

**OBTENÇÃO E AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DIALÉLICOS DE MILHO
SILAGEM PARA A REGIÃO NORTE E NOROESTE FLUMINENSE**

FLÁVIA NICÁCIO VIANA

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MARÇO – 2021**

**OBTENÇÃO E AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DIALÉLICOS DE MILHO
SILAGEM PARA A REGIÃO NORTE E NOROESTE FLUMINENSE**

FLÁVIA NICÁCIO VIANA

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas”

Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MARÇO – 2021

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

V614

Viana, Flávia Nicácio.

Obtenção e avaliação de híbridos dialélicos de milho silagem para a região norte e noroeste Fluminense / Flávia Nicácio Viana. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

77 f.

Bibliografia: 49 - 60.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2021.

Orientador: Messias Gonzaga Pereira.

1. Dialelo. 2. Milho silagem. 3. Híbrido. 4. Capacidade geral. 5. Capacidade específica. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

OBTENÇÃO E AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DIALÉLICOS DE MILHO
SILAGEM PARA A REGIÃO NORTE E NOROESTE FLUMINENSE

FLÁVIA NICÁCIO VIANA

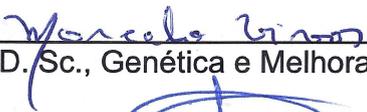
“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas”

Aprovada em 16 de março de 2021.

Comissão Examinadora:



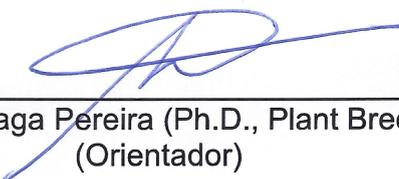
Prof.^a Ana Paula Candido Gabriel Berilli (D. Sc., Genética e Melhoramento de
Plantas) - IFES



Prof. Marcelo Vivas (D. Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UENF



Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Plant Breeding) - UENF
(Orientador)

Alguns homens veem as coisas como são, e
dizem “Por quê?” Eu sonho com as coisas que
nunca foram e digo “Por que não?”
(George Bernard Shaw)

DEDICATÓRIA

“A Deus e a minha família.”

Dedico

AGRADECIMENTOS

Inicialmente, gostaria de agradecer a Deus pela constante companhia e por sempre estar iluminando meus caminhos e me dando forças;

Aos meus pais, Lúcia e Roberly, por sempre acreditarem em mim, por me amarem, me incentivarem e me apoiarem, vocês são meu porto seguro;

Aos meus irmãos e cunhadas, vocês fazem parte dessa vitória, obrigada pelo incentivo de sempre;

Aos meus sobrinhos Sara, Gabriel, Liz e Emanuela, vocês são minha inspiração para viver, o amor mais genuíno que tive;

Aos meus tios e tias, primos e primas que sempre que possível estiveram ao meu lado, obrigada pelo apoio, pelas conversas, pelos momentos de descontração e pelas orações;

Ao meu amigo e namorado, Yago, agradeço imensamente pelo apoio incondicional, obrigada por sempre me impulsionar;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro por possibilitar a minha formação acadêmica em nível de Doutorado, em especial aos professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, meu muito obrigada por todo conhecimento transmitido;

Ao meu orientador, professor Messias Gonzaga Pereira, pela sua orientação e pelos ensinamentos concedidos durante todo o meu período de doutoramento, por acreditar em mim e estar sempre disposto a me ouvir e me orientar;

Ao meu supervisor no Exterior, Dr. Francelino Augusto Rodrigues Junior, por me receber e se dedicar em dividir seus conhecimentos na área de fenotipagem de alta precisão de forma tão generosa. Agradeço também pelas conversas, orientações, pela amizade e ensinamentos prestados durante os oito meses que estive acompanhando suas pesquisas no Cimmyt;

Ao Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo, por me receber de portas abertas e me disponibilizar espaço e recursos;

Aos amigos, aos que mesmo na distância se fizeram presente ajudando com ligações, mensagens de incentivo, e aqueles que surgiram durante esta jornada, Divino, Jhean, Rafaela, Ravena e Tiago, obrigada pela companhia nos cafés, nos almoços, nos finais de semana, nos momentos mais sombrios e nas comemorações, vocês tornaram o fardo um pouco mais leve;

A toda a equipe de alunos que esteve disposta a ajudar durante a condução desse experimento, sem a ajuda de todos vocês não alcançaríamos êxito, agradeço aos alunos do PPGMP, aos alunos do PPGPV e aos alunos do PPGCA pelo companheirismo e ajuda de sempre;

Ao Sr. Geraldo Carvalho, ex-funcionário e aos ex-bolsistas de extensão, Luzimara e Valdinei, que sempre estiveram dispostos a ajudar. Aos funcionários da Estação Experimental de Itaocara, que sempre se dedicaram e que nos dias de trabalho árduo estiveram lá com boas conversas e ótima disposição;

À toda equipe do milho, Jocarla, José Arantes, Gabriel e Vivane, pelos ensinamentos, paciência, parceria, amizade e ajuda nas atividades;

Ao professor Ricardo Augusto Mendonça Vieira e sua aluna Débora Evellin França do Laboratório de Zootecnia da UENF, pela parceria na condução dos experimentos;

A UENF pela concessão da bolsa de doutorado e a Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro, pelo apoio financeiro para realização do Doutorado Sanduíche;

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

Muito obrigada!!

