeiramente, contou-se o número total de plantas nas duas linhas centrais da parcela para posterior determinação da produção de massa verde

total. Posteriormente, fez-se o corte de cinco plantas competitivas da linha central adjacente à linha utilizada para a determinação da porcentagem de folha, porcentagem de espiga, porcentagem de colmo e *stay green*. O corte foi realizado a 20cm do solo, com o uso de facão, no estádio reprodutivo de grão pastoso a farináceo, ponto denominado de meia linha de leite (FANCELLI; DOURADO NETO, 2000), com a porcentagem de matéria seca entre 30 a 40%.

A picagem do material colhido foi realizada em uma máquina ensiladeira modelo JF9.Z10. Posteriormente, pesou-se a massa picada e determinou-se a massa verde total, em t.ha⁻¹, conforme a fórmula abaixo:

$$MV = [MV5 * (EP / 5)] * 10.000 / AU$$

em que:

MV = massa verde total em t.ha⁻¹;

MV5 = massa verde das cinco plantas colhidas na parcela;

EP = estande da parcela;

AU = área útil da parcela (9m²).

Para determinar a matéria seca, coletou-se uma amostra homogênea e representativa da massa verde picada. A amostra foi pesada e pré-secada em estufa de ar forçado a 55°C. Após 72 horas de secagem em estufa, a mesma amostra foi pesada novamente para determinação do teor de matéria seca (MS), conforme AOAC (1984). A amostra foi retirada da estufa, sendo sequencialmente moída em moinho tipo Willey com peneira de malha de 1 mm. Na amostra pré-seca; determinou-se a matéria seca total em estufa a 105 °C.

A análise bromatológica das amostras foi realizada no Laboratório de Alimentação e Nutrição do Departamento de Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá.

3.2.3.5 Análise bromatológica

Para a avaliação da qualidade da forragem, determinou-se o teor de nitrogênio total pelo método micro Kjeldahl. Os valores obtidos foram posteriormente multiplicados pelo fator 6,25 para a quantificação de proteína bruta (PB), segundo AOAC (1984). O teor de fibra em detergente neutro foi

determinado segundo metodologia descrita por Van Soest et al., (1991). O teor de fibra em detergente ácido foi determinado segundo Goering e Van Soest (1970). O teor de lignina foi determinado utilizando-se o método LDA, segundo Van Soest (1963). A matéria mineral foi determinada por incineração a 550 °C, e a matéria orgânica, através da diferença entre a amostra antes e após a incineração, expressa em porcentagem.

3.2.3.6 Depressão por endogamia

A depressão por endogamia na primeira geração de autofecundação dos genitores utilizados no dialelo foi quantificada de acordo com a equação abaixo:

$$D = [(F_1 - S_1) / F_1] * 100$$

em que:

D = depressão por endogamia;

F_1 = média do híbrido comercial;

S_1 = média da população S_1 do híbrido comercial.

Fez-se a análise de variância com os tratamentos relacionados (nove genitores mais nove gerações S_1) a fim de identificar a significância entre os tratamentos e, também com o intuito de obter o quadrado médio do resíduo, utilizado posteriormente para a aplicação de um t-teste de Student.

O teste de Student foi realizado de forma similar à utilizada por Zhang et al. (2005), em nível de 5 % de significância. Foram aplicados os contrastes dos genitores com as suas respectivas gerações S_1 para verificar a significância dos efeitos da depressão por endogamia.

3.2.4 Análise de variância

A análise de variância individual foi realizada em esquema de blocos completos com tratamentos ao acaso utilizando o programa estatístico SAS, licenciado à Universidade Estadual de Maringá – UEM (SAS, 1999), conforme o modelo abaixo:

$$Y_{ij} = m + T_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} = valor observado na unidade experimental referente ao i-ésimo genótipo do j-ésimo bloco;

m = média geral do ensaio;

T_i = efeito do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco ($i = 1, 2, \dots, I$);

B_j = efeito do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, J$);

ε_{ij} = erro experimental associado à observação Y_{ij}

Os graus de liberdade dos tratamentos foram desdobrados em: genitores *per se*, combinações híbridas F_1 , geração S_1 dos genitores, testemunhas, contraste 1 [combinações híbridas F_1 vs genitores], contraste 2 (combinações híbridas F_1 + genitores + geração S_1 vs testemunhas) e contraste 3 (genitores + híbridos F_1 vs geração S_1). A distribuição dos graus de liberdade é apresentada no Quadro 4.

Quadro 4 – Distribuição dos graus de liberdade da análise de variância

Fonte de variação	Graus de liberdade
Blocos	2
Genótipos	55
Genitores (G)	8
Combinações Híbridas (F_1)	35
Geração S_1 (S_1)	8
Quadro 4, cont.	
Testemunhas (T)	1
Contraste 1 [F_1 x G]	1
Contraste 2 [(F_1+G+S_1) x T]	1
Contraste 3 [$(G + F_1)$ x S_1]	1
Resíduo	110
Total	167

Na análise de variância conjunta dos caracteres massa verde, matéria seca, rendimento de grãos, stay green, porcentagem de colmo, espiga e folhas,

altura de planta e altura de espiga, a partir do modelo linear $Y_{ijk} = m + (B/A)_{jk} + T_i + A_j + (TA)_{ij} + e_{ijk}$, conforme Cruz e Regazzi (2001), utilizou-se o programa computacional GENES. No modelo, Y_{ijk} = observação do k-ésimo bloco, avaliado no i-ésimo tratamento (genitores ou combinações híbridas) e j-ésimo ambiente; m = média geral do ensaio; $(B/A)_{jk}$ = efeito do bloco k dentro do ambiente j; T_i = efeito do tratamento (genitores ou combinações híbridas) i; A_j = efeito do ambiente j; $(TA)_{ij}$ = efeito da interação entre o tratamento (genitores ou combinações híbridas) i e o ambiente j; e, finalmente, e_{ijk} = efeito aleatório associado à observação ijk.

3.2.5 Análise dialélica

As análises dialélicas foram realizadas de acordo com duas metodologias: a metodologia 2 proposta por Griffing (1956) e a metodologia de Gardner e Eberhart (1966). Em ambos os casos foi considerado um dialelo balanceado com suas combinações híbridas (F1) e seus genitores (G).

As metodologias descritas foram executadas utilizando-se o programa computacional GENES da Universidade Federal de Viçosa (CRUZ, 2008).

3.2.5.1 Análise dialélica de Griffing (1956)

A análise dialélica realizada de acordo com o método 2 de Griffing (1956) utilizou o programa GENES (CRUZ, 2008). Os graus de liberdade da análise de variância dos efeitos de tratamentos foram decompostos segundo o modelo abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

em que:

μ = o efeito fixo da média;

g_i e g_j = efeito da capacidade geral de combinação dos genótipos de ordem i e j, respectivamente, correspondendo ao desvio de seus desempenhos médios em combinações híbridas;

s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação do cruzamento C_{ij} , correspondente ao desempenho esperado a partir do comportamento médio dos cruzamentos dos parentais envolvidos;

ε_{ij} = erro experimental médio associado às médias da tabela dialélica.

O esquema da análise de variância dialélica encontra-se no Quadro 5.

Quadro 5 – Esquema de análise de variância dialélica, método 2, envolvendo genitores e F_1 , segundo Griffing (1956)

FV	GL	SQ	QM	F(fixo)	F(aleatório)
CGC	p-1	SQCGC	QMG	QMG/QMR	QMG/QMS
CEC	p(p-1)/2	SQCEC	QMS	QMS/QMR	QMS/QMR
Resíduo	m		QMR		

Para a obtenção das estimativas dos efeitos de g_i , g_j , s_{ij} e r_{ij} foram adotadas as seguintes restrições: $\sum g_i = 0$; $\sum g_j = 0$; $\sum s_{ij} = 0$ ($i = 1, 2, \dots, p$).

No Quadro 6, tem-se o esquema da análise dialélica conjunta, cujas interações com os ambientes estão dispostas de acordo com Vencovsky e Barriga (1992).

Quadro 6 – Definição das fontes de variação para GL, SQ, QM e teste F, para a análise conjunta de Griffing (1956)

F.V.	GL ¹	SQ	QM	F
Blocos/Ambiente	(b - 1) a	SQ B/A	QM B/A	-
Blocos	(b - 1)	SQ B	QM B	-
Blocos x Ambientes	(a - 1) (b - 1)	SQ BA	QM BA	-
Genótipos	(t - 1)	SQ T	QM T	QM T / QM TA
CGC	(p - 1)	SQ G	QM G	QM G / QM GA
CEC	P (p - 1) / 2	SQ S	QM S	QM S / QM SA
Ambientes	(a - 1)	SQ A	QM A	QM A / QM B/A
Genótipos x Ambientes	(t - 1) (a - 1)	SQ TxA	QM TA	QM TA / QM Rc
CGC x Ambientes	(p-1) (a-1)	SQ GxA	QM GA	QM GA / QM Rc
CEC x Ambientes	[p(p - 1) / 2] (a - 1)	SQ SxA	QM SA	QM SA / QM Rc
Resíduo médio (combinado)	Ma	SQ Rc	QM Rc	-

1 - a = número de ambientes, p=número de genitores, m = graus de liberdade do resíduo em cada análise individual, b = blocos.

3.2.5.2 Análise dialélica de Gardner e Eberhart (1966)

A metodologia de Gardner e Eberhart (1966), desenvolvida para estudo dos parâmetros de heterose, foi adaptada por Cruz e Regazzi (2001). O método estatístico estima os efeitos da média (m), das variedades (v_i e v_j), da heterose, da heterose média, da heterose da variedade e da heterose específica a partir de quatro modelos, cuja escolha depende do nível de significância da análise de variância. Os modelos estão representados logo abaixo:

$$1. Y_{ij} = m + (V_i + V_j)/2 + \bar{\varepsilon}_{ij}.$$

$$2. Y_{ij} = m + (V_i + V_j)/2 + \theta h + \bar{\varepsilon}_{ij}.$$

$$3. Y_{ij} = m + (V_i + V_j)/2 + \theta(h + h_i + h_j) + \bar{\varepsilon}_{ij}.$$

$$4. Y_{ij} = m + (V_i + V_j)/2 + \theta(h + h_i + h_j + s_{ij}) + \bar{\varepsilon}_{ij}.$$

Nas equações acima, tem-se que:

Y_{ij} = valor médio observado em um progenitor ($i = j$) ou em uma combinação híbrida ($i \neq j$);

m = média do modelo;

V_i e V_j = efeito do progenitor i e j ;

h = efeito da heterose média;

h_i = efeito heterótico do progenitor i ;

s_{ij} = efeito da heterose específica do híbrido ij ;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$ = erro experimental médio;

$\theta = 0$ quando $i=j$ e $\theta = 1$ quando $i \neq j$.

Por meio dos modelos apresentados, foi calculada a soma de quadrados relacionada à estimação de cada parâmetro e, por diferença, a contribuição de cada um dos seus efeitos. O esquema de análise de variância é apresentado no Quadro 7.

Quadro 7 – Esquema de análise de variância dialélica individual, segundo a metodologia de Gardner e Eberhart (1966)

FV	GL	SQ	QM
Genótipos (G)	$[p(p+1)/2] - 1$	SQ ₁	QM ₁
Variedades (V)	$p - 1$	SQ ₂	QM ₂
Heterose (H)	$p(p - 1)/2$	SQ ₃	QM ₃
Heterose média (H _M)	1	SQ ₄	QM ₄
Heterose varietal (H _V)	$p - 1$	SQ ₅	QM ₅
Heterose específica (H _E)	$p(p - 3)/2$	SQ ₆	QM ₆
Resíduo	F		QMR

F = número de graus de liberdade da análise de variância individual; e QMR = quadrado médio residual, já dividido pelo número de repetições

O esquema da análise de variância conjunta é apresentado no Quadro 8.

Quadro 8 – Esquema de análise de variância dialélica conjunta, segundo a metodologia de Gardner e Eberhart (1966)

FV	GL	SQ	QM
Genótipos (G)	$[p(p+1)/2] - 1$	SQ ₁	QM ₁
Variedades (V)	$p - 1$	SQ ₂	QM ₂
Heterose (H)	$p(p - 1)/2$	SQ ₃	QM ₃
Heterose média (H _M)	1	SQ ₄	QM ₄
Heterose varietal (H _V)	$p - 1$	SQ ₅	QM ₅
Heterose específica (H _E)	$p(p - 3)/2$	SQ ₆	QM ₆
Ambientes (A)	$a - 1$	SQ ₇	QM ₇
Quadro 8, cont.			
G x A	$\{[p(p+1)/2] - 1(a - 1)\}$	SQ ₈	QM ₈
V x A	$(p - 1)(a - 1)$	SQ ₉	QM ₉
H x A	$[p(p - 1)/2] (a - 1)$	SQ ₁₀	QM ₁₀
H _M x A	$1 (a - 1)$	SQ ₁₁	QM ₁₁
H _V x A	$(p - 1) (a - 1)$	SQ ₁₂	QM ₁₂
H _E x A	$[p(p - 3)/2] (a - 1)$	SQ ₁₃	QM ₁₃
Resíduo ¹	F		QMR

1 - F = número de graus de liberdade da análise de variância conjunta; e QMR = quadrado médio residual, já dividido pelo número de repetições

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise de variância

Nos Quadros 9 e 10 estão resumidos os resultados da análise de variância individual dos experimentos em blocos completos com tratamentos ao acaso com três repetições. Em cada ambiente, calculou-se o valor médio de cada caráter, o coeficiente de variação (CV%), o quadrado médio dos blocos e o quadrado médio dos genótipos, com o desdobramento dos efeitos de combinações híbridas F_1 , de genitores (G), geração S_1 , de testemunhas (T) e dos contrastes, ou seja, contraste 1 [$F_1 \times G$], contraste 2 [$(F_1+G+S_1) \times T$] e contraste 3 [$(G + F_1) \times S_1$]. Foram também calculados os quadrados médios de cada resíduo, com significâncias em nível de 5% de probabilidade.

Várias características (massa verde, matéria seca, rendimento de grãos, *stay green*, porcentagem de espiga, de colmo e de folha, altura de planta e altura de espiga) foram aferidas nos dois ensaios. Por outro lado, os caracteres referentes à qualidade da forragem (proteína, fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido, lignina, matéria orgânica e matéria mineral) foram aferidos apenas no primeiro ensaio.

Os valores dos coeficientes de variação (CV) para altura de planta, altura de espiga e rendimento de grãos foram considerados baixos, pelos critérios sugeridos por Scapim et al., (1995). No segundo ensaio, apenas as porcentagens de espiga e de colmo não apresentaram diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste F para os efeitos de genótipos.