SUMÁRIO

| | |
|---|----|
| RESUMO | ix |
| ABSTRACT | xi |
| 1. INTRODUÇÃO | 1 |
| 2. OBJETIVOS | 4 |
| 2.1 Objetivo geral..... | 4 |
| 2.2 Objetivos específicos | 4 |
| 3. REVISÃO DE LITERATURA | 5 |
| 3.1.A cultura do milho, origem e classificação | 5 |
| 3.2. Importância econômica da cultura | 6 |
| 3.3. Silagem de milho..... | 7 |
| 3.4. Melhoramento genético do milho para silagem | 9 |
| 3.5. Melhoramento do Milho Silagem na UENF | 12 |
| 3.6. Dialelo Completo | 13 |
| 3.7. Heterose..... | 14 |
| 3.8. Distância genética..... | 16 |
| 4. MATERIAL E MÉTODOS | 19 |
| 4.1. Preparo do solo, semeadura e tratamentos culturais | 20 |
| 4.2. Obtenção dos híbridos | 20 |
| 4.3. Experimentos de Avaliação..... | 21 |
| 4.4. Características avaliadas | 22 |
| 4.5. Análises Estatísticas | 23 |

| | |
|--|-----------|
| 4.6. Análise dialélica de Griffing (1956)..... | 24 |
| 4.7. Heterose..... | 25 |
| 4.8. Dissimilaridade genética e agrupamento | 26 |
| 4.9. Análise GT <i>Biplot</i> | 27 |
| 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO | 28 |
| 5.1. Análise de Variância e Agrupamento de médias..... | 28 |
| 5.2. Análise das capacidades combinatórias | 34 |
| 5.3. Heterose e Dissimilaridade genética | 37 |
| 5.4. Correlação e análise GT <i>Biplot</i> | 42 |
| 6. CONCLUSÕES | 47 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... | 49 |
| APÊNDICES | 61 |

RESUMO

Viana, Flávia Nicácio; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março de 2021; Obtenção e avaliação de híbridos dialélicos de milho silagem para a região norte e noroeste fluminense. Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira. Conselheiros: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior e Prof. Marcelo Vivas.

O desenvolvimento de híbridos de milho para silagem é deficiente nos programas de melhoramento genético de plantas, sendo que tais híbridos seriam essenciais para o sustento de pequenos produtores, que em épocas de crise hídrica, mantêm seu gado com silagem de milho produzida em grande maioria em sua propriedade. A produção de uma silagem de qualidade depende de vários fatores, dentre esses um de grande importância é a escolha do genótipo a ser utilizado. Neste intento, utilizou-se o grupo heterótico de milhos com grãos dentados, tendo em vista os inúmeros estudos já desenvolvidos e que demonstraram seu desempenho favorável na digestibilidade em relação ao grupo de grãos duros (*flint*). Isto posto, a presente pesquisa teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos de 15 híbridos obtidos por dialélico completo, seus genitores e três testemunhas comerciais, visando obter material genético adaptado à região Norte e Noroeste Fluminense. Os cruzamentos foram realizados em um esquema dialélico completo provendo 15 combinações híbridas. Nas safras de 2017/2018 e 2018/2019 foram implantados os experimentos para avaliação dos híbridos em dois locais (Campos dos

Goytacazes e Itaocara – RJ), juntamente com os genitores e as testemunhas, totalizando 24 tratamentos, os 15 híbridos, os seis genitores e três testemunhas. Em ambos os experimentos, o delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 4 repetições. As características agronômicas avaliadas foram: altura de plantas (AP), altura de espiga (AE), diâmetro do colmo (DC), empalhamento (EM), número de espigas (NE), peso das espigas com palha (PECP t ha⁻¹), peso das espigas sem palha (PESP t ha⁻¹), peso de massa verde (PMV t ha⁻¹) e produção de grãos (PDG t ha⁻¹). Inicialmente, foi realizada a análise de variância, em seguida o agrupamento das médias dos híbridos, segundo os critérios de *Scott-Knott*, em 5% de probabilidade. Foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos. As capacidades gerais (CGC) e específicas de combinação (CEC) foram utilizadas para a avaliação dos valores genéticos dos genitores e identificação de combinações superiores. As estimativas da heterose (H) foram realizadas e a dissimilaridade genética entre os genitores também foi estimada pelo uso da distância generalizada de Mahalanobis (D²). Foi construído o GT *Biplot*, tendo como referência as médias fenotípicas de cada híbrido para as características agronômicas avaliadas, ressaltando a interação ambiental. Os resultados da análise de agrupamento de médias indicaram que os híbridos mais promissores foram os H14, H8, H9 e H11, que apresentaram rendimentos médios de peso de massa verde de 55,09, 54,84, 53,23 e 50,40 t ha⁻¹, respectivamente, e esses valores foram superiores aos das testemunhas comerciais. O H14 foi destaque também nos valores de CEC, sendo mais um motivo para indicação de seu uso na região. O genitor UENF 2210 apresentou a maior produção média de massa verde entre os genitores 54,55 t ha⁻¹. As correlações com significância e de maiores valores foram PDG, NE, PECP e PESP. Análise GT *Biplot* destacou em seu segundo círculo híbridos que apresentaram as maiores médias de produção, que foram os híbridos H8, H9 e H11. O germoplasma avaliado tem potencial para selecionar linhagens e populações parentais de milho para a produção de silagem de alta qualidade e pode ser utilizado na produção de grãos através de linhagens derivadas de genótipos superiores

ABSTRACT

Viana, Flávia Nicácio; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; March, 2021; Obtention and evaluation of diallel hybrids of silage corn for the northern and northwest of Rio de Janeiro State. Advisor: Prof. Messias Gonzaga Pereira. Committee Members: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior and Prof. Marcelo Vivas.

The development of corn hybrids for silage is deficient in the breeding programs of plants, and such hybrids would be essential for the support of small producers, who in dry seasons, keep their cattle with corn silage produced in great majority in their properties. The production of a quality silage depends on several factors, among which one of great importance is the choice of the genotype to be used. In this attempt, the heterotic group of maize with dent grains was used, in view of the numerous studies already developed and which demonstrated its favorable performance in digestibility in relation to the group of hard grains (flint). That said, the present research aims to estimate the genetic parameters of 15 hybrids obtained by complete diallel, their parents and three commercial controls, aiming to obtain genetic material adapted to the North and Northwest Fluminense region. The crossings were performed in a complete diallel scheme providing 15 hybrid combinations. In the 2017/2018 and 2018/2019 crop seasons, experiments were carried out to evaluate the hybrids in two locations (Campos dos Goytacazes and Itaocara - RJ), together with the parents and the controls, totaling 24 treatments, the 15 hybrids, the six parents and three controls. In both experiments, the

experimental design used was randomized complete blocks with 4 replications. The agronomic characteristics evaluated were: plant height (AP), ear height (AE), stem diameter (DC), ear stuffing (EM), number of ears (NE), ear weight with straw (PECP t ha⁻¹), ear weight without straw (PESP t ha⁻¹), green mass weight (PMV t ha⁻¹) and grain yield (PDG t ha⁻¹). Initially, the analysis of variance was performed, as well the grouping of the means of the hybrids according to the Scott-Knott criteria, in 5% probability. Genetic and phenotypic parameters were estimated. The general (CGC) and specific combining (CEC) ability were used to assess the breeding values of the parents and to identify superior combinations. The heterosis (H) estimates were performed and the genetic dissimilarity between the parents was also estimated by the use of the generalized Mahalanobis distance (D2). The GT Biplot was built, having as reference the phenotypic averages of each hybrid for the evaluated agronomic traits, emphasizing the environmental interaction. The results of the cluster analysis of means indicated that the most promising hybrids were H14, H8, H9 and H11, which presented average yields of green mass weight of 55.09, 54.84, 53.23 and 50.40 t ha⁻¹, respectively, and these values were higher than those of commercial controls. H14 was also highlighted in the CEC values, being yet another reason to indicate its use in the region. The parent UENF 2210, presented the highest average green mass production among the parents 54.55 t ha⁻¹. Correlations with significance and higher values were PDG, NE, PECP and PESP. Analysis GT Biplot highlighted in its second cycle hybrids that presented the highest production averages, which are the hybrids H8, H9 and H11. The evaluated germplasm has the potential to select lines and parental populations of corn for the production of high quality silage and may be used in the production of grains through lines derived from superior genotypes.

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma das culturas mais antigas do mundo e possui ampla variabilidade genética, o que permite seu cultivo nas mais distintas condições edafoclimáticas e tecnológicas (Môro E Fritsche Neto, 2015). É um dos cereais mais cultivados em todo mundo e, devido à sua composição apresenta diversas formas de utilização tanto para a alimentação humana quanto animal, servindo também de matéria-prima para a indústria (Fancelli e Dourado Neto, 2004). Esse cereal é utilizado como um dos principais constituintes para a produção de rações, juntamente com a soja.

No Brasil, o milho é consagrado como uma das melhores plantas forrageiras e é o mais recomendado para a produção de silagem, devido às suas características qualitativas e quantitativas e aceitabilidade por várias espécies animais, contribuindo com o desempenho satisfatório do animal de produção de carne ou leite (Deminicis *et al.*, 2009). Nos períodos de seca, o fornecimento adequado de alimento aos animais fica limitado, pois a oferta de alimentos, principalmente nas regiões tropicais é altamente influenciada pelas variações sazonais, não permitindo que as plantas forrageiras forneçam quantidades de nutrientes suficientes para suprir os índices produtivos dos animais ao longo do ano (Macedo *et al.*, 2017).

Destaca-se que em cerca de 60% dos estabelecimentos produtores de milho, a produção é utilizada na própria propriedade (Cruz *et al.* 2011). Embora o comércio local não explore muito esse tipo de cultivo, o consumo se torna

essencial em alguns períodos, o que poderia trazer uma renda para produtores que utilizassem uma cultivar de rendimento elevado.

Alguns fatores como manejo de lavoura, ponto de corte, condição de armazenamento, forma de fornecimento aos animais, época de plantio e, principalmente a genética do híbrido podem afetar a composição da silagem e influenciar no desempenho do animal (Oliveira *et al.*, 2011). Os genótipos de milho podem ser classificados em três categorias de acordo com a textura dos grãos, sendo eles: dentado (*dent*), duro ou cristalino (*flint*) e semiduros ou semidentados. Estudos foram desenvolvidos e apontaram vantagens na utilização de grãos do tipo dente por apresentarem maior digestibilidade e maiores teores de amido disponível (Menezes *et al.*, 2017). Do ponto de vista nutricional, as silagens produzidas a partir de plantas com maiores proporções de grãos e massa verde e que apresentam boa digestibilidade e, por consequência, possuem maiores teores de amido ocasionam maior consumo pelos animais, possibilitando o aumento de produtividade e reduzindo a necessidade de suplementação concentrada (Pereira Filho, 2015).