Em todos os caracteres avaliados verificou-se significância para os efeitos das combinações híbridas, sugerindo a presença de variabilidade genética capaz de oportunizar a obtenção de ganhos de seleção satisfatórios, na busca de genótipos portadores de caracteres favoráveis à produção de silagem. Da mesma forma, entre os parentais, foram verificadas diferenças significativas para todos os caracteres avaliados, exceto para porcentagem de espiga, permitindo a suposição de heterose para as futuras combinações entre as linhas endogâmicas obtidas destes parentais.

Considerando as diferenças entre os materiais na geração S_1 , detectou-se significância estatística em pelo menos um ambiente para todos os

caracteres estudados, exceto no caso da porcentagem de folha. Tal diferenciação entre os genitores decorre da desigualdade na frequência de locos em heterozigose para esses caracteres.

As testemunhas utilizadas se mostraram homogêneas, pois não houve significância para a diferenciação entre elas na maioria dos caracteres estudados. Esse fato também foi verificado em relação ao contraste $F_1 \times G$, demonstrando que o mérito das combinações híbridas esteve fortemente associado às qualidades dos genótipos utilizados como parentais. No caso, o emprego de variedades consagradas no mercado permite inferir que a seleção praticada nas gerações segregantes será efetiva tendo em vista o desempenho dos respectivos parentais.

As análises de variância para as características associadas à qualidade da forragem encontram-se no Quadro 11.

De acordo com o Quadro 11, pode ser observada significância estatística para o efeito de genótipos em todos os caracteres avaliados. Verifica-se que, para os caracteres referentes à qualidade da forragem, houve a mesma tendência observada quanto aos dados referentes aos caracteres agrônômicos já mencionados anteriormente (Quadros 9 e 10).

Os resultados das análises individuais permitiram a execução das análises conjuntas de variância, resumidas no Quadro 12.

Quadro 9 – Análise de variância individual dos caracteres massa verde, matéria seca, rendimento de grãos e *stay green*

FV	GL	Massa verde (t.ha ⁻¹)		Matéria seca (t.ha ⁻¹)		Rendimento de Grãos (t.ha ⁻¹)		<i>stay green</i> (nº de folhas senescentes)	
		Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2
Blocos	2	755,11*	943.73*	21,59*	81,87*	3,30*	4.77*	1,97*	0,28ns
Genótipos	55	149,55*	131.77*	28,38*	20,16*	7,11*	8.92*	1,33*	0,52*
Híbridos (F ₁)	35	76,42*	104.38*	16,42*	18,27*	2,63*	2.83*	1,10*	0,38*
Genitores (G)	8	131,17*	135.52*	27,40*	23,67*	4,79*	9.96*	2,40*	1,14*
Geração (S ₁)	8	115,39*	87.07 ^{ns}	21,08*	2,22 ^{ns}	1,70*	2.16 ^{ns}	1,46*	0,62*
Testemunhas (T)	1	1,65 ^{ns}	65.47 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,30 ^{ns}	4,93*	9.20*	0,33 ^{ns}	0,54*
F ₁ x G	1	733,62*	75.93 ^{ns}	45,26*	14,53 ^{ns}	0,43 ^{ns}	0.82 ^{ns}	0,88 ^{ns}	0,32ns
(F ₁ + G + S ₁) x T	1	63,59 ^{ns}	15.96 ^{ns}	3,31 ^{ns}	2,03 ^{ns}	3,36*	7.92*	0,73 ^{ns}	0,15ns
(G + F ₁) x S ₁	1	2779,48*	1656.22*	549,95*	245,52*	238,49*	276.71*	1,72*	0,.05
Resíduo	110	38,40	58.51	5,15	9,58	0,68	1.20	0,43	0,13
CV (%)		12,24	12.71	13,17	15.57	10,82	12,75	23,76	19,99
Média		50,63	60.17	17,23	19.87	7,64	8,59	2,76	1,84

*: Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade; ns: não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Quadro 10 – Análise de variância individual dos caracteres porcentagem de folha, de espiga, de colmo; altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)

FV	GL	% Folha		% Espiga		% Colmo		AP (m)		AE (m)	
		Ambientes		Ambientes		Ambientes		Ambientes		Ambientes	
		A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2
Blocos	2	10,88*	3,17 ^{ns}	41,68*	231,26*	86,45*	285,46*	0,14*	0,11*	0,08*	0,11*
Genótipos	55	6,60*	5,87*	17,59*	16,28 ^{ns}	17,85*	11,97 ^{ns}	0,07*	0,07*	0,04*	0,03*
Híbridos (F ₁)	35	7,00*	5,99*	16,16*	12,60 ^{ns}	14,78*	9,93 ^{ns}	0,03*	0,03*	0,03*	0,02*
Genitores (G)	8	7,46*	5,28 ^{ns}	8,57 ^{ns}	17,69 ^{ns}	11,58*	9,58 ^{ns}	0,10*	0,08*	0,04*	0,02*
Geração (S ₁)	8	5,16 ^{ns}	5,65 ^{ns}	24,41*	31,36*	28,25*	18,85 ^{ns}	0,06*	0,05*	0,03*	0,01*
Testemunhas (T)	1	2,63 ^{ns}	0,65 ^{ns}	29,61*	22,04 ^{ns}	14,60 ^{ns}	15,13 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,05*	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}
F ₁ x G	1	4,66 ^{ns}	5,51 ^{ns}	3,80 ^{ns}	27,06 ^{ns}	16,92 ^{ns}	8,10 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,02*
(F ₁ + G + S ₁) x T	1	2,80 ^{ns}	8,58 ^{ns}	73,08*	10,99 ^{ns}	47,37*	38,98 ^{ns}	0,06*	0,05*	0,00 ^{ns}	0,03*
(G + F ₁) x S ₁	1	6,76 ^{ns}	10,69 ^{ns}	31,22*	1,77 ^{ns}	66,86*	21,17 ^{ns}	1,27*	1,69*	0,49*	0,82*
Resíduo	110	2,72	2,99	6,27	12,03	5,68	10,19	0,01	0,01	0,01	0,01
CV (%)		10,66	9,08	6,31	9,16	5,31	7,40	3,43	4,05	8,96	5,31
Média		15,48	19,07	39,65	37,83	44,87	43,09	2,13	2,29	1,10	1,34

*: Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade; ns: não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Quadro 11 – Análise de variância para os caracteres: proteína, FDN¹, FDA², lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).

FV	GL	QM					
		Proteína(%)	FDN(%)	FDA(%)	Lignina(%)	MM(%)	MO(%)
Blocos	2	3,58*	29,43*	25,78*	1,38 ^{ns}	1,93*	1,93*
Genótipos	55	0,97*	27,63*	11,89*	3,42*	0,99*	0,99*
Híbridos (F ₁)	35	0,48*	20,73*	11,04*	3,85*	1,20*	1,20*
Progenitores (P)	8	0,92*	30,61*	16,05*	2,35*	0,66*	0,66*
Geração (S ₁)	8	1,72*	47,60*	15,34*	2,55*	0,58*	0,58*
Testemunhas (T)	1	2,42*	31,64*	8,01 ^{ns}	4,92*	0,12 ^{ns}	0,12 ^{ns}
F ₁ vs G	1	1,48*	23,90 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,37 ^{ns}	2,19*	2,19*
F ₁ +P+S ₁ vs T	1	3,08*	94,03*	2,83 ^{ns}	4,90*	0,20 ^{ns}	0,20 ^{ns}
P + F ₁ vs S ₁	1	8,23*	18,55 ^{ns}	5,43 ^{ns}	4,02*	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}
Resíduo	110	0,31	8,02	6,62	0,92	0,24	0,24
CV (%)		7,97	4,24	8,90	12,89	11,39	0,52
Média		7,03	66,81	28,92	7,42	4,34	95,66

*: Significativo pelo teste F a 5 % de probabilidade; ns: não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

¹FDN: fibra em detergente neutro; ²FDA: fibra em detergente ácido.

Quadro 12: Análise de variância conjunta para os caracteres: massa verde (MV), matéria seca (MS), rendimento de grãos (RG), *stay green* (SG), porcentagem de espiga, porcentagem de colmo, porcentagem de folha, altura de planta (AP) e altura de espiga (AE).

Variáveis	Genótipos	Ambientes	Gen. x Amb.	Resíduo	CV	Média
GL	55	1	55	220		
MV (t.ha ⁻¹)	209,30*	7645,35*	72,02*	48,45	12,56	55,40
MS (t.ha ⁻¹)	35,74*	587,87*	12,80*	7,36	14,62	18,54
RG (t.ha ⁻¹)	15,24*	76,01*	0,78 ^{ns}	0,94	11,95	8,11
SG	1,69*	70,67*	0,15 ^{ns}	0,28	23,11	2,29
%Espiga	23,40*	276,29 ^{ns}	10,46 ^{ns}	9,15	7,80	38,74
%Colmo	20,35*	265,46 ^{ns}	9,46 ^{ns}	7,93	6,40	43,98
%Folha	7,94*	1083,13*	4,52*	2,85	9,78	17,27
AP (m)	0,13*	2,24*	0,01 ^{ns}	0,01	3,77	2,21
AE (m)	0,05*	5,10*	0,01*	0,01	7,04	1,22

* Significativo pelo teste t a 5% de probabilidade; ns não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

A relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo foi inferior a 7:1. Deste modo, foi possível realizar a análise conjunta dos dados aferidos nos dois ensaios, de acordo com as observações de Gomes (1977) e de Banzatto e Kronka (1989).

Em todos os caracteres avaliados, houve diferença significativa a 5% de probabilidade pelo teste F para aos genótipos, demonstrando haver variabilidade genética entre os genótipos, chave para o programa de melhoramento.

Houve interação significativa dos genótipos com os ambientes para os caracteres massa verde, matéria seca, porcentagem de folha e altura de espiga. A seleção de genótipos superiores, para estes caracteres, deve ser realizada de acordo com o desempenho dos genótipos em cada ambiente avaliado, pois apresentam adaptações específicas para os locais testados.

4.2 Dialelo de Griffing (1956)

4.2.1 Análise de variância dialélica

A análise de variância conjunta, conforme o método 2 de Griffing (1956), encontra-se no Quadro 13, contendo os quadrados médios das

estimativas de capacidade geral (\hat{g}_j) e capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}), bem como as interações dessas estimativas com os ambientes para os caracteres massa verde, matéria seca, rendimento de grãos e *stay green*.

Houve diferenças significativas entre os genótipos, a 5% de probabilidade pelo teste F, para todos os caracteres avaliados. Deste modo, procedeu-se o desdobramento dos graus de liberdade de genótipos em graus de liberdade de \hat{g}_j e \hat{s}_{ij} , bem como suas respectivas interações com os ambientes.

A significância da interação entre genótipos e ambientes para os caracteres massa verde e matéria seca, a 5% de probabilidade, indica uma redução na correlação entre fenótipo e genótipo, restringindo a validade das inferências sobre o comportamento, do ponto de vista do melhoramento e da herança de caracteres quantitativos.

Detectou-se diferença significativa a 5% probabilidade pelo teste F ao se analisar a estimativa de \hat{g}_j para o caráter massa verde, mas a interação desta estimativa com os ambientes não foi significativa. Houve, portanto, diferenças entre os genitores no sentido de transferir alelos favoráveis às suas progênes, reflexo da grande incidência de genes aditivos no controle do caráter. Devido à não significância da interação genótipo x ambiente, depreende-se que os genitores com destaque quanto às suas estimativas de \hat{g}_j se comportam semelhantemente nos dois ambientes avaliados.

As estimativas de \hat{s}_{ij} , para massa verde foram semelhantes em todas as combinações híbridas estudadas, resultando em não significância a 5% de probabilidade pelo teste F. No entanto, verificou-se a significância da interação desta estimativa com os ambientes. Deste modo, houve combinações híbridas que se comportaram de maneira distinta nos ambientes estudados, ou seja, houve complementaridade dos genes provenientes dos genitores envolvidos no cruzamento, reflexo dos efeitos não aditivos, aumentando a média de massa verde além da que se espera com base na estimativa de \hat{g}_j dos genitores.

Para matéria seca, não houve diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste F para as estimativas de \hat{g}_j e de \hat{s}_{ij} . Fato este que restringe a utilização desses genótipos no desenvolvimento de populações

superiores, pois os genótipos avaliados são geneticamente semelhantes entre si quanto ao caráter em questão.

Trabalhando com gerações F_1 e F_2 de dez híbridos comerciais de milho recomendados para produção de silagem em esquema de dialelo completo sem recíprocos, Chaves (2009) verificou não haver diferença significativa a 5% de probabilidade pelo teste F para as estimativas de \hat{g}_j e de \hat{s}_{ij} referente ao caráter produtividade de matéria seca, semelhante ao obtido neste trabalho.

Em relação à interação das estimativas de \hat{g}_j e de \hat{s}_{ij} com os ambientes, em relação à matéria seca, observou-se uma interação significativa a 5% de probabilidade pelo teste F, demonstrando que o ambiente exerce influências sobre as diferenças fenotípicas dos materiais avaliados, sendo necessária. Deste modo, a identificação de genótipos superiores em ambos os ambientes.

Para rendimento de grãos, houve diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste F para as estimativas de \hat{g}_j e de \hat{s}_{ij} . Com base no \hat{g}_j é possível verificar que os genitores diferiram entre si na frequência dos alelos favoráveis, demonstrando que há genitores mais promissores para a obtenção de novas populações. Os valores de s_{ij} indicam que as combinações híbridas demonstram desempenho superior ou inferior ao esperado com base na estimativa de \hat{g}_j dos genitores, evidenciando que os parentais apresentam entre si um apreciável grau de complementação gênica em relação às frequências dos alelos nos locos que apresentam dominância (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Quadro 13 – Análise de variância conjunta para os caracteres massa verde (MV), matéria seca (MS), rendimento de grãos (RG) e *stay green*, pelo Método 2 de Griffing (1956)

FV	GL	QM			
		MV (t.ha ⁻¹)	MS (t.ha ⁻¹)	RG (t.ha ⁻¹)	<i>stay green</i>
Genótipos	44	135,53*	24,75*	6,17*	1,71*
CGC (\hat{g}_j)	8	364,64*	62,81 ^{ns}	11,57*	6,19*
CEC (\hat{s}_{ij})	36	84,62 ^{ns}	16,29 ^{ns}	4,97*	0,72*
Ambiente	1	5832,41	364,51	64,64	60,68
Genótipos x Ambiente	44	75,18*	13,50*	0,88 ^{ns}	0,14 ^{ns}
CGC x Ambiente	8	59,67 ^{ns}	20,21*	1,38 ^{ns}	0,36 ^{ns}
CEC x Ambiente	36	78,63*	11,99*	0,77 ^{ns}	0,09 ^{ns}
Resíduo médio (combinado)	220	48,46	7,36	0,94	0,28
Média Geral		57,01	62,81	8,65	2,32

*: Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade; ns: não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Não foram verificadas diferenças significativas na interação das estimativas de \hat{g}_j e de \hat{s}_{ij} com os ambientes para o caráter rendimento de grãos. Tal ausência de interação permite ao melhorista um trabalho mais eficaz na seleção dos genótipos superiores ao longo dos ambientes, de modo a otimizar a obtenção de materiais que servirão como fonte de alelos favoráveis para a síntese de populações e/ou híbridos futuros. Oliboni (2009) concluiu que a avaliação em diferentes ambientes facilita a identificação de variabilidade entre os genótipos quanto ao rendimento de grãos, sendo possível, no caso, prever a obtenção de novos híbridos a partir de combinações obtidas com os genitores utilizados.

Da mesma forma que em rendimento de grãos, resultado semelhante ocorreu para o caráter *stay green*, pois houve diferenças significativas para \hat{g}_j e \hat{s}_{ij} , mas não para a interação dessas estimativas com os ambientes.

No Quadro 14, encontra-se a análise de variância conjunta, conforme o método 2 de Griffing (1956), com os quadrados médios das estimativas de \hat{g}_j e \hat{s}_{ij} , bem como as interações dessas estimativas com os ambientes para os caracteres porcentagem de folha, porcentagem de espiga, porcentagem de colmo, altura de planta e altura de espiga.

Os resultados do Quadro 14 mostram a ocorrência de diferenças significativas para genótipos, a 5% de probabilidade pelo teste F, quanto aos caracteres porcentagem de espiga, altura de planta e altura de espiga. Por outro lado, para os caracteres porcentagem de folha e porcentagem de colmo, não houve variabilidade para discriminar genótipos promissores. De qualquer modo, fez-se o desdobramento dos graus de liberdade de genótipos em graus de liberdade de \hat{g}_j e \hat{s}_{ij} , bem como suas respectivas interações com os ambientes.

Para os caracteres porcentagem de folhas e porcentagem de colmo, não houve diferenças significativas para as estimativas de \hat{g}_j e de \hat{s}_{ij} . Assim, entre os genitores utilizados, não houve diferenças na frequência de genes com ação aditiva (estimativa de \hat{g}_j). Da mesma forma, não houve combinações híbridas com grande complementação dos genes provenientes dos diferentes genitores utilizados no cruzamento, a qual, se ocorresse,

dependeria de efeitos gênicos não aditivos. A ausência de significância para a estimativa \hat{s}_{ij} evidencia que os genitores não apresentam entre si um apreciável grau de complementação gênica em relação às frequências dos alelos nos locos que apresentam dominância (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Chaves (2009), trabalhando com plantas das gerações F₁ e F₂ de dez híbridos comerciais de milho utilizados para silagem, obtidos a partir de cruzamentos em esquema de dialelo completo, sem os recíprocos, verificou ausência de significância das estimativas de \hat{g}_j e de \hat{s}_{ij} a 5% de probabilidade pelo teste F para produtividade de matéria seca e de massa verde. Segundo o autor, os resultados indicaram que os genitores possuíam os mesmos alelos para esses caracteres.

Para o caráter porcentagem de folha, houve interação significativa a 5% de probabilidade entre os genótipos e ambientes, demonstrando que a variação entre os genótipos esteve relacionada com a variação entre os ambientes. Deste modo, verificou-se que, para as estimativas de \hat{g}_j e de \hat{s}_{ij} , também houve interação com os ambientes, apesar de que, em média, essas estimativas apresentaram-se não significativas. Na prática, as estimativas devem ser avaliadas de acordo com cada ambiente, com o intuito de verificar os genótipos promissores para um programa de melhoramento, com base na frequência de genes aditivos e não aditivos.

As diferenças entre as estimativas de \hat{g}_j e também os efeitos da interação das estimativas de \hat{s}_{ij} e de \hat{g}_j com os ambientes mostraram-se não significativas na análise da variação para porcentagem de espiga. Por outro lado, destacaram-se, nesse caráter, os efeitos gênicos não aditivos, ocorrendo possivelmente uma complementaridade entre os alelos dos genitores envolvidos nos cruzamentos.

Para porcentagem de colmo, as diferenças entre as estimativas \hat{s}_{ij} , bem como suas interações com o ambiente, mostraram-se não significativas. Verificou-se, portanto, a necessidade de concentrar os esforços na seleção dos parentais com maiores estimativas \hat{g}_j , ocorrendo o oposto do observado para o caráter porcentagem de espiga. Sendo maior a importância dos efeitos gênicos aditivos para a porcentagem de colmo, a interpretação da estimativa

\hat{g}_j será realizada de acordo com o desempenho dos genótipos em cada ambiente, devido à significância entre a estimativa e os ambientes.

As estimativas \hat{g}_j e \hat{s}_{ij} para altura de planta e altura de espiga se diferenciaram entre si, a 5% de probabilidade pelo teste F. Quanto à interação dessas estimativas com os ambientes, verificou-se, para ambos os caracteres, uma interação da estimativa \hat{g}_j com os ambientes, destacando-se a necessidade da interpretação dessas estimativas em ambos os ambientes. Já no caso das estimativas \hat{s}_{ij} , podem-se interpretar os dados de acordo com o ambiente médio, devido à falta de interação da estimativa com os ambientes.

Trabalhando com um dialelo completo a partir de oito linhagens e vinte e oito híbridos, nos municípios de Lavras e Ijaci, em Minas Gerais, visando a produção de milho verde, Rodrigues et al., (2009) verificaram diferenças significativas a 5% de probabilidade entre as estimativas \hat{g}_j para os caracteres altura de planta e altura de espiga.

Santos (2009) verificou haver diferenças significativas entre altura de plantas avaliando, através de dialelos completos, híbridos duplos de milho obtidos de oito híbridos simples comerciais.

Oliboni (2009) concluiu que a avaliação em ambientes diferentes permite uma facilidade na identificação de variabilidade entre os genótipos quanto às características altura de planta e altura de espiga, resultantes dos efeitos da capacidade de combinação. Destacou a possibilidade de prever a obtenção de novos híbridos, a partir de combinações obtidas com os genitores utilizados.

No Quadro 15, encontra-se a análise de variância dialélica individual segundo o método 2 de Griffing (1956) para os caracteres de qualidade de forragem: proteína, teor de fibra em detergente neutro (FDN), teor de fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).

Quadro 14 – Análise de variância conjunta para os caracteres porcentagem de folha, de espiga, de colmo; altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), pelo Método 2 de Griffing (1956)

FV	GL	QM				
		% Folha	% Espiga	% Colmo	AP (m)	AE (m)
Genótipos	44	7,62 ^{ns}	17,99*	14,51 ^{ns}	0,08*	0,04*
CGC (\hat{g}_j)	8	17,84 ^{ns}	26,86 ^{ns}	27,47 ^{ns}	0,30*	0,11*
CEC (\hat{s}_{ij})	36	5,35 ^{ns}	16,03*	11,63 ^{ns}	0,03*	0,02*
Ambientes	1	848,76	239,96	186,39	1,93	4,39
Genótipos x Ambientes	44	5,26*	10,36 ^{ns}	9,56 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01*
CGC x Ambientes	8	9,03*	17,73 ^{ns}	16,40*	0,02*	0,03*
CEC x Ambientes	36	4,42*	8,73 ^{ns}	8,04 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}
Resíduo médio (combinado)	220	2,86	9,15	7,94	0,01	0,01
Média Geral		17,36	38,77	43,86	2,26	1,25

*: Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade; ns: não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Quadro 15 – Análise de variância dialélica individual segundo o método 2 de Griffing (1956) com os quadrados médios dos seguintes caracteres: proteína (%); fibra em detergente neutro FDN (%); fibra em detergente ácido FDA (%); lignina (%); matéria mineral (MM %) e matéria orgânica (MO %)

FV	QM			
	Genótipos	CGC	CEC	Resíduo
Proteína	0,59*	0,29 ^{ns}	0,65*	0,31
FDN	22,60*	22,24 ^{ns}	22,68*	8,02
FDA	11,71*	22,96*	9,21 ^{ns}	6,62
Lignina	3,50*	7,41*	2,63*	0,92
MM	1,13*	1,42 ^{ns}	1,06*	0,24
MO	1,13*	1,42 ^{ns}	1,06*	0,24

*: Significativo pelo teste F a 5 % de probabilidade; ns: não significativo a 5% de probabilidade (teste F).

Houve diferenças significativas dos genótipos a 5% de probabilidade pelo teste F para todos os caracteres avaliados. Deste modo, procedeu-se o desdobramento dos graus de liberdade de genótipos em capacidade geral de combinação (\hat{g}_j) e capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}).

Para a estimativa \hat{g}_j , houve diferença significativa somente para os caracteres fibra em detergente ácido e lignina. Isto indica que determinados genitores possuem uma maior frequência de alelos favoráveis para esses caracteres, de modo a transmitir esses alelos as suas progênes. No caso, os genitores desejáveis são os que apresentam uma CGC de alta magnitude, mas de sinal negativo, pois o intuito é diminuir os teores de fibra, resultando em maior qualidade e digestibilidade do alimento. Genótipos com tais características constituem uma fonte de alelos favoráveis, pois possuem genes de efeito aditivo no controle dos caracteres.

A observação dos valores das estimativas de capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) permitiu a detecção de diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste F em todos os caracteres, exceto para o caráter teor de fibra em detergente ácido, demonstrando a importância dos efeitos gênicos aditivos na melhoria deste caráter. Para o restante dos caracteres envolvidos na qualidade nutricional da forragem, verifica-se a importância dos efeitos gênicos não aditivos, evidenciando a necessidade de ser explorada a complementaridade dos alelos nos cruzamentos.

4.2.2 Estudo dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_j)

No Quadro 16, encontram-se as estimativas dos efeitos de \hat{g}_j para os caracteres massa verde, rendimento de grãos e *stay green*. Não houve interação significativa entre os efeitos de \hat{g}_j e de ambientes para esses três caracteres. Deste modo, a interpretação pode ser realizada através da análise das estimativas de \hat{g}_j no ambiente médio, uma vez que os genótipos se comportaram semelhantemente nos dois locais.

Para os caracteres massa verde e rendimento de grãos, o genitor DKB 390 destacou-se por sua estimativa de \hat{g}_j , manifestando uma alta incidência de genes aditivos que favoreceram o aumento da média de suas progênes quando participam de cruzamentos. No entanto, apesar de DKB390 se destacar quanto à sua estimativa de \hat{g}_j para rendimento de grãos, o genitor Impacto apresentou uma estimativa superior.

Para o caráter *stay green*, o melhor genitor possui a menor estimativa de \hat{g}_j , pois é ele que menos contribuirá para o aumento do número de folhas senescentes por planta. Deste modo, os genitores que se destacaram como promissores para melhorar este caráter em suas progênes foram Impacto e 2B710.

Quadro 16 – Estimativa dos efeitos de \hat{g}_j para os caracteres: massa verde (MV), rendimento de grãos (RG) e *stay green* (SG)

Efeito (\hat{g}_j)	Estimativa		
	MV (t.ha ⁻¹)	RG (t.ha ⁻¹)	SG
1: Impacto	-0,98	0,61	-0,56
2: Cargo	0,18	0,19	-0,05
3: P30B39	-0,39	0,28	0,06
4: P30P34	1,18	-0,26	0,22
5: P30R50	0,70	0,12	0,31
6: CD304	-3,57	-0,58	0,43
7: CD308	-2,81	-0,56	-0,08
8: 2B710	1,38	-0,17	-0,31
9: DKB390	4,32	0,38	-0,03

No Quadro 17, encontram-se as estimativas dos efeitos de \hat{g}_j para os caracteres matéria seca, porcentagem de folha e porcentagem de colmo.

Apesar de não haver diferença significativa da estimativa \hat{g}_j para estes caracteres, foram significativos os efeitos da interação \hat{g}_j vs. ambientes. Logo, os efeitos ambientais tiveram distintas magnitudes na expressão dos caracteres avaliados, de modo que os valores de CGC dos genótipos, estimados por \hat{g}_j , variaram de acordo com os ambientes, sendo necessária a interpretação dessa estimativa nos dois ambientes avaliados.

Quanto ao caractere matéria seca, o genitor DKB 390 destacou-se em ambos os ensaios, tendo estimativas elevadas de \hat{g}_j , embora, no segundo ensaio, sua estimativa tenha sido inferior à apresentada pelo genitor 2B710. Pode-se verificar que o genitor DKB 390, mesmo com estimativa inferior a de 2B710 no segundo ensaio, é o genótipo que transmite com maior eficácia um maior número de alelos favoráveis para o incremento do caráter às suas progênes.

Para porcentagem de folha, verificou-se um comportamento distinto dos genitores nos diferentes ambientes. No primeiro ensaio, os genitores que apresentaram maiores estimativas de \hat{g}_j foram Impacto e 2B710. No segundo ensaio, o genitor com maior estimativa de \hat{g}_j foi Cargo.

Houve interação significativa entre \hat{g}_j e ambientes para o caráter porcentagem de colmo. Deste modo, os genitores que se destacaram quanto à estimativa no primeiro ensaio foram P30P34 e DKB390, ao passo que, para o segundo ensaio, o melhor genitor foi P30R50.

De acordo com Locatelli et al., (2002), a interação de locais x genótipos reduz a correlação entre o fenótipo e o seu genótipo, restringindo a validade das inferências sobre o comportamento das plantas, do ponto de vista do melhoramento e da herança de caracteres quantitativos. A interação com o ambiente é um evento frequente. Exemplificando, Pfan et al., (2009), trabalhando com onze híbridos comerciais de milho em esquema de dialelo circulante, verificaram interação entre as estimativas de \hat{g}_j e os ambientes para o caráter rendimento de grãos.

No Quadro 18, encontram-se as estimativas dos efeitos de \hat{g}_j para os caracteres altura de planta e altura de espiga. Como houve interação significativa entre a estimativa de \hat{g}_j e ambientes, a interpretação deve ser realizada de acordo com cada ambiente.

Quadro 17 – Estimativa dos efeitos de \hat{g}_j para os caracteres: matéria seca (MS), porcentagem de folha e porcentagem de colmo

Efeito (\hat{g}_j)	MS (t.ha ⁻¹)		%Folha		%Colmo	
	Ambientes		Ambientes		Ambientes	
	A1	A2	A1	A2	A1	A2
1: Impacto	1,03	-0,82	1,08	0,24	-2,37	0,02
2: Cargo	1,20	0,71	0,55	1,03	0,14	0,21
3: P30B39	0,09	-0,46	-0,75	-0,38	-0,30	-0,35
4: P30P34	-0,42	-0,06	-0,51	-0,22	0,93	-0,18
5: P30R50	-0,62	0,12	-0,56	-0,29	0,61	0,72
6: CD304	-1,29	-1,82	-0,01	-1,00	0,54	0,47
7: CD308	-1,35	-0,91	-0,25	-0,03	-0,59	-0,60
8: 2B710	-0,24	1,93	0,90	-0,02	0,11	-0,78
9: DKB390	1,61	1,31	-0,46	0,67	0,93	0,49

O genitor DKB390 foi aquele que apresentou a maior estimativa nos dois ensaios para o caráter altura de planta, característica importante para o milho forrageiro, pois aumenta a produtividade de massa verde e de matéria seca. Já para o caráter altura de espiga, o melhor genitor é aquele que contribui para diminuir a distância entre o solo e o ponto de inserção de espigas, de modo a tornar a planta mais resistente ao acamamento. No caso, por seu valor de \hat{g}_j , CD304 foi o melhor genitor para o caráter.