Para se tornar mais competitiva em relação aos demais volumosos é necessário escolher híbridos que apresentem alta produtividade, elevada energia digestível, além de boa capacidade fermentativa (Oliveira *et al.*, 2017). Dentre as principais características que se buscam em um híbrido de milho para silagem, em programas atuais de melhoramento no Brasil, estão a alta produção de grãos e de massa seca e um bom valor nutricional (Marcondes *et al.*, 2012).

Uma das estratégias de melhoramento para desenvolver materiais superiores quanto à produção e qualidade da silagem é a que visa a obtenção de linhagens endogâmicas que, quando em combinações adequadas, produzirão híbridos superiores às populações de origem (Paterniani, 1974). Nesse contexto, temos a obtenção de híbridos através do emprego de cruzamentos dialélicos que vem sendo utilizada por permitir de maneira simples estimar parâmetros úteis na seleção de genitores para hibridação, assim como obter informações acerca de combinações promissoras (Cruz e Carneiro, 2012). Portanto, esse tipo de cruzamento é uma alternativa exequível, auxiliando na escolha de genitores com base na capacidade de combinação e sendo de grande utilidade para os programas de melhoramento (Veiga *et al.*, 2000).

O trabalho de Correa *et al.* (2002) demonstrou que existem grandes variações na digestibilidade do amido do grão de diferentes híbridos de milho. Isso se deve principalmente à variação da vitreosidade do endosperma dos grãos (vítreo e dentado). Constatou-se que o aumento da participação do endosperma vítreo no grão correlaciona-se negativamente com a digestibilidade do amido, principalmente devido à baixa degradação ruminal deste tipo de endosperma. Por vezes, o que é realizado é o cruzamento entre esses dois grupos heteróticos, para uma maior exploração da heterose, porém esse cruzamento resulta em grãos semidentados. Este trabalho busca desenvolver cruzamentos intragrupo no grupo de grãos dentados, visando manter essa característica por ela proporcionar melhor digestibilidade.

Diante do exposto, é notável a importância do desenvolvimento de material específico para a produção de silagem e adaptado às condições edafoclimáticas da região Norte e Noroeste Fluminense do Estado do Rio de Janeiro. Portanto, o objetivo foi estimar as capacidades geral e específica de combinação para caracteres agronômicos dos híbridos, bem como selecionar combinações híbridas superiores, indicando-as para etapas futuras no programa de melhoramento.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Avaliar 15 híbridos obtidos por dialelo completo, suas populações genitoras e três testemunhas comerciais, visando selecionar material genético adaptado à região norte e noroeste fluminense.

2.2. Objetivos específicos

- ✓ Avaliar e comparar entre si os híbridos obtidos;
- ✓ Avaliar e comparar os genitores;
- ✓ Avaliar e comparara as testemunhas comerciais;
- ✓ Avaliar o potencial agronômico desses híbridos;
- ✓ Estimar a capacidade combinatória dos genitores;
- ✓ Estimar a distância genética dos genitores;
- ✓ Registrar híbrido de milho para produção de silagem para as regiões norte e noroeste fluminense.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. A cultura do milho, origem e classificação

O milho é uma gramínea, planta monóica que apresenta fecundação cruzada (alogamia), tendo sua via de fotossíntese C4. É uma cultura anual, robusta, ereta e diplóide com $2n=2x=20$ cromossomos (Paterniani, 2001). Em sua classificação botânica é pertencente à classe *Liliopsidae*, família *Poaceae*, subfamília *Panicoideae*, tribo *Maydeae*, gênero *Zea* e espécie *Zea mays*.

Acredita-se que o milho originou-se entre sete e dez mil anos atrás nas terras altas no sul do México e Guatemala, sendo uma das poucas espécies vegetais originadas no ocidente (Hallauer e Carena, 2010; Paterniani, 1993). Cultivado há pelo menos cinco mil anos, segundo escavações arqueológicas, geológicas e de medições por desintegração radioativa, o milho foi levado para a Europa logo após o descobrimento da América para ser cultivado em jardins e assim teve seu valor alimentício descoberto. Existem muitas teorias acerca da origem do milho, no entanto, a de maior aceitação sustenta o teosinto como sendo seu provável ancestral (Goodman e Smith, 1987; Pateniani e Campos, 2005; Kistler *et al.*, 2018). O milho é uma das culturas mais antigas do mundo, sendo considerada uma das mais importantes, não só pelo seu valor nutritivo, mas também econômico (Vasconcelos e Carneiro, 2010).

Apesar do potencial de rendimento desta cultura e dos avanços experimentados pelo setor, o cultivo do milho no país abrange desde lavouras

com alta tecnologia, instaladas em ambientes muito favoráveis, até outras com alta restrição ao desenvolvimento da cultura. Até a primeira metade do século XX esta cultura se caracterizava pela utilização de variedades crioulas ou sintéticas, com baixas populações de plantas e cultivos consorciados, razões das baixas produtividades. Já no início do século XXI, os estudos evoluíram e diversas tecnologias foram implementadas objetivando melhorar o sistema de cultivo e o rendimento de grãos. Entre as quais se destacam: a utilização de cultivares de alto potencial genético e eventos transgênicos, o espaçamento reduzido associado à maior densidade de semeadura, a melhoria na qualidade de sementes, a adoção do manejo integrado de pragas, doenças e plantas infestantes e as alterações substanciais no manejo de solo e adubação (Pereira Filho, 2015).