Trabalhando com dezoito híbridos comerciais de milho em esquema de dialelo circulante, Gralak (2011), de modo semelhante ao verificado no presente trabalho, verificou a ocorrência de interação entre CGC e ambientes para os caracteres altura de planta e altura de espiga. Deste modo, a seleção proposta pelo autor foi baseada no desempenho dos genitores em cada ensaio.

Quadro 18 – Estimativa dos efeitos de \hat{g}_j para altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)

Efeito (\hat{g}_j)	AP (m)		AE (m)	
	Ambientes		Ambientes	
	A1	A2	A1	A2
1: Impacto	-0,01	0,05	-0,02	0,06
2: Cargo	-0,03	-0,01	0,01	0,03
3: P30B39	0,05	0,08	-0,01	-0,01
4: P30P34	0,01	-0,02	-0,01	0,01
5: P30R50	0,01	0,03	0,01	0,01
6: CD304	-0,08	-0,09	-0,06	-1,05
7: CD308	-0,10	-0,12	-0,05	-0,06
8: 2B710	0,01	-0,02	-0,01	-0,03
9: DKB390	0,13	0,10	0,12	0,04

No Quadro 19, encontram-se as estimativas dos efeitos de \hat{g}_j para os caracteres relacionados à qualidade da forragem: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).

Para proteína, não se verificaram diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste F, não ocorrendo, portanto, um genitor que, em termos médios, tenha contribuído mais do que os outros no aumento do teor de proteína de suas progênes. Para FDN, também não houve diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste F.

Na busca de qualidade da forragem, almeja-se diminuir os teores de FDA, particularmente se foram elevados, com o intuito de aumentar a digestibilidade e a qualidade nutricional da forragem. Neste caso, o melhor genitor seria o Impacto (-1,0191).

Para lignina, há a necessidade de se desenvolver variedades com teores menores, pois a fração lignina não é digerida pelo animal. Deve-se escolher um genitor com estimativa de \hat{g}_j alta e negativa. Assim, neste caso, Impacto, com \hat{g}_j de -1,0191, seria o melhor genitor para transmitir alelos favoráveis no sentido de diminuir os teores de lignina do alimento, tornando-o mais digestivo e nutricionalmente superior.

Não houve diferença significativa a 5% de probabilidade pelo teste F para os caracteres matéria mineral e matéria orgânica.

Quadro 19 – Estimativa dos efeitos de \hat{g}_j para os caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO)

Efeito	Estimativa					
	Proteína	FDN	FDA	Lignina	MM	MO
1: Impacto	-0,0957	0,0937	-1,7884	-1,0191	-0,1548	0,1548
2: Cargo	0,0264	-0,2313	0,3705	-0,3027	-0,2936	0,2936
3: P30B39	-0,1152	1,3540	0,3715	0,2502	-0,0107	0,0107
4: P30P34	0,1120	-1,6176	-0,1443	0,1482	0,2945	-0,2945
5: P30R50	0,0764	0,0090	0,0685	-0,3003	0,2783	-0,2783
6: CD304	0,0311	-0,3510	-0,2119	0,4976	-0,1553	0,1553
7: CD308	-0,0593	-0,3690	0,8906	0,0671	-0,0754	0,0754
8: 2B710	0,1208	0,5896	-0,5302	0,2232	0,1867	-0,1867
9: DKB390	-0,0965	0,5226	0,9737	0,4358	-0,0696	0,0696

4.2.3 Estudo dos efeitos da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij})

No quadro 20, encontram-se as estimativas da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) dos caracteres rendimento de grãos, stay green, altura de planta, altura de espiga e porcentagem de espiga. Para estes caracteres, não houve diferença significativa a 5% de probabilidade pelo teste F quanto à interação entre a estimativa \hat{s}_{ij} e ambientes. Deste modo, a interpretação dos dados deve ser realizada de acordo com a estimativa do ambiente médio.

No presente caso, a escolha dos melhores híbridos deve ser feita com base nas maiores capacidades específicas de combinação, sempre que pelo menos um dos genitores envolvidos no cruzamento apresente uma alta capacidade geral de combinação. Os melhores híbridos, portanto, devem ser resultado do cruzamento entre o genitor selecionado com base em sua \hat{g}_j e aquele cuja frequência de alelos favoráveis seja superior à frequência média da população, apresentando considerável divergência em relação ao genitor com o qual está sendo cruzado (CRUZ; VENCOSKY, 1989).

Considerando os genitores de maior \hat{g}_j para rendimento de grãos, ou seja, Impacto e DKB390, as combinações híbridas, envolvendo pelo menos um desses genitores de maior estimativa de \hat{s}_{ij} , foram 2B710 x DKB390, Cargo x DKB390, Impacto x P30P34 e CD304 x DKB390. Neste caso, houve uma complementação dos genes dos dois genitores envolvidos no cruzamento,

resultando em um aumento na média deste caráter, resultante da ação gênica não aditiva.

Para o caráter *stay green*, os genitores com melhores estimativas de \hat{g}_j foram Impacto e 2B710. Deste modo, o cruzamento Impacto x P30B39 representou a única combinação híbrida portadora de complementação dos genes, no sentido de diminuir o número de folhas senescentes por planta, com base no que seria esperado a partir de \hat{g}_j dos genitores envolvidos. Essa combinação híbrida teve a menor estimativa de \hat{s}_{ij} , estratégia que se aplica ao caráter em questão, pois a avaliação foi realizada através do número de folhas senescentes por planta.

DKB 390 foi o genitor com maior estimativa de \hat{g}_j para altura de planta. Entre as combinações híbridas envolvendo este genitor, aquela que apresentou maior estimativa de \hat{s}_{ij} foi 2B710 x DKB390. No caso, o porte das plantas dessa combinação foi mais elevado em relação ao que se espera de acordo com as estimativas de \hat{g}_j dos genitores envolvidos. Em alguns casos, tal resultado pode não ser de interesse do melhorista, pois quanto maior o porte, menor será a densidade de plantas na área e maior a susceptibilidade ao acamamento, embora deva ser ressaltado que as plantas de maior porte resultem em maior produtividade de massa verde, característica importante para um milho destinado para a alimentação animal.

Para o caráter altura de espiga, o genitor com melhor estimativa de \hat{g}_j foi CD304. As combinações híbridas que se destacaram em termos de \hat{s}_{ij} foram CD304 x DKB390 e CD304 x 2B710. Nessas combinações híbridas, as plantas tiveram menor altura de inserção de espigas em relação ao esperado com base nas estimativas de \hat{g}_j dos genitores envolvidos, com tendências de aumento na resistência ao acamamento.

Os efeitos de CGC, para porcentagem de espiga, não foram significativos a 5% de probabilidade pelo teste F. No entanto, houve diferenças significativas entre os estimadores de capacidade específica. As combinações híbridas com maiores estimativas de \hat{s}_{ij} foram Cargo x CD308, P30R50 x CD308, CD304 x 2B710 e P30R50 x CD304. Esse tipo de resultado foi descrito

anteriormente na literatura. Exemplificando, comportamento semelhante dos genótipos foi descrito por Aguiar (2002), trabalhando com dez linhagens de milho em esquema de dialelo completo. Em seu trabalho, embora tenha ocorrido significância nas diferenças de \hat{s}_{ij} para rendimento de grãos, o autor não observou significância para os efeitos de CGC.

Quadro 20 – Estimativa dos efeitos de \hat{s}_{ij} para os caracteres: rendimento de grãos (RG), *stay green* (SG), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e porcentagem de espiga, em cruzamentos envolvendo os parentais Impacto (1), Cargo (2), P30B39 (3), P30P34 (4), P30R50 (5), CD304 (6), CD308 (7), 2B710 (8) e DKB390 (9)

Efeito (\hat{s}_{ij})	Estimativa				
	RG (t.ha ⁻¹)	SG	AP (m)	AE (m)	% Espiga
1 x 2	-1,74	0,07	-0,02	0,01	0,70
1 x 3	0,30	-0,50	0,05	0,01	-1,66
1 x 4	0,72	-0,10	0,04	0,03	-0,92
1 x 5	0,53	0,13	0,03	-0,03	-2,12
1 x 6	0,20	-0,05	0,06	0,08	-0,55
1 x 7	-0,76	-0,28	-0,04	-0,02	1,04
1 x 8	0,34	0,18	0,08	0,04	-0,01
1 x 9	-0,20	0,25	-0,03	-0,03	1,53
2 x 3	0,23	-0,46	-0,09	-0,07	0,28
2 x 4	1,26	-0,01	0,14	0,09	-1,24
2 x 5	0,28	0,52	0,07	0,04	0,62
2 x 6	-0,18	-0,05	0,06	0,04	-2,66
2 x 7	0,42	0,04	-0,03	-0,03	5,39
2 x 8	-0,30	0,01	0,01	0,02	-1,22
2 x 9	0,82	0,39	0,03	0,02	-0,93
3 x 4	-0,96	-0,22	-0,06	-0,10	1,54
3 x 5	-0,73	-0,07	-0,05	-0,08	1,58
3 x 6	-0,27	0,25	-0,01	0,01	1,91
3 x 7	-0,19	0,50	-0,01	0,08	1,15
3 x 8	0,79	0,47	0,01	-0,02	0,63
3 x 9	-0,79	0,27	-0,06	-0,01	-3,41
4 x 5	-1,81	0,06	-0,15	-0,08	-0,51
4 x 6	0,55	0,20	0,11	0,02	-0,02
4 x 7	-0,43	-0,02	-0,01	0,05	-1,22
4 x 8	0,86	0,60	-0,01	0,05	-0,42
4 x 9	-1,21	-0,25	-0,06	-0,09	-1,12
5 x 6	-0,29	-0,57	-0,01	-0,01	2,20
5 x 7	0,43	0,31	0,01	-0,05	2,62
5 x 8	1,33	0,22	0,04	0,04	-2,66
5 x 9	-0,64	-0,50	-0,02	0,23	0,45
6 x 7	-0,34	0,15	-0,02	0,04	-1,31
6 x 8	0,12	0,33	-0,03	-0,03	2,32
6 x 9	0,63	-0,55	-0,04	-0,09	-0,88
7 x 8	0,62	-0,13	0,03	0,03	-5,06
7 x 9	-0,66	0,09	0,06	-0,01	-0,33
8 x 9	1,30	-0,15	0,10	0,07	1,28

No quadro 21, encontram-se as estimativas da capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) dos caracteres massa verde, matéria seca e porcentagem de folha. Para estes caracteres, apesar de não haver diferenças significativas quanto às estimativas \hat{s}_{ij} , houve significância a 5% de probabilidade pelo teste F para a interação entre as estimativas e os ambientes. A interpretação dos dados será realizada de acordo com a estimativa de cada ambiente.

Quadro 21 – Massa verde (MV), matéria seca (MS) e porcentagem de folha, em cruzamentos envolvendo os parentais Impacto (1), Cargo (2), P30B39 (3), P30P34 (4), P30R50 (5), CD304 (6), CD308 (7), 2B710 (8) e DKB390 (9)

Efeito (\hat{s}_{ij})	MV (t.ha ⁻¹)		MS (t.ha ⁻¹)		% Folha	
	Ambientes		Ambientes		Ambientes	
	A1	A2	A1	A2	A1	A2
1 x 2	0,97	-4,08	0,53	-3,50	-0,79	-0,17
1 x 3	3,23	4,19	1,01	4,63	1,08	0,78
1 x 4	9,34	5,19	2,96	2,13	-0,07	-0,05
1 x 5	1,11	4,86	0,14	1,49	1,26	0,36
1 x 6	3,04	1,11	-0,13	1,67	-0,13	-0,85
1 x 7	-4,57	-3,84	-2,47	-0,78	-0,09	0,56
1 x 8	-0,52	-5,34	-1,53	-1,82	-0,34	0,07
1 x 9	-1,60	3,92	-0,36	1,39	0,07	-1,51
2 x 3	-0,16	-5,48	-1,42	-0,73	1,17	0,66
2 x 4	11,24	-5,36	6,06	-0,81	0,27	0,15
2 x 5	0,41	10,35	2,33	0,56	-1,74	-2,12
2 x 6	1,87	2,61	-0,68	0,13	-0,40	-1,22
2 x 7	-3,58	2,21	0,36	0,31	0,43	-0,08
2 x 8	2,33	-2,12	-1,67	-0,92	0,95	0,64
2 x 9	0,13	-2,81	1,20	0,98	-1,10	3,13
3 x 4	-6,01	0,36	-3,55	-1,43	-0,17	-1,06
3 x 5	-2,84	3,56	-1,18	-1,08	0,25	0,39
3 x 6	2,25	1,08	0,35	1,58	-2,77	-0,22
3 x 7	-6,48	-3,04	0,03	-2,38	-2,26	0,15
3 x 8	1,55	2,05	0,26	1,57	1,37	0,25
3 x 9	4,88	-5,13	-0,23	-2,50	1,18	-1,21
4 x 5	-5,88	-4,91	-2,30	-1,24	-0,53	0,18
4 x 6	-1,14	8,18	0,34	0,66	-1,10	-1,06
4 x 7	-3,20	1,14	-1,19	1,61	-0,34	0,38
4 x 8	6,77	-4,92	3,60	-1,77	-0,14	1,87
4 x 9	0,37	-6,18	-1,52	-1,83	0,70	-0,65
5 x 6	1,02	-3,62	1,24	0,18	-1,77	2,16
5 x 7	4,38	1,25	0,57	0,95	-1,31	-1,68
5 x 8	4,23	-2,63	2,17	0,04	1,14	1,24
5 x 9	-1,32	2,18	-3,21	1,61	1,08	-0,40
6 x 7	1,88	-2,65	1,20	-0,75	1,47	-1,08
6 x 8	2,57	-0,24	0,41	1,47	-2,21	0,66
6 x 9	3,06	5,96	0,67	-2,96	0,43	0,37
7 x 8	8,31	-2,98	2,51	-0,97	2,15	0,73
7 x 9	3,61	7,84	1,68	3,36	-0,65	1,76
8 x 9	0,70	10,79	2,19	5,04	-0,44	0,49

O genitor de maior estimativa de \hat{g}_j para massa verde foi DKB390. Apesar de não haver diferenças significativas quanto à estimativa de \hat{s}_{ij} para o caráter, observou-se que duas combinações híbridas (CD308 x DKB390 e CD304 x DKB390) se destacaram quanto à estimativa nos dois ambientes avaliados. A complementação dos genes provenientes dos genitores envolvidos no cruzamento se mostra eficiente para o aumento da produtividade de massa verde em suas progênies.

Não houve diferença significativa a 5% de probabilidade quanto à estimativa de \hat{g}_j para o caráter matéria seca, porém, houve interação significativa entre a estimativa e os ambientes avaliados, situações em que o genitor DKB390 apresentou boas estimativas nos dois ambientes. Deste modo, DKB390 é o genitor a ser utilizado na identificação das melhores combinações híbridas.

As combinações 2B710 x DKB390 e CD308 x DKB390 tiveram boas estimativas de \hat{s}_{ij} nos dois ambientes, concomitantemente com o que ocorreu com \hat{g}_j .

Para o caráter porcentagem de folha, as estimativas de \hat{g}_j e de \hat{s}_{ij} sofreram alta interação com o ambiente. Deste modo, para o primeiro ambiente, os genitores com maiores estimativas de \hat{g}_j foram Impacto e 2B710. A combinação híbrida com maior estimativa de \hat{s}_{ij} foi CD308 x 2B710. No ambiente 2, o genitor Cargo apresentou maior estimativa de \hat{g}_j , destacando-se a combinação híbrida Cargo x DKB390 como a de maior \hat{s}_{ij} .

No Quadro 22, encontram-se as estimativas de \hat{s}_{ij} relacionado aos caracteres proteína, FDN, FDA, lignina, matéria mineral e matéria orgânica.

Os genitores 2B710 e P30P34 tiveram maiores estimativas de \hat{g}_j , destacando-se em comparação aos outros genitores para o caráter proteína. A melhor combinação híbrida envolvendo um desses genitores foi P30B39 x P30P34, com melhor estimativa de \hat{s}_{ij} .

Quadro 22 – Estimativa dos efeitos de \hat{s}_{ij} para os caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO), em cruzamentos envolvendo os parentais Impacto (1), Cargo (2), P30B39 (3), P30P34 (4), P30R50 (5), CD304 (6), CD308 (7), 2B710 (8) e DKB390 (9)

Efeito (\hat{s}_{ij})	Caracteres				
	Proteína	FDN	Lignina	MM	MO
1 x 2	-0,173	-3,733	-0,823	-0,359	0,359
1 x 3	0,501	0,957	-0,403	0,684	-0,684
1 x 4	0,031	0,264	-0,313	0,639	-0,639
1 x 5	0,047	3,399	-0,005	0,281	-0,281
1 x 6	-0,029	-3,033	-0,144	0,935	-0,935
1 x 7	0,310	-4,779	-0,677	-0,577	0,577
1 x 8	-0,507	0,132	0,380	-0,117	0,117
1 x 9	-0,278	1,675	-1,018	0,027	-0,027
2 x 3	0,370	0,528	-0,198	0,232	-0,232
2 x 4	-0,306	4,982	1,599	0,086	-0,086
2 x 5	-0,375	-2,972	-0,662	-0,329	0,329
2 x 6	0,629	0,270	1,444	0,612	-0,612
2 x 7	0,024	3,015	-0,215	0,239	-0,239
2 x 8	0,480	-3,862	0,558	-0,835	0,835
2 x 9	-0,335	-0,340	-0,298	-0,060	0,060
3 x 4	1,109	-4,878	1,443	-0,517	0,517
3 x 5	-0,126	-0,901	0,749	0,013	-0,013
3 x 6	0,357	-4,604	-0,443	-0,132	0,132
3 x 7	-0,718	2,680	-1,337	-0,842	0,842
3 x 8	-0,056	0,124	0,312	0,207	-0,207
3 x 9	-0,202	1,375	0,474	1,325	-1,325
4 x 5	0,018	-0,784	-0,291	-0,293	0,293
4 x 6	-0,173	2,787	-0,933	-0,634	0,635
4 x 7	-0,068	-2,084	-0,547	0,549	-0,549
4 x 8	-0,454	3,620	-1,447	0,770	-0,770
4 x 9	-0,222	2,492	1,592	0,552	-0,552
5 x 6	-0,151	1,223	-0,670	-0,082	0,082
5 x 7	0,053	-1,099	-0,484	-0,189	0,189
5 x 8	-0,677	1,736	0,045	1,027	-1,027
5 x 9	0,433	-0,449	0,110	-0,228	0,228
6 x 7	-0,516	2,493	-1,413	-0,566	0,566
6 x 8	0,136	-1,682	0,547	-0,531	0,531
6 x 9	-0,181	-0,962	0,571	-0,119	0,119
7 x 8	0,122	-3,446	1,358	0,765	-0,765
7 x 9	-0,301	-1,211	0,804	0,386	-0,386
8 x 9	-0,654	-0,506	-0,607	-0,629	0,629
D.P. \hat{s}_{ij}	0,29	1,49	0,50	0,26	0,26

O genitor P30P39 se destacou quanto à estimativa de \hat{g}_j para o caráter fibra em detergente neutro (FDN), sendo as combinações híbridas P30B39 x DKB390, Impacto x P30B39 e Cargo x P30B39 as de maior

estimativa de \hat{s}_{ij} .

Quanto ao caráter FDA, não houve diferenças significativas para estimativa de \hat{s}_{ij} a 5% de probabilidade pelo teste F.

Para lignina, o genitor Impacto foi o que mais auxiliou na redução dos teores de fibra no alimento, com estimativa de \hat{g}_j negativa, contribuindo para aumentar a digestibilidade e a qualidade do alimento. As melhores combinações híbridas (menor \hat{s}_{ij}) contendo este genitor foram Impacto x DKB390, Impacto x Cargo, Impacto x CD308 e Impacto x P30B39.

As melhores estimativas de \hat{s}_{ij} para matéria mineral foram obtidas nos cruzamentos P30R50 x 2B710, P30P34 x 2B710 e Impacto x P30P34 que envolveram os genitores de maior \hat{g}_j para o caráter (P30P34 e P30R50). Porém, o maior valor de \hat{s}_{ij} foi de P30B39 x DKB390 (1,325), em que não houve a presença de genitores com alto \hat{g}_j .

Para o caráter matéria orgânica, as combinações híbridas de melhor \hat{s}_{ij} foram Cargo x 2B710, Impacto x Cargo e Cargo x P30R50, sendo o genitor Cargo o de maior \hat{g}_j para o caráter.

4.3 Dialelo de Gardner e Eberhart (1966)

O Quadro 23 apresenta os resultados da análise de variância conjunta realizada segundo a metodologia de Gardner e Eberhart (1966).

Observa-se, no Quadro 23, que os quadrados médios de genótipos foram significativos a 5% de probabilidade para todos os caracteres. Devido a esta significância, procedeu-se o desdobramento dos quadrados médios de genótipos em quadrado médio de variedades e quadrado médio de heterose, para relacionar os efeitos das variedades aos componentes aditivos e os efeitos de heterose aos componentes de dominância. Assim, a análise completa contém os quadrados médios de genótipos, variedades e heterose, este último componente desdobrado em heterose média, heterose varietal e heterose específica, com suas respectivas interações com os ambientes. Os dados das análises foram obtidos a partir dos caracteres massa verde, matéria

seca, rendimento de grãos e *stay green*, avaliados em cruzamento dialélico completo entre 9 genitores, sem os recíprocos.

Os quadrados médios de variedades foram significativos a 5% de probabilidade para todos os caracteres estudados. O resultado é favorável ao melhoramento porque a ocorrência de diferenças varietais tende a aumentar a chance de sucesso em seleções subseqüentes. Neste contexto, ao apresentarem resultados sobre sete variedades de milho, Miranda Filho e Vencovsky (1984) concluíram que, para o caso de populações de polinização aberta, o efeito varietal é o principal componente na decomposição da heterose.

Para heterose, houve diferenças significativas a 5% de probabilidade para todos os caracteres avaliados, indicando uma dissimilaridade na manifestação da heterose das combinações híbridas.

A significância associada aos quadrados médios de heterose oportunizou o desdobramento da variância em três componentes: quadrado médio da heterose média, quadrado médio da heterose varietal e quadrado médio da heterose específica.

Com relação à heterose média, houve diferenças significativas entre genótipos para todos os caracteres, a 5% de probabilidade, pelo teste F, exceto para rendimento de grãos.

Em relação à heterose varietal, não houve diferenças significativas há 5% de probabilidade para os caracteres massa verde e matéria seca, demonstrando uma maior importância dos efeitos gênicos de dominância e epistasia para a seleção de genótipos superiores em rendimento de grãos e *stay green*; quando comparado ao que se espera da seleção de genótipos promissores para os caracteres massa verde e matéria seca.

A heterose específica já foi abordada no estudo dos efeitos de \hat{s}_{ij} na análise de Griffing (1956).

De modo semelhante ao verificado no presente trabalho, Araújo e Miranda Filho (2001), trabalhando com onze populações de polinização aberta de milho em esquema de dialélico completo, verificaram que, no caso do rendimento de grãos, houve diferenças significativas quanto aos efeitos de variedades, heterose e heterose média.

Gomes et al., (2004) trabalharam com 12 linhagens de milho em esquema de dialelo parcial. Verificaram diferenças significativas entre as estimativas de heterose e heterose média para o caráter matéria seca, mas não observaram interação entre a heterose média e os ambientes. Seus resultados, portanto, foram semelhantes aos obtidos no presente estudo.

A análise das estimativas dos efeitos de variedades, de heterose e de heterose varietal revelou que as variações em produção de matéria seca foram particularmente afetadas pelas variações ambientais, ocorrendo, portanto, interação das estimativas com os ambientes. Para o caráter massa verde, houve interação significativa com os ambientes para as estimativas de heterose e heterose varietal. Por último, com relação ao rendimento de grãos, houve interação significativa com os ambientes apenas para a estimativa de heterose varietal.

O Quadro 24 contem os resultados da análise de variância conjunta, realizada segundo a metodologia de Gardner e Eberhart (1966), contendo os quadrados médios de tratamentos, variedades e heterose, incluindo o desdobramento da heterose em heterose média, heterose varietal e heterose específica com suas respectivas interações com os ambientes, para os caracteres porcentagem de colmo, porcentagem de espiga, porcentagem de folha, altura de planta e altura de espiga, avaliados em cruzamento dialélico completo entre 9 genitores, sem os recíprocos.

Os quadrados médios de variedades foram significativos a 5% de probabilidade para todos os caracteres estudados. Para heterose, houve diferenças significativas a 5% de probabilidade para todos os caracteres avaliados, indicando diferenças na manifestação da heterose das combinações híbridas.

Quadro 23 – Análise de variância conjunta para os caracteres: massa verde (MV), matéria seca (MS), rendimento de grãos (RG) e *stay green*, segundo a metodologia de Gardner e Eberhart (1966)

FV	GL	QM			
		MV (t.ha ⁻¹)	MS (t.ha ⁻¹)	RG (t.ha ⁻¹)	<i>Stay green</i>
Genótipos	44	135,53*	24,75*	6,17*	1,71*
Variedades (\hat{v}_j)	8	364,63*	62,81*	11,57*	6,19*
Heterose (\hat{h})	36	84,62*	16,29*	4,97*	0,72*
Heterose média (\bar{h})	1	640,79*	55,54*	0,03 ^{ns}	1,14*
Heterose varietal (\hat{h}_j)	8	77,40 ^{ns}	10,32 ^{ns}	9,66*	0,87*
Heterose específica (\hat{s}_{ij})	27	66,15 ^{ns}	16,60*	3,77*	0,65*
Ambiente	1	5832,41*	364,51*	64,64*	60,68*
Genótipos x ambientes	44	75,18*	13,49*	0,88 ^{ns}	0,14 ^{ns}
Variedades x ambientes	8	59,67 ^{ns}	20,29*	1,38 ^{ns}	0,36 ^{ns}
Heterose x ambientes	36	78,63*	11,99*	0,77 ^{ns}	0,09 ^{ns}
Heterose média x ambientes	1	168,76 ^{ns}	4,25 ^{ns}	1,22 ^{ns}	0,07 ^{ns}
Heterose varietal x ambientes	8	106,08*	19,26*	1,72*	0,07 ^{ns}
Heterose específica x ambientes	27	67,15 ^{ns}	10,12 ^{ns}	0,47 ^{ns}	0,09 ^{ns}
Resíduo combinado	220	48,46	7,36	0,94	0,28
Média Geral		57,01	19,23	8,65	2,32

*: Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade; ns: não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Araújo e Miranda Filho (2001) verificaram haver diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste F para variedades nos caracteres altura de planta e altura de espiga em milho. Os mesmos autores identificaram diferenças significativas para a heterose quanto à altura de espiga, ao passo que Kvitschal et al. (2004), trabalhando com seis populações de milho em esquema de dialelo completo, verificaram diferenças significativas para heterose em altura de plantas.

A significância encontrada nos quadrados médios de heterose oportunizou o desdobramento desses quadrados médios em seus três componentes: quadrado médio da heterose média, quadrado médio da heterose varietal e quadrado médio da heterose específica.

Para heterose média, houve diferenças significativas a 5% de probabilidade apenas em relação à altura de espigas. No entanto, com relação aos caracteres em que não houve significância de heterose média, foram detectadas diferenças significativas para heterose varietal (porcentagem de folha; altura de espiga e de planta) e para heterose específica (porcentagem de espiga, colmo e altura de planta).

A ausência de heterose média, no caso de caracteres com heterose varietal significativa, indica a presença de genitores que, quando cruzados, expressam maior divergência genética em relação ao total de genitores utilizados, atuando no sentido de aumentar a média do caráter.

Em relação à interação das estimativas com os ambientes, a porcentagem de folhas foi o caráter que mais sofreu influência ambiental ao expressar o efeito de variedades, heterose, heterose média e heterose específica. Para a porcentagem de colmo, altura de planta e altura de espiga, houve interação significativa com os ambientes para as estimativas de variedades.

Kvitschal et al. (2004) não observaram diferenças significativas produzidas por interações entre as estimativas de heterose, heterose média, heterose varietal e heterose específica com os ambientes, para os caracteres altura de plantas e altura de espigas. Concluíram que, para esses caracteres, apenas um ensaio seria suficiente para selecionar os genótipos superiores, dado o comportamento similar dos genótipos nos ensaios realizados.

No quadro 25, encontra-se a análise de variância segundo a

metodologia de Gardner e Eberhart (1966) com os quadrados médios de genótipos, variedades e heterose, incluindo o desdobramento da heterose em heterose média, heterose varietal e heterose específica para os caracteres relacionados à qualidade da forragem: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO), avaliados em cruzamento dialélico completo entre 9 genitores, sem os recíprocos.