3.2. Importância econômica da cultura

A produção de cereais se destaca por ser uma das bases da alimentação humana e animal. Dentre as espécies cultivadas, o milho foi uma das pioneiras a ser levada aos laboratórios, tornando-se uma planta modelo no estudo do grupo de plantas alógamas em função de características como: estrutura genética, número de cromossomos, manejo e realização de polinizações manuais, permitindo a obtenção de diferentes tipos de progênies e estimulando seu interesse para os estudos na área de genética de plantas (Paterniani, 1993; Nass e Paterniani, 2000).

A importância econômica do milho é caracterizada pelas diversas formas de sua utilização, que vão desde a alimentação animal até a indústria de alta tecnologia. Cerca de 70% do milho em grão produzido no mundo é destinado à alimentação animal, isto representa a maior parte do consumo desse cereal. Nos Estados Unidos, cerca de 50% da produção é para este fim, enquanto no Brasil varia de 60-80%.

A cultura do milho é de grande interesse zootécnico, pois é a base da alimentação tanto de animais monogástricos quanto de ruminantes. Para os primeiros, o milho é utilizado na forma de grãos, já para os ruminantes é utilizada a planta inteira na forma de silagem. A produção de volumosos, possíveis de serem armazenados, torna-se importante para a alimentação animal,

principalmente na época seca do ano devido à dificuldade em se produzir alimentos nesta época.

O milho é o principal macro ingrediente para a produção de rações. Dada a importância na competitividade do mercado brasileiro de carnes, a produção do grão tem aumentado gradativamente, especialmente na segunda safra. Dessa forma, aves, suínos, gado de corte e de leite, búfalos, ovinos e caprinos, e as inúmeras outras cadeias de carnes e de subprodutos são diretamente dependentes de milho. Este grão servido diretamente ou na composição de rações, ao lado da soja e de outras matérias-primas, transforma-se em carne, leite e ovos nas micro, pequenas, médias ou grandes propriedades, assegurando a subsistência de milhões de pessoas (Yearbook, 2015).

A produção brasileira de milho na safra 2019/2020, considerando as três safras, foi de 102,5 milhões de toneladas, representando um acréscimo de 2,5% em relação ao exercício anterior, segundo a publicação da Conab no seu último levantamento de safras. A primeira safra atingiu 4,2 milhões de hectares, o que significou um aumento de 3,2% da área cultivada na última safra. Problemas climáticos na Região Sul prejudicaram o potencial produtivo das lavouras, sobretudo as do Rio Grande do Sul, reduzindo a produtividade média do país em 3% se comparada à safra passada. Na segunda safra, o quadro climático apresentado na Região Centro-Sul impactou o rendimento das lavouras, pois com exceção de algumas regiões, não conseguiram expressar todo o seu potencial produtivo. Apesar do rendimento prejudicado, a produção foi 2,6% maior. A terceira safra de milho, caracterizada por apresentar um calendário produtivo semelhante ao do hemisfério norte têm a produção estimada em 1.758,7 mil toneladas (Conab, 2020).

3.3. Silagem de milho

Uma alternativa utilizada para a alimentação animal é a pastagem, sendo este o destino de aproximadamente 73% das terras agrícolas no Brasil, entretanto, estima-se que 80% dessas pastagens encontram-se estabelecidas em solos degradados (Oliveira *et al.*, 2018). Por conseguinte, a oferta de alimentos, principalmente nas regiões tropicais, é altamente influenciada pelas variações sazonais, não permitindo que as plantas forrageiras forneçam quantidades de

nutrientes suficientes para suprir os índices produtivos dos animais ao longo do ano (Macedo *et al.*, 2017). Desta forma, torna-se fundamental a suplementação alimentar durante o período de crise hídrica, à qual pode ser fornecida em forma de silagem.

No Brasil, os períodos de seca são limitantes ao fornecimento adequado de alimento aos animais de grande porte, em especial aos bovinos. A produção de silagem é uma alternativa que viabiliza a alimentação em períodos de entressafra, disponibilizando alimento de qualidade aos animais e aumentando a disponibilidade de retorno financeiro ao empresário rural.

A ensilagem é o processo de fermentação anaeróbica do material da lavoura ou da pastagem que é colhido, picado e armazenado sob compactação dentro dos silos. Os micro-organismos epifíticos das plantas desenvolvem-se utilizando os carboidratos solúveis encontrados no conteúdo celular da matéria vegetal liberando como produto de excreção, ácidos orgânicos que reduzem o pH da massa ensilada e promovem conservação do material por controle estrito do ecossistema microbiano (Santos *et al.*, 2011).

Uma vantagem das silagens é a sua forma de execução simples e eficiente, sem exigência de alta tecnologia. A sua produção envolve o uso de máquinas simples e baixo custo de produção quando comparado à fenação (Wilkinson e Rinne, 2018; Edson *et al.*, 2018). Embora não necessite de tecnologias complexas para o processo de ensilagem, esta técnica tem que ser feita com alguns cuidados visando manter o valor nutritivo da forragem (Teixeira *et al.*, 2009). Para ser economicamente atrativo o subproduto deve ter baixo custo por unidade de massa seca (Imaizumi, 2005).

O processo de fermentação da silagem é dividido em quatro fases, a saber: fase aeróbica, fase de fermentação ativa, fase de estabilidade e fase de descarga. Com diferentes durações e intensidades, as fases não podem ser precisamente separadas uma das outras (Santos *et al.*, 2010).

A escolha da cultivar correta contribui para alcançar alta produtividade na lavoura e alto valor nutritivo na silagem. Considerando que o produtor efetuará gastos com plantio, colheita e ensilagem. A diferença entre uma silagem de alta qualidade e outra de baixa qualidade pode estar na escolha da cultivar (variedade, híbrido duplo, triplo ou simples), no tipo do grão e nas adubações de semeadura e cobertura. Muitas vezes, a diferença de preço entre sementes de

duas cultivares é de 4 a 5% do custo total da lavoura, mas na qualidade da silagem uma cultivar com maior capacidade produtiva de grãos trará reflexo positivo, principalmente aumentando a porcentagem de grãos na matéria seca (Miranda *et al.*, 2006).

O rendimento de uma lavoura de milho é o resultado do potencial genético das sementes e das condições de plantio (solo, adubação e clima), bem como do manejo da cultura. A cultivar é responsável, em média, por 50% desse rendimento final (Cruz e Carneiro, 2004). Nesse sentido, é fundamental a seleção de grãos que possuam maior digestibilidade mesmo em estágios avançados de maturidade (Salazar *et al.*, 2010). Vários estudos demonstram que os grãos dentados possuem essa característica (Hoffman *et al.*, 2011; Santos, 2015; Oliveira *et al.*, 2020).

3.4. Melhoramento genético do milho para silagem

A contribuição do melhoramento genético é uma das mais expressivas no aumento de produtividade da cultura, já que o desenvolvimento e a utilização do milho híbrido proporcionaram, em curto período de tempo, ganho de produtividade superior a 150% (Bueno e Mendes, 2006).

No levantamento para a safra 2016/17 estavam disponíveis pelas empresas 315 cultivares sendo que: 214 são precoces (67,93%), 82 superprecoces (23,03%), 10 semiprecoces (3,17%), 5 hiperprecoces (1,58%) e apenas 4 de ciclo normal (1,27%) (Conab, 2016). Esses números revelam a diversidade nos materiais encontrados para cultivo e o grande desempenho do melhoramento para a cultura.

No Brasil, grande parte dos programas de melhoramento genético de milho não dão ênfase ao desenvolvimento de híbridos para produção de silagem, sendo geralmente recomendados para este fim os mesmos híbridos indicados para a produção de grãos, por serem os mais produtivos (De Souza Gomes *et al.*, 2004). O híbrido de milho escolhido interfere diretamente na quantidade e qualidade da forragem produzida, porém resultados referentes à avaliação da qualidade da silagem de diferentes híbridos de milho são pouco comuns (Oliveira *et al.*, 2003).

A produção de milho para silagem visava inicialmente a quantidade de massa verde e, por isso, selecionavam cultivares de porte alto e que se adaptavam às altas densidades de plantio. Com o passar dos anos, e com o

grande número de trabalhos desenvolvidos, que demonstravam que os grãos eram mais digestíveis do que as folhas e as hastes das plantas, foi-se estabelecendo a importância da produção de grãos para a melhor qualidade da silagem, elevando sua proporção na silagem e por consequência sua qualidade (Marcondes *et al.*, 2012).

Na maioria dos trabalhos encontrados na literatura, constata-se a existência de ampla variabilidade entre os híbridos para a produtividade de massa seca de silagem de milho, além disso, os híbridos disponíveis no mercado apresentam forte interação genótipo/ambiente (Gomes *et al.*, 2002), sendo necessárias avaliações em vários locais para a identificação daqueles com melhor desempenho em regiões específicas (Mittelmann *et al.*, 2005). O melhoramento de milho para silagem segue os mesmos métodos de melhoramento para a produção de grãos, porém exigem do melhorista, o estudo do desempenho agrônomico e o valor nutricional dos genótipos existentes a fim de determinar a qualidade da silagem produzida.

Assim, é de fundamental importância que os programas de melhoramento genético no Brasil desenvolvam uma linha específica para a produção de milho forrageiro com intuito de beneficiar principalmente o pequeno produtor que, em tempos de crise hídrica, usa a silagem de milho como alternativa de alimentação para o gado. Vale ressaltar que para a silagem ser utilizada sem comprometer a produção animal deve ter a sua composição química quantificada e ser armazenada adequadamente (Souza *et al.*, 2012). NO melhoramento de plantas, a hibridação das cultivares, linhagens e populações representam um dos pontos fundamentais, pois possibilita a combinação de alelos favoráveis que estão em genitores diferentes com o intuito de produzir novos híbridos. Uma das dificuldades encontradas pelos melhoristas refere-se à escolha de genitores promissores para serem usados em um programa de hibridação (Gomes *et al.*, 2006). A seleção de genótipos deve ser baseada em diversas características agrônomicas favoráveis, buscando sempre a melhoria simultânea de tais características.