De modo geral, houve diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste F para a maioria das estimativas em todos os caracteres avaliados, indicando uma grande chance de sucesso para a síntese de novos genótipos, fruto da contribuição de alelos favoráveis provindos de genitores que contribuirão para a melhora da qualidade do alimento.

A ausência de significância para o efeito de variedades para o caráter proteína permite observar que os genitores formam um grupo relativamente homogêneo. No entanto, como houve significância dos componentes da heterose, existem combinações híbridas favoráveis ao aumento do teor de proteína no alimento. Deste modo, os efeitos gênicos não aditivos são mais importantes para o aumento do teor de proteína quando comparados com os efeitos gênicos aditivos. Logo, o melhorista deverá priorizar a exploração da heterose entre indivíduos contrastantes para este caráter.

Para o restante dos caracteres, observam-se que os genitores não formam um grupo homogêneo, sendo importante para o melhoramento os parentais com bom desempenho per se. Os efeitos relacionados com os componentes da heterose também podem ser explorados com sucesso para o aumento da qualidade da forragem devido à complementaridade de alelos responsáveis pela diminuição dos teores de fibra.

Gomes et al., (2006) trabalharam com doze linhagens de milho previamente selecionadas, seis de maior e seis de menor digestibilidade, para a formação de um dialelo parcial 6x6, incluindo as linhagens parentais. Os autores encontraram significância de efeitos de heterose para fibra em detergente neutro, analogamente aos resultados obtidos no presente trabalho.

Quadro 24 - Análise de variância conjunta para os caracteres porcentagem de folha, de espiga, de colmo; altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), segundo a metodologia de Gardner e Eberhart (1966)

FV	GL	QM				
		% Folha	% Espiga	% Colmo	AP (m)	AE (m)
Genótipos	44	7,62*	17,99*	14,51*	0,08*	0,04*
Variedades (\hat{v}_j)	8	17,84*	26,86*	27,47*	0,30*	0,11*
Heterose (\hat{h})	36	5,35*	16,03*	11,63*	0,03*	0,02*
Heterose média (\bar{h})	1	0,02 ^{ns}	25,56 ^{ns}	24,23 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,05*
Heterose varietal (\hat{h}_j)	8	10,78*	17,33 ^{ns}	7,30 ^{ns}	0,05*	0,02*
Heterose específica (\hat{s}_{ij})	27	3,95 ^{ns}	15,29*	12,45*	0,02*	0,02*
Ambiente	1	848,76*	239,96*	186,39*	1,93*	4,39*
Genótipos x Ambientes	44	5,26*	10,36 ^{ns}	9,56 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01*
Variedades x Ambientes	8	9,03*	17,73 ^{ns}	16,40*	0,018*	0,03*
Heterose x Ambientes	36	4,42*	8,73 ^{ns}	8,04 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}
Heterose média x Ambientes	1	10,16*	5,29 ^{ns}	0,80 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,00 ^{ns}
Heterose varietal x Ambientes	8	2,42 ^{ns}	4,13 ^{ns}	7,12 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}
Heterose específica x Ambientes	27	4,80*	10,21 ^{ns}	8,58 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}
Resíduo	220	2,86	9,15	7,94	0,01	0,01
Média Geral		17,36	38,78	43,86	2,26	1,25

*: Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade; ns: não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Quadro 25 – Análise de variância dialélica de Gardner e Eberhart (1966) com os quadrados médios dos seguintes caracteres: proteína (%); fibra em detergente neutro FDN (%); fibra em detergente ácido FDA (%); lignina (%); matéria mineral (MM %) e matéria orgânica (MO %)

FV	Genótipos	Variedades	Heterose	Heterose média	Heterose varietal	Heterose específica	Resíduo
Proteína	0,59*	0,29ns	0,65*	1,48*	1,10*	0,49 ^{ns}	0,31
FDN	22,60*	22,24*	22,68*	23,91 ^{ns}	17,64*	24,13*	8,02
FDA	11,71*	22,96*	9,21 ^{ns}	0,30 ^{ns}	15,60*	7,64 ^{ns}	6,62
Lignina	3,50*	7,41*	2,63*	0,37 ^{ns}	3,68*	2,40*	0,92
MM	1,13*	1,42*	1,06*	2,19*	0,70*	1,13*	0,24
MO	1,13*	1,42*	1,06*	2,19*	0,70*	1,13*	0,24

*: Significativo pelo teste F a 5 % de probabilidade; ns: não significativo a 5% de probabilidade (teste F).

4.3.1 Estimativas do efeito de variedades (\hat{v}_j)

As estimativas do efeito de variedades para os caracteres massa verde, rendimento de grãos, *stay green* e porcentagem de espiga se encontram no Quadro 26. Para esses caracteres, foram consideradas as estimativas do ambiente médio devido à não significância da interação da estimativa com os ambientes. Estes efeitos referem-se ao desempenho dos genitores *per se*.

Quadro 26 – Estimativa dos efeitos de variedade para os caracteres: massa verde (MV), rendimento de grãos (RG), *stay green* (SG), porcentagem de espiga e altura de planta (AP)

Efeito (\hat{v}_j)	MV (t.ha ⁻¹)	RG (t.ha ⁻¹)	SG*	% Espiga
1: Impacto	-1,97	1,55	-0,85	1,33
2: Cargo	0,36	0,02	-0,22	-2,32
3: P30B39	-0,80	1,41	0,11	0,73
4: P30P34	2,36	0,01	0,45	1,55
5: P30R50	1,40	0,71	0,70	-1,24
6: CD304	-7,14	-1,35	1,13	-1,79
7: CD308	-5,62	-0,65	-0,35	0,72
8: 2B710	2,77	-2,85	-1,25	2,35
9: DKB390	8,63	1,16	0,30	-1,33

* Número de folhas senescentes por planta.

Para os caracteres matéria seca, porcentagem de folha e porcentagem de colmo houve interação significativa entre as estimativas de \hat{v}_j e ambientes.

Deste modo, têm-se no Quadro 27 as estimativas referentes a cada ambiente.

Do mesmo modo, encontram-se no Quadro 28 as estimativas de \hat{v}_j referentes a cada ambiente para os caracteres altura de planta e altura de espiga.

Quadro 27 – Estimativa dos efeitos de variedade para os caracteres: matéria seca (MS), porcentagem de folha e porcentagem de colmo

Efeito (\hat{v}_j)	MS (t.ha ⁻¹)		% Folha		% Colmo	
	Ambientes		Ambientes		Ambientes	
	A1	A2	A1	A2	A1	A2
1: Impacto	3,08	-3,59	1,29	1,29	-4,55	-0,69
2: Cargo	0,20	4,07	1,33	1,97	0,86	0,49
3: P30B39	3,71	-0,11	-1,80	-0,22	1,05	-0,49
4: P30P34	-1,87	1,88	-0,70	0,09	-0,10	-2,39
5: P30R50	0,03	-0,35	-0,68	-0,24	2,20	1,19
6: CD304	-3,12	-3,98	2,87	-0,99	-0,95	2,65
7: CD308	-2,89	-1,84	-0,57	-0,03	0,38	-1,22
8: 2B710	-3,30	3,20	0,19	-2,62	-0,40	-1,87
9: DKB390	4,16	0,75	-1,93	0,76	1,51	2,32

Quadro 28 – Estimativa dos efeitos de variedade para os caracteres: altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)

Efeito (\hat{v}_j)	AP (m)		AE (m)	
	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2
1: Impacto	-0,05	0,02	-0,05	0,08
2: Cargo	-0,10	-0,10	-0,02	0,02
3: P30B39	0,26	0,26	0,12	0,04
4: P30P34	0,04	-0,03	0,03	0,03
5: P30R50	0,05	0,13	0,01	0,09
6: CD304	-0,18	-0,22	-0,13	-0,15
7: CD308	-0,23	-0,14	-0,12	-0,03
8: 2B710	-0,06	-0,13	-0,08	-0,14
9: DKB390	0,28	0,22	0,23	0,07

Observa-se que, para os caracteres referentes à produtividade (massa verde, matéria seca e rendimento de grãos), há três genitores que, de modo geral, se destacam quanto a sua estimativa de \hat{v}_j : Impacto, P30B39 e DKB 390. O parental DKB 390 mostra-se o mais estável por apresentar boas estimativas em ambos os ambientes.

Os resultados obtidos permitem inferir que os genitores são distintos quanto aos caracteres de produtividade; fato que pode ser confirmado pela significância das estimativas de heterose, fruto da complementação de genes entre genitores contrastantes. Isto é de extrema importância para o melhoramento vegetal, pois permite explorar a variabilidade genética existente para a obtenção de genótipos superiores em produtividade.

Para os caracteres *stay green* e porcentagem de espiga, o genitor que mais se destacou quanto a sua estimativa de \hat{v}_j foi o Impacto. Este genitor não só possui bom desempenho *per se* para produtividade, como também contribui para melhorar a qualidade da forragem, uma vez que apresenta boas estimativas para *stay green* e porcentagem de espiga, caracteres que vão contribuir para aumentar a digestibilidade, os nutrientes e a conversão da matéria seca consumida em produto final (carne ou leite).

O genitor DKB390 apresentou, em ambos os ambientes, boas estimativas de \hat{v}_j para porcentagem de colmo. Tal característica é indesejável, pois quanto maior a porcentagem de colmo, maior será o teor de fibra, contribuindo para diminuir a qualidade da forragem.

Em contrapartida, o genitor Impacto apresenta-se como promissor para contribuir com a melhoria da qualidade da forragem, diminuindo a participação de colmo na massa verde e, conseqüentemente, na matéria seca, por apresentar estimativas de \hat{v}_j negativas. É importante salientar que, apesar da baixa porcentagem de colmo ser interessante nutricionalmente, ela não é desejada se estiver associada a problemas de acamamento de plantas.

Maiores estimativas de \hat{v}_j para altura de planta foram observadas nos genitores P30B39 e DKB390, contribuindo para o aumento de produtividade de massa verde e matéria seca, corroborando com as boas estimativas de \hat{v}_j destes genitores para estes caracteres. Para a porcentagem de folhas, os genitores Impacto e Cargo apresentaram boas estimativas de \hat{v}_j em ambos os ambientes, ao passo que, para altura de espigas, mereceu destaque o parental DKB390.

No Quadro 29, encontram-se as estimativas do efeito de variedade \hat{v}_j para os caracteres proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).

O genitor P30P34 mostrou ser importante na redução dos teores de fibra da forragem, contribuindo com o aumento da qualidade, da digestibilidade e da conversão alimentar. P30P34 apresentou estimativas negativas de \hat{v}_j para os caracteres fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido e lignina. Deste modo, a presença de P30P34 pode ser importante em um programa de melhoramento de milho forrageiro, pois foi o parental com maior frequência de alelos favoráveis à redução dos teores totais de fibra da forragem.

Juntamente com P30P34, o genitor Impacto também apresentou estimativas de \hat{v}_j interessantes no sentido de diminuir os teores de fibra de maior dificuldade para a digestão, como fibra em detergente ácido e lignina. Para matéria mineral, 2B710 teve a maior estimativa de \hat{v}_j . O genitor P30P34 apresentou maior estimativa de \hat{v}_j para matéria orgânica.

Quadro 29 – Estimativa dos efeitos de variedade para os caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO)

Genitor	Caracteres				
	FDN	FDA	Lignina	MM	MO
1: Impacto	1,90	-2,24	-0,64	-0,35	1,90
2: Cargo	-0,25	3,87	-1,41	-0,31	-0,25
3: P30B39	4,23	1,02	0,10	-1,06	4,23
4: P30P34	-7,28	-2,21	-0,36	0,05	-7,28
5: P30R50	-0,90	0,88	-0,10	0,33	-0,90
6: CD304	0,21	-0,80	1,41	-0,18	0,21
7: CD308	0,64	2,82	1,29	0,22	0,64
8: 2B710	2,28	-2,66	-0,23	0,84	2,28
9: DKB390	-0,83	-0,67	-0,05	0,47	-0,83

4.3.2 Estimativas da heterose de variedades (\hat{h}_j)

A heterose de variedades representa os desvios em relação à heterose média. Uma estimativa negativa de heterose de variedades indica pouca diversidade da variedade em questão, em relação ao total de variedades estudadas. Por outro lado, quando a estimativa for positiva, isso indica maior divergência genética em comparação ao total de variedades analisadas, de modo que a variedade em questão, quando cruzada com as demais, atua no sentido de aumentar a média do caráter.

As estimativas da heterose varietal para os caracteres porcentagem de folha, stay green, altura de planta e altura de espiga podem ser visualizadas no Quadro 30.

Para estes caracteres, o genitor 2B710 apresentou as maiores estimativas de \hat{h}_j , sendo o mais divergente, geneticamente, quando comparado aos outros genitores utilizados nos cruzamentos. Em outras palavras, 2B710 contribuiu com maior eficácia para o aumento da média desses caracteres nas suas progênies.

Quadro 30 – Estimativa dos efeitos de heterose varietal para os caracteres: porcentagem de folha, altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e *stay green* (SG)

Efeito (\hat{h}_j)	% Folha	SG *	AP (m)	AE (m)
1: Impacto	0,02	-0,21	0,05	0,02
2: Cargo	-0,06	0,10	0,05	0,03
3: P30B39	-0,09	0,00	-0,10	-0,07
4: P30P34	-0,33	0,00	-0,01	-0,03
5: P30R50	-0,30	-0,06	-0,04	-0,02
6: CD304	-1,53	-0,22	0,03	0,02
7: CD308	0,02	0,16	-0,02	-0,03
8: 2B710	1,64	0,50	0,07	0,06
9: DKB390	0,63	-0,28	-0,02	0,01

* Número de folhas senescentes por planta.

No Quadro 31, encontram-se as estimativas de \hat{h}_j para os caracteres matéria seca, rendimento de grãos e massa verde. Como neste caso a interação da estimativa com os ambientes foi significativa, será analisado o

desempenho dos genitores em ambos os ambientes avaliados.

No caso de matéria seca e massa verde, os genitores que apresentaram boas estimativas de \hat{h}_j em um dos ambientes tiveram comportamento distinto no outro ambiente. Deste modo, a análise desta estimativa para matéria seca ficou comprometida pela grande influência ambiental.

Para rendimento de grãos, 2B710 apresentou as melhores estimativas de \hat{h}_j em ambos os ambientes. O resultado permite inferir que se trata do melhor parental devido à complementação dos genes nas suas progênes, pois é o genitor mais contrastante para rendimento, quando comparado ao restante dos genitores avaliados. Assim, a grande heterose varietal de 2B710 explicou, de certo modo, o aumento da média de rendimento de grãos em seus descendentes.