O valor nutritivo da silagem de milho pode variar conforme o híbrido, a densidade de cultivo, as condições de crescimento, a maturidade e a umidade no momento da colheita, o tamanho de partículas e as condições de ensilagem e desensilagem (Velho *et al.*, 2006). Inicialmente, os produtores buscavam híbridos

de milho que apresentassem elevada produção de matéria verde por unidade de área, sem preocupação com a percentagem de grãos na massa ensilada, tendo sido esse o principal fator determinante da baixa qualidade da silagem produzida (Nussio, 1991). Posteriormente, os híbridos de milho para ensilagem começaram a ser selecionados de acordo com seu rendimento e produtividade de grãos, pois a qualidade da forragem apresenta relação com a maior ou menor participação de grãos na biomassa a ser ensilada. Do ponto de vista nutricional, silagens produzidas com maiores teores de amido e, por consequente, maiores proporções de grãos e massa verde que apresentam boa digestibilidade ocasionam maiores consumos pelos animais, possibilitando aumento de produtividade e reduzindo a necessidade de suplementação concentrada (Bortoli e De Paula, 2015).

Quanto à textura dos híbridos, Cruz e Carneiro (2004), afirmaram que as cultivares de milho podem ser agrupadas de acordo com a textura dos grãos, classificando-se em: dentado (*dent*), grão duro ou cristalino (*flint*) e grãos semiduros ou semidentados, os quais apresentam características intermediárias, essa diferenciação corresponde ao nível de dureza do grão, caracterizada pela estrutura do endosperma e tamanho do germe (Silva *et al.*, 2018). No mercado são predominantes os grãos semiduros e duros, constituindo 93% do volume de grãos comercializados (Silva *et al.*, 2010).

Existe no Brasil uma grande preocupação por parte dos pesquisadores em relação à produção de milho para silagem, pois há uma disponibilidade restrita de cultivares de milho com grãos macios ou farináceos e que garantam alta digestibilidade (Pereira, 2013). O mesmo autor avaliou a degradação efetiva do amido de três híbridos norte-americanos e de três nacionais no rúmen, e verificou que os híbridos americanos classificados como de grãos farináceos apresentaram degradação efetiva de 77,4% do amido, enquanto o grupo de grãos duros não passou de 48,5%. Tal diferença exige que o produtor disponha de maior volume de alimentos concentrados quando utiliza grãos de menor digestibilidade.

Os grãos considerados dentados possuem maior proporção de endosperma farináceo quando comparado aos híbridos de endosperma duro (Piovesan *et al.*, 2011). O endosperma farináceo disponibiliza maiores teores de amido. O amido é um polissacarídeo não estrutural de elevado peso molecular e sintetizado pelas plantas superiores com função de reserva de energia, se tornando a principal unidade de reserva energética vegetal (Lage *et al.*, 2017). A

presença de uma matriz proteica compacta na porção vítrea do grão dificulta o ataque enzimático e pode reduzir a digestibilidade ruminal desta porção (Majee *et al.*, 2008).

Moraes *et al.* (2008) avaliaram o valor nutritivo das plantas de milho de textura dentada e dura em três estágios de colheita para silagem e verificaram que, qualitativamente, o híbrido de textura dentada foi superior em todos os estágios em relação ao híbrido de textura dura em virtude dos melhores teores de digestibilidade e proteína bruta.

Segundo Rezende (2013), nos Estados Unidos é encontrada a maior oferta de cultivares de milho com grãos macios, alta produção de folhas e colmos e baixo teor de lignina. Ainda segundo o autor, uma boa cultivar deve apresentar baixa proporção de sabugo e colmos e alta digestibilidade da parte vegetativa: folhas, colmos e sabugos. Portanto, é preciso haver uma proporção entre grão e planta. Os híbridos nacionais disponibilizados no mercado, em sua maioria, não apresentam estes aspectos ideais.

3.5. Melhoramento do Milho Silagem na UENF

Localizada na região Norte do estado do Rio de Janeiro, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) vem há alguns anos cumprindo o papel de instituição pública responsável pelo melhoramento de milho para as regiões Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro. No ano de 2000 foi registrada junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) a primeira cultivar de milho comum, adaptado à região e desenvolvida pelo grupo de pesquisa do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas da UENF. Essa cultivar foi o híbrido interpopulacional UENF 506-6 (Pereira e Amaral Júnior, 2001), essa variedade foi disponibilizada aos agricultores da região e originou-se do cruzamento de duas populações heteróticas: Piranão 6 e CIMMYT 6, no sexto ciclo de seleção recorrente recíproca de irmãos- completos.

Em 2013, com o avanço de gerações e seguidas avaliações, foi constatado um ganho superior com o ciclo 11 da seleção recorrente e então realizou-se o pedido de registro no MAPA do híbrido interpopulacional UENF506-11, com os mesmos genitores Piranão e CIMMYT, sendo estes cinco gerações geneticamente mais avançada (Pereira *et al.*, 2019). Vale ressaltar que este

material vem sendo comercializado na região em parceria com a empresa Rio Norte Sementes e tem gerado grande satisfação entre os produtores que adquiriram e cultivaram o UENF 506-11.

Ainda em 2013, iniciou-se no programa de melhoramento de milho da UENF o desenvolvimento de híbridos de milho para silagem adaptados à região Norte e Noroeste Fluminense. Depois de observado que a região tinha carência de material específico para esse uso e que, por ser baixa a demanda de sementes destinadas exclusivamente para este fim, porquanto, normalmente instituições privadas não têm interesse no desenvolvimento desses materiais específicos para a produção de silagem cabendo, portanto, às instituições públicas esse desenvolvimento.