Quadro 31 – Estimativa dos efeitos de heterose varietal para os caracteres: matéria seca (MS) e rendimento de grãos (RG)

Efeito (\hat{h}_j)	MS (t.ha ⁻¹)		RG (t.ha ⁻¹)		MV (t.ha ⁻¹)	
	Ambientes		Ambientes		Ambientes	
	A1	A2	A1	A2	A1	A2
1: Impacto	-0,84	1,53	0,03	-0,56	0,65	1,18
2: Cargo	1,73	-2,08	-0,10	0,67	1,52	-3,02
3: P30B39	-2,77	-0,64	-0,66	-0,66	-5,06	-2,12
4: P30P34	0,81	-1,57	0,13	-0,97	0,85	-3,72
5: P30R50	-1,00	0,47	-0,20	-0,54	-3,22	3,15
6: CD304	0,43	0,27	0,30	-0,01	2,05	3,70
7: CD308	0,15	0,02	-0,49	-0,26	-3,52	-1,20
8: 2B710	2,21	0,52	1,45	2,49	6,52	-3,29
9: DKB390	-0,74	1,48	-0,47	-0,15	0,20	5,33

No Quadro 32, encontram-se as estimativas de \hat{h}_j para os caracteres relacionados à qualidade da forragem, como proteína, fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido, lignina, matéria mineral e matéria orgânica.

O genitor Impacto teve destaque entre os demais parentais, no sentido de melhorar a qualidade da forragem.

Considerando suas heteroses específicas, ele contribuiu para diminuir os teores de fibra da forragem quando utilizado em cruzamentos, aumentando

a digestibilidade e a qualidade do alimento. Esse genitor também apresentou estimativa favorável à qualidade, em relação ao caráter matéria mineral.

Para proteína, o genitor P30B39 obteve a maior estimativa de \hat{h}_j . Para matéria orgânica, os genitores Cargo e CD304 apresentaram estimativas de \hat{h}_j relativamente altas, ao passo que, para matéria mineral, o genitor Impacto foi o de maior estimativa.

Quadro 32 – Estimativa dos efeitos de heterose varietal dos caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO)

Genitor	Caracteres					
	Proteína	FDN	FDA	Lignina	MM	MO
1: Impacto	0,13	-1,35	-1,05	-1,10	0,39	-0,39
2: Cargo	0,29	-0,17	-2,46	0,63	-0,36	0,36
3: P30B39	0,65	-1,19	-0,22	0,32	0,18	-0,18
4: P30P34	0,14	3,18	1,51	0,52	0,25	-0,25
5: P30R50	-0,14	0,72	-0,59	-0,39	-0,12	0,12
6: CD304	0,19	-0,72	0,30	-0,33	-0,40	0,40
7: CD308	-0,27	-1,08	-0,82	-0,90	-0,29	0,29
8: 2B710	-0,47	-0,86	1,26	0,53	0,06	-0,06
9: DKB390	-0,52	1,48	2,05	0,72	0,29	-0,29

4.4 Depressão endogâmica

A análise de variância entre os genótipos envolvidos, os genitores e suas nove gerações S_1 forneceu valores de quadrado médio do resíduo, aptos à utilização nos t-testes que objetivaram verificar a significância da depressão por endogamia, ou seja, a constatar se houve diferenças significativas entre as médias dos genitores *per se* quando comparadas às respectivas gerações S_1 .

No Quadro 33, encontra-se a análise de variância conjunta para os dezoito genótipos de interesse no estudo da depressão por endogamia para os caracteres massa verde, matéria seca, rendimento de grãos, *stay green*, porcentagem de espiga, de colmo e folha, altura de planta e altura de espiga.

Quadro 33 – Análise de variância conjunta dos genitores e de suas gerações S₁ para os caracteres: massa verde (MV), matéria de seca (MS), rendimento de grãos (RG), *stay green* (SG), porcentagem de espiga, porcentagem de colmo, porcentagem de folha, altura de planta (AP) e altura de espiga (AE)

Caracteres	QM ²				CV (%)	Média
	Genótipos	Ambientes	Gen. x Amb.	Resíduo		
GL ¹	17	1	17	68	-	-
MV (t.ha ⁻¹)	209,63*	3981,92*	84,01 ^{ns}	53,90	14,52	50,54
MS (t.ha ⁻¹)	34,34 ^{ns}	311,20 ^{ns}	17,60*	7,61	16,49	16,72
RG (t.ha ⁻¹)	25,43*	13,93 ^{ns}	1,25 ^{ns}	1,19	15,72	6,94
SG	2,48*	17,44*	0,17 ^{ns}	0,24	22,88	2,17
% Espiga	31,46*	36,13 ^{ns}	10,06 ^{ns}	7,03	6,85	38,72
% Colmo	28,93*	100,51 ^{ns}	9,57 ^{ns}	7,16	6,05	44,23
% Folha	8,30*	257,39*	3,51 ^{ns}	3,59	11,11	17,04
AP (m)	0,22*	0,65*	0,01*	0,01	3,68	2,12
AE (m)	0,06*	1,47*	0,01 ^{ns}	0,01	5,40	1,15

1 - GL: Graus de liberdade 2 - *: Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade; ns: não significativo a 5% de probab. pelo teste F.

Os resultados da análise de variância conjunta (Quadro 33) indicam que, com exceção do caractere matéria seca, as diferenças observadas pelo efeito de genótipos foram significativas a 5% de probabilidade pelo teste F. Quanto à interação com os ambientes, houve significância para essa interação no caso dos caracteres matéria seca e altura de plantas.

A análise de variância para os caracteres relacionado à qualidade da forragem, avaliados apenas no primeiro ensaio (proteína, fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido, lignina, matéria mineral e matéria orgânica) encontra-se no Quadro 34.

Quadro 34 – Análise de variância dos genitores e de suas gerações S₁ para os caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO)

Caracteres	QM		CV	Média
	Genótipos	Resíduo		
GL	17	34	-	-
Proteína (%)	1,36*	0,36	8,25	7,30
FDN (%)	39,23*	7,36	4,04	67,07
FDA (%)	15,04*	4,40	7,23	29,01
Lignina (%)	2,38 ^{ns}	1,35	15,32	7,58
MM (%)	0,63*	0,24	11,62	4,21
MO (%)	0,63*	0,24	0,51	95,78

* Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade; ns não significativo a 5% de probab. pelo teste F.

Houve diferenças significativas entre os genótipos para todos os caracteres avaliados exceto para lignina.

No Quadro 35, encontram-se os valores de depressão por endogamia em porcentagem para os caracteres massa verde, rendimento de grãos, stay green e altura de espiga. No referido Quadro, valores negativos dizem respeito à superioridade dos S1's e valores positivos dizem respeito à superioridade dos genitores. Como não houve interação significativa entre genótipos e ambientes para estes caracteres, os valores de depressão por endogamia foram estimados a partir das médias dos genótipos nos dois ensaios avaliados.

A não significância das diferenças entre os genitores e suas respectivas gerações S1, detectada pelo teste t a 5% de probabilidade para os caracteres massa verde, stay green e altura de espiga indica que, para esses caracteres, prevalecem os efeitos genéticos aditivos nos locos responsáveis pela herança, sem uma grande manifestação de genes deletérios na população segregante. Isso resultou em médias semelhantes entre as populações avaliadas.

Para o caráter rendimento de grãos, com exceção do verificado no caso dos genitores CD304 e 2B710, foram observadas diferenças significativas entre os parentais e suas respectivas progênes endogâmicas, a 5% de probabilidade pelo teste t. No caso, ficou demonstrado que o rendimento sofreu uma expressiva influência de locos em heterozigose, com quebra de rendimento expressiva entre os genitores e suas gerações S1, resultante da alta incidência de genes deletérios encontrados na população segregante.

Quadro 35 – Depressão por endogamia em porcentagem dos caracteres: massa verde (MV), rendimento de grãos (RG), *stay green* (SG) e altura de espiga (AE)

Genitores	MV (t.ha ⁻¹)	RG (t.ha ⁻¹)	SG	AE (m)
1: Impacto	-0,31 ^{ns}	34,98*	-7,50 ^{ns}	11,95 ^{ns}
2: Cargo	18,00 ^{ns}	41,51*	-40,68 ^{ns}	9,63 ^{ns}
3: P30B39	11,84 ^{ns}	45,82*	30,43 ^{ns}	17,00 ^{ns}
4: P30P34	16,36 ^{ns}	40,95*	18,35 ^{ns}	13,83 ^{ns}
5: P30R50	12,78 ^{ns}	47,79*	-5,20 ^{ns}	11,12 ^{ns}
6: CD304	9,64 ^{ns}	38,77 ^{ns}	21,11 ^{ns}	10,90 ^{ns}
7: CD308	18,83 ^{ns}	44,42*	-20,91 ^{ns}	13,87 ^{ns}
8: 2B710	17,34 ^{ns}	12,28 ^{ns}	-8,34 ^{ns}	0,74 ^{ns}
9: DKB390	7,44 ^{ns}	34,97*	32,88 ^{ns}	13,30 ^{ns}

* Significativo pelo teste t a 5% de probabilidade; ns não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

Os valores de depressão por endogamia para as porcentagens de espiga, de colmo e de folha encontram-se no Quadro 36.

Analogamente ao Quadro 35, valores negativos no Quadro 36 dizem respeito à superioridade dos S_1 's e valores positivos dizem respeito à superioridade dos genitores. Para as porcentagens de espiga, de colmo e de folhas, não foi detectada significância a 5% de probabilidade pelo teste t para a diferença entre os parentais e suas progênes endogâmicas. Isto demonstra que, para tais caracteres, a expressão de genes com ação aditiva foi mais importante do que a manifestação proveniente de locos com alguma dominância. Logo, infere-se que a busca de cruzamentos entre linhagens parentais de alta qualidade e não muito contrastantes entre si para tais atributos pode ser uma boa alternativa para o desenvolvimento de híbridos e/ou populações, uma vez que o sucesso do híbrido ou da população dependerá de qualidades provindas de ambos os parentais envolvidos em cada cruzamento.

Quadro 36 – Depressão por endogamia para as porcentagens de espiga, de colmo e de folha

Genitores	%Espiga	%Colmo	%Folha
1: Impacto	3,87 ^{ns}	-2,91 ^{ns}	-2,13 ^{ns}
2: Cargo	7,32 ^{ns}	-9,89 ^{ns}	8,61 ^{ns}
3: P30B39	-7,29 ^{ns}	3,45 ^{ns}	8,70 ^{ns}
4: P30P34	9,25 ^{ns}	-12,29 ^{ns}	8,10 ^{ns}
5: P30R50	4,91 ^{ns}	-3,85 ^{ns}	-0,85 ^{ns}
6: CD304	-4,64 ^{ns}	-3,10 ^{ns}	17,03 ^{ns}
7: CD308	6,26 ^{ns}	-5,69 ^{ns}	-0,42 ^{ns}
8: 2B710	3,59 ^{ns}	-1,61 ^{ns}	-5,07 ^{ns}
9: DKB390	7,39 ^{ns}	-4,67 ^{ns}	-4,19 ^{ns}

Valores seguidos por ns não são significativos pelo teste t a 5% de probabilidade.

O Quadro 37 apresenta os resultados da análise de depressão endogâmica para os caracteres matéria seca e altura de planta. Analogamente aos quadros anteriores, valores negativos no Quadro 37 dizem respeito à superioridade dos S_1 's e valores positivos dizem respeito à superioridade dos genitores.

A interação significativa entre os genótipos e ambientes para a matéria seca e altura de planta exigiu que a avaliação da depressão por endogamia fosse desenvolvida de acordo com o desempenho dos genótipos em cada

ambiente. Observa-se no Quadro 37 que não houve diferenças significativas entre os genitores e suas gerações S_1 para a maioria dos genótipos avaliados. Para altura de planta, foram detectadas diferenças significativas entre o desempenho do genitor P30B39 *per se* e o comportamento de sua geração S_1 , nos dois ambientes avaliados. O resultado evidenciou a importância dos efeitos genéticos não aditivos na herança do caráter, quando comparada à herança do mesmo atributo nos demais genitores.

Quadro 37 – Depressão por endogamia em porcentagem dos caracteres: matéria seca (MS) e altura de planta (AP)

Genitores	MS (t.ha ⁻¹)		AP (m)	
	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2
1: Impacto	9,60 ^{ns}	-10,18 ^{ns}	12,38 ^{ns}	10,35 ^{ns}
2: Cargo	10,81 ^{ns}	33,40*	6,84 ^{ns}	5,38 ^{ns}
3: P30B39	47,33*	16,69 ^{ns}	16,00*	17,89*
4: P30P34	26,07 ^{ns}	18,30 ^{ns}	10,62 ^{ns}	6,68 ^{ns}
5: P30R50	24,35 ^{ns}	8,01 ^{ns}	6,95 ^{ns}	13,28*
6: CD304	18,10 ^{ns}	-9,09 ^{ns}	10,34 ^{ns}	9,98 ^{ns}
7: CD308	29,41 ^{ns}	9,93 ^{ns}	8,70 ^{ns}	18,54*
8: 2B710	-10,62 ^{ns}	20,26 ^{ns}	7,19 ^{ns}	1,36 ^{ns}
9: DKB390	34,69 ^{ns}	18,24 ^{ns}	9,45 ^{ns}	14,79*

* Significativo pelo teste t a 5% de probabilidade; ns não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

Lima et al., (1984) encontraram menores valores de depressão por endogamia para altura de planta e altura de espiga. Os autores postulam que isto se deve à menor importância dos efeitos de dominância, pois os efeitos genéticos aditivos foram predominantes na expressão de ambos os caracteres.

Os valores de depressão por endogamia para os caracteres referentes à qualidade da forragem (proteína, fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido, lignina, matéria mineral e matéria orgânica) encontram-se no Quadro 38. Nesse quadro, os valores negativos dizem respeito à superioridade dos S_1 's e os valores positivos dizem respeito à superioridade dos genitores.

Para os caracteres de qualidade, observa-se que os efeitos gênicos de dominância e epistasia não têm maior importância quando comparado aos efeitos da aditividade, pois na maioria dos casos não se observaram diferenças

significativas entre os genitores *per se* e suas respectivas gerações S₁. Nesse caso, a síntese de híbridos e/ou populações com alta qualidade nutricional deve contemplar uma cuidadosa seleção dos parentais, masculinos e femininos, de modo que ambos tenham alta qualidade nutricional, para que o híbrido ou população tenha uma alta frequência de genes aditivos, que sejam favoráveis aos caracteres de interesse.

Quadro 38 – Depressão por endogamia em porcentagem dos caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).