Para tanto, foram desenvolvidas três teses de doutorado (Azevedo, 2016; Crevelari, 2016; Bendia, 2018) e cinco artigos científicos (Crevelari *et al.*, 2017, 2018b, a, 2019b, a) e esses resultados contribuíram para o desenvolvimento de novos trabalhos para avaliação dos genitores e dos híbridos que poderiam ser gerados através das seleções feitas em todos os estudos realizados anteriormente. Buscou-se a avaliação de uma gama maior de genótipos, gerando o enriquecimento dos dados relacionados aos genótipos disponíveis no banco do programa de genética e melhoramento de milho para silagem da UENF.

Com base em todos esses estudos, no ano de 2019, a UENF deu entrada no processo de registro junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) de duas cultivares de milho com ampla aptidão para milho verde e silagem, adaptados à região Norte e Noroeste Fluminense (UENF MSV2210 e UENF MS2208). O registro foi finalizado no dia 12 de novembro de 2019 sob os números 41705 e 41721. Essas novas cultivares registradas foram disponibilizadas a empresa Rio Norte Sementes e estão em processo de produção para em breve entrarem no mercado.

3.6. Dialelo Completo

Uma técnica que possibilita obter informações sobre o controle genético dos caracteres é a de cruzamentos dialélicos, que são definidos como todos os possíveis cruzamentos dentro de um determinado grupo de genótipos (Oliveira *et al.*, 1987). Esse método auxilia também na escolha de genitores com base na

capacidade de combinação, sendo de grande utilidade para os programas de melhoramento (Veiga *et al.*, 2000).

Griffing (1956) denominou de sistema de cruzamento dialélico aquele pelo qual um grupo de n genótipos (podendo ser linhagens, híbridos, dentre outros) são escolhidos e os cruzamentos são realizados entre eles. Este procedimento dá origem a um máximo de n^2 de combinações. As combinações são avaliadas em experimentos com repetições e as médias de tratamentos representam as combinações mencionadas, que são utilizadas para formar uma tabela dialélica $n \times n$. As n combinações podem ser divididas em três grupos:

a) as próprias linhas puras; b) os $n(n-1) / 2$ híbridos F1; c) um conjunto de $n(n-1) / 2$ híbridos F1 e recíprocos.

A capacidade de combinação baseia-se nos conceitos desenvolvidos por (Sprague e Tatum, 1942), citados no trabalho de Paterniani (2001), de capacidade geral de combinação (CGC), que é o desempenho médio de dado genótipo quando em combinações híbridas principalmente devido aos efeitos aditivos dos genes, e capacidade específica de combinação (CEC), que se refere ao comportamento que leva certas combinações a serem superiores ou inferiores em relação à média dos cruzamentos pela ação de genes dominantes ou de efeitos epistáticos.

Apesar do dialelo ser utilizado para análises univariadas na obtenção de genitores superiores, normalmente, os melhoristas necessitam considerar vários caracteres simultaneamente para melhor inferir sobre a superioridade relativa dos genitores. A análise dialélica tem o objetivo de facilitar a execução da seleção com base na combinação de variáveis o que, especificamente, no melhoramento do milho para silagem, auxiliará a discriminar genótipos que associem produtividade e qualidade da silagem (Gomes *et al.*, 2006).

3.7. Heterose

Inicialmente, o termo heterose foi recomendado por Shull (1948) e refere-se ao desempenho superior apresentado pelas plantas híbridas F1 resultantes do cruzamento entre duas linhagens endogâmicas distintas e divergentes geneticamente. Esse ganho pode ser denominado de vigor híbrido, que é considerado uma das grandes contribuições da genética para a agricultura

mundial, apresentando maior relevância e uso prático na cultura do milho como a forma de obtenção de sementes pelas empresas produtoras (Paterniani, 2001).

Sua base genética é apoiada por proposições que consideram ações gênicas de dominância (Bruce, 1910), sobredominância (Shull, 1909; East, 1936) e influência dos efeitos epistáticos (Powers, 1944; Jinks e Jones, 1958). A heterose se manifesta no fenótipo das plantas por meio do incremento na produtividade, altura, tamanho dos frutos, desenvolvimento de pigmentação intensa nas folhas, produção de grãos ou outras características de interesse (Bueno *et al.*, 2006).

A maneira mais indicada para aumentar a expressão da heterose é empregando populações em grupos que apresentam composição genética similar, conhecidos como grupos heteróticos. Estes grupos podem ser constituídos por populações, linhas puras ou sintéticos e sua formação é realizada de forma que as plantas que apresentam alta heterose em cruzamentos sejam alocadas em grupos diferentes e as que não apresentam tais resultados sejam alocadas em um mesmo grupo (Bernini *et al.*, 2012). No Brasil, os grupos heteróticos mais usuais tiveram como critério de distinção entre as populações, as características dos grãos. Existem, portanto, o grupo de grãos dentados que é proveniente de variedades de polinização livre da raça Tuxpeño e o grupo de grãos duros que é originário da variedade Cateto (Lopes *et al.*, 1995).

De acordo com Hallauer *et al.* (2010), será difícil concluir precisamente sobre a base genética do fenômeno da heterose devido à elevada