Genitores	Proteína (%)	FDN (%)	FDA (%)	Lignina (%)	MM (%)	MO (%)
1: Impacto	9,04 ^{ns}	-4,91 ^{ns}	-7,14 ^{ns}	-1,20 ^{ns}	-37,95 ^{ns}	1,29 ^{ns}
2: Cargo	-7,05 ^{ns}	0,49 ^{ns}	12,06 ^{ns}	-34,76 ^{ns}	-28,69 ^{ns}	1,18 ^{ns}
3: P30B39	-25,17 ^{ns}	14,73*	4,40 ^{ns}	4,29 ^{ns}	-7,37 ^{ns}	0,29 ^{ns}
4: P30P34	-24,80*	0,26 ^{ns}	-3,73 ^{ns}	-12,86 ^{ns}	-6,81 ^{ns}	0,31 ^{ns}
5: P30R50	4,54 ^{ns}	2,81 ^{ns}	-5,43 ^{ns}	0,89 ^{ns}	11,65 ^{ns}	-0,59 ^{ns}
6: CD304	-4,86 ^{ns}	1,46 ^{ns}	-2,28 ^{ns}	10,45 ^{ns}	8,19 ^{ns}	-0,37 ^{ns}
7: CD308	-10,98 ^{ns}	3,89 ^{ns}	4,71 ^{ns}	1,18 ^{ns}	-3,80 ^{ns}	0,17 ^{ns}
8: 2B710	6,08 ^{ns}	-0,07 ^{ns}	-2,65 ^{ns}	11,21 ^{ns}	18,39 ^{ns}	-0,84 ^{ns}
9: DKB390	-0,97 ^{ns}	3,80 ^{ns}	-22,02*	-27,18 ^{ns}	-24,91 ^{ns}	0,92 ^{ns}

* Significativo pelo teste t a 5% de probabilidade; ns não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

5 CONCLUSÕES

Os progenitores DKB390 e Impacto apresentam altas estimativas de \hat{g}_j e \hat{v}_j para a maioria dos caracteres de interesse.

O parental Impacto pode ser recomendado para a melhoria dos caracteres agrônômicos, no sentido de reduzir os teores de FDA e lignina e também para aumentar a participação de folhas e espigas na silagem, contribuindo para a melhoria da qualidade devido ao aumento na digestibilidade da silagem.

O genitor P30P34 também merece destaque porque as plantas de suas progênes tendem a apresentar um menor teor de fibra.

Tomados em conjunto, os parentais DKB390, Impacto e P30P34 podem ser empregados no melhoramento intrapopulacional do milho ou serem direcionados aos programas de seleção recorrente.

As combinações híbridas 2B710 x DKB390 e CD304 x DKB390 se destacam nos caracteres relacionados à produtividade (massa verde, matéria seca, rendimento de grãos e altura de planta).

Os cruzamentos Impacto x DKB390 e Impacto x P30P34 são promissores na redução dos teores de fibra, aumentando a qualidade da forragem.

A combinação entre os parentais Impacto e P30B39 é importante para aumentar a qualidade do alimento, devido à melhoria em stay green e proteína, podendo ser utilizada no melhoramento interpopulacional ou na extração de linhagens.

Em termos gerais, a depressão por endogamia não é significativa no melhoramento de milho para fins de silagem, exceto para o caráter rendimento de grãos, controlado parcialmente por genes que expressam efeitos gênicos não aditivos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, C.G. de. **ANÁLISE DIALÉLICA DE LINHAGENS DE MILHO (*Zea mays* L.) NA SAFRINHA**. Maringá, UEM, 2002. Dissertação (mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia em Melhoramento Genético vegetal.

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: J. Willey, 1960.

AOAC. Association of Official Analytical Chemists. **Official methods of analysis**. 13. Washington D.C., 1984.

ARAÚJO, P.M.; GERAGE, A.G. Capacidade de combinação e depressão por endogamia em híbridos e populações de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 24., 2002, Florianópolis. **Anais...** Florianópolis: ABMS, 2002. 1 CD-ROM.

_____; MIRANDA FILHO, J.B. Analysis of diallel cross for the evaluation of maize populations across environments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Londrina, v.1, n.3, p. 255-262. 2001.

BANZATTO, D.A.; KRONKA, S. N. **Experimentação agrícola**. Jaboticabal: FUNEP, 1989.

BORÉM, A. (Ed.) **Híbridação artificial de plantas**. Viçosa: UFV, 1999. 546p.

CHAVES, L.G. **Seleção de genitores comerciais e controle genético de características agrônômicas e nutricionais de plantas de milho para silagem**. 2009. p. 73. Dissertação (Mestrado em Genética e melhoramento) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

CONAB, 2011: Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira: **Grãos safra 2010/2011 nono levantamento**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/11_01_06_0_41_56_boletim_gra_4o_lev_safra_2010_2011.pdf> Acesso em: 17 jan 2011.

COORS, J.G.; CARTER, P.R.; HUNTER, R.B. Silage corn. In: HALLAUER, A.R. (Ed.). **Specialty corns**. Boca Raton: CRC Press, 1994.

CORREA, C.E.S. **Silagem de milho ou de cana-de-açúcar e o efeito da textura do grão de milho no desempenho de vacas holandesas**. 2001. 102p. Tese (Doutorado em Nutrição de Ruminantes) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

CRUZ, C. D. **Programa Genes** - Aplicativo computacional em genética e estatística. Versão 2008. Disponível em: <www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm 08/11/2010>. Acesso em: 2011.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2004. Cap. VII, p. 223-375.

_____; **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1994.

_____; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, p. 425-438, 1989.

_____; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001.

_____; J. C. et al. **Produção e utilização de silagem de milho e sorgo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2001.

EMBRAPA. **Informações Técnicas**: milho para silagem. 2005. Disponível em: <<http://www.cnpqgl.embrapa.br/silagem/index.php>>. Acesso em: 25 nov. 2007.

_____. Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Leite (Juiz de Fora, MG). **Avaliação de cultivares de milho para silagem – safra 94/95**. Juiz de Fora, 1997.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3. ed. New York: Longman, 1989.

FANCELLI A.L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000.

GARBUGLIO, D. D. **Variabilidade genética em progênies S1 e depressão por endogamia em populações de milho (*Zea mays* L.)**. 2007. 135 f. Dissertação (Mestrado em agronomia) - Universidade de São Paulo Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2007.

GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, North Carolina, v.22, p. 439-452. 1966.

GOERING, H.K., VAN SOEST, P.J. **Forage fiber analysis: apparatus reagents, procedures and some applications**. Agricultural Handbook, Washington. p. 379, 1970.

GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: ESALQ/USP, 7. ed., 1977.

GOMES, M. S.; PINHO, R. G. V.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. V. Alternativas para seleção de híbridos de milho envolvendo vários caracteres visando à produção de silagem. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 5. n. 3, p. 406-421, 2006.

GOMES, M.S.; VON PINHO, R.G.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.V.; BRITO, A.H. **Variabilidade genética em linhagens de milho nas características relacionadas com a produtividade de silagem**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 39, n. 9, p. 879-885, 2004.

_____. **Valor genético de linhagens de milho na produção e digestibilidade da silagem**. 2003. 135p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

_____, VON PINHO, R. G., OLIVEIRA, J. S., VIANA, A. C. et al. Avaliação de cultivares de milho para a produção de silagem: parâmetros genéticos e interação genótipos por ambientes. In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, Goiânia-GO. **Anais...** Goiânia, Embrapa Arroz e Feijão, Documentos 113, 2002. CD-ROM.

GOOD, R.L.; HALLAUER, A. Inbreeding depression in maize by selfing and full-sibbing. **Crop Science**, Madison, v. 17, p. 935-940, 1977.

GRALAK, E. **Capacidade combinatória de híbridos comerciais de milho para caracteres agrônômicos e bromatológicos da silagem**. Guarapuava, UNICENTRO, 2011. Dissertação (mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia em Produção Vegetal.

GRIFFING, A.R. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. **Australian Journal of Biological Science**, Victoria, v.9, p. 463-493, 1956.

HALLAUER, A.R.; SEARS, J.H. Changes in quantitative traits associated with inbreeding in a synthetic variety of maize. **Crop Science**, Madison, v.13, p. 327-330, 1973.

KVITSCHAL, M.V.; SCAPIM, C.A.; TONET, A.; PINTO, R.J.B.; RETUCI, V.S.; AMARAL JUNIOR, A.T. do; BRACCINI, A.L e. Análise dialélica de populações de milho na região Noroeste do Paraná, na safrinha. **Revista Ceres**.Viçosa, v.LI, n.293, p.19-32. 2004.

LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J.B.; GALLO, P.B. Inbreeding depression in brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v.29, p.203-215, 1984.

LOCATELLI, A.B. et al. Capacidade combinatória de nove linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.) em dois ambientes. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 3, p. 365-370, 2002.

MC DONALD, P., HENDERSON A R.; HERON E S. J. 1991. **Biochemistry of silage**. 2.ed. Marlow: Chalcombe Publication, 1991.

MEDEIROS, F. S.; NORBERG, J. L.; CHIELLE, Z. G.; SILVA, S. P. Comparação da produção e do valor nutritivo de híbridos de sorgo com híbridos de milho para silagem. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., 2000, Uberlândia. **Anais**. Sete Lagoas: ABMS, 2000. CD-ROM.

MIRANDA FILHO, J. B. Inbreeding and heterosis. In: COOR, J. G.; PANDEY, S. (Ed.). **The genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: American Society of Agronomy. 1999.

_____; VENCOVSKY, R. 1984. Analysis of diallel crosses among openpollinated varieties of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, 1984.

MITTELMANN, A.; SOUZA SOBRINHO, F.; OLIVEIRA, J.S.; FERNANDES, S.B.V.; LAJÚS, C.A.; MIRANDA, M.; ZANATTA, J.; MOLETTA, J.L. Avaliação de híbridos comerciais de milho para utilização como silagem na Região Sul do Brasil. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 3, p. 684-690, 2005.

NUSSIO, L. C. **Avaliação de cultivares de milho (*Zea mays* L.) para ensilagem através da composição química e digestibilidade “in situ”**. 1997. 58 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.

NUSSIO, L.G. Produção de Silagem de alta qualidade. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO., 19., 1992, Porto Alegre, RS. **Conferências...** Porto Alegre: SSA/SCT/ABMS/EMATER-RS/EMBRAPA/CNPMS, 1992. p. 155-175.

OLIBONI, R. **Capacidade combinatória e divergência genética entre híbridos comerciais de milho recomendados para a região centro sul do Paraná**. 2009.p.95. Dissertação (Produção Vegetal). Universidade Estadual do Centro Oeste, Guarapuava. PR.

OLIVEIRA, J.S.; SOUZA SOBRINHO, F. de; LANES, E.C.M. de; ALMEIDA, E.J.D. de; Avaliação de cultivares para silagem: resultado do ano agrícola 2005/2006. **Circular técnica 91**. Juiz de Fora. Minas Gerais, 2007.

_____; FERNANDES, S.B.V.; WÜNSCH, J.A.; LAJÚS, C.A.; DUFLOTH, J.H.; ZANATTA, J.C.; MOLETTA, J.L.; PEREIRA, V.; LEDO, F.J.S., BOTREL, M.A.; AUAD, M.V. **Estratificação de ambientes, adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho para silagem no sul do Brasil**. *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 34, n. 4, p. 997-1003, 2004.

_____. **Avaliação de cultivares de milho para silagem: resultados do ano agrícola 2002/2003**. Circular Técnica 78. Embrapa Gado de Leite. 2004. Disponível em: <<https://www.cileite.com.br/livraria/publicacoes/CT78.pdf>>. Acessado em 25/11/2007>. Acesso em: 2011.

PECK, J. R. **Sorting through the seed corn catalogs: new characteristics bred into grain and silage varieties make picking hybrids tough**. *Hoard's Dairyman*, Fort Atkinson, v. 23, p. 16, 1998.

PFANN, A.Z.; FARIA, M.V.; ANDRADE, A.A.; NASCIMENTO, I.R.; FARIA, C.M.D.R.; BRIGHENTTI, R.M. Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. **Ciência Rural**, Santa Maria. v. 39, n. 3, p. 635-641, 2009.

- PINTO, R. J. B. **Introdução ao melhoramento genético de plantas**. 2. ed. Maringá: Eduem, 2009.
- PIONEER. **Silagem de milho**. 2. ed. Santa Cruz do Sul: Pioner, 1993. (Informe Técnico, 6).
- ROCHA, M. K. H. R.; SETZNAGL, G.; SILVA, J. M. P. da; PEZZATO, L. E. **COMPARAÇÃO DA FIBRA EM DETERGENTE ÁCIDO (FDA) E DA FIBRA EM DETERGENTE NEUTRO (FDN) POR DIFERENTES MÉTODOS DE ANÁLISES**. Campus de Botucatu – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Revista Científica, Botucatu, Botucatu [s.n, 200-?].
- RODRIGUES, F.; VON PINHO, R.G.; ALBUQUERQUE, C.J.B.; FARIA FILHO, E.M.; GOULART, J.C. Capacidade de combinação entre linhagens de milho visando a produção de milho verde. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 1, p. 75-84, 2009.
- SANTOS, F.M. da C. **Capacidade de combinação de híbridos comerciais de milho visando a obtenção de híbridos de F2**. 2009. p. 80. Dissertação (Instituto Agrônômico) Campinas. SP.
- SAS. **Statistical Analysis System**. Sas Institute Inc., Cary, NC, USA, 1999.
- SCAPIM, C. A.; RODRIGUES, J. A. S.; CRUZ, C. D.; CECON, P. R., RIBEIRO JÚNIOR, J. I. e BRACCINI, A. de L. **Efeitos gênicos, heterose e depressão por endogamia em caracteres de sorgo forrageiro**. **Bragantia**. vol. 57 n. 1 . Campinas – SP, 1998.
- _____; CARVALHO, C.G.P. de; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, maio 1995.
- SILVEIRA, A.C. Técnicas para produção de silagem. In: SIMPÓSIO SOBRE MANEJO DE PASTAGEM, 2., 1975, Piracicaba, SP. **Anais...** Piracicaba: ESALQ, 1975.
- SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 34, p. 923-932. 1942.
- VALENTE, J.O. Introdução. In: EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (Sete Lagoas, MG). **Milho para silagem: tecnologias, sistemas e custos de produção**. Sete Lagoas, 1991. p. 5-7 (EMBRAPA-CNPMS. Circular Técnica, 14).
- VAN SOEST, P.J., ROBERTSON, J.B., LEWIS, B.A. Symposium: Carbohydrate methodology, metabolism, and nutritional implications in dairy cattle. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 74, n. 10, p. 3583-3597, 1991.

VAN SOEST, P.J. 1963. Use of detergents in the analysis of fibrous foods. II. A rapid method for the determination of fiber and lignin. **Journal of the Association of Official Analytical Chemists**, 1963.

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

_____; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JUNIOR, C.L.; Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2nd, 1988, Sunderland. **Proceedings...** Sunderland: Sinauer Associate Press, 1988.

_____. **Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de cultivares**. Piracicaba, ESALQ, 1970. 59 f. Tese (Livre-Docência).

ZHAN, Y. et al. Diallel-SAS05: a comprehensive program for GRIFFING's and GARDNER-EBERHART analyses. **Agronomy Journal**, Madison, v. 97, p. 1097-1106, 2005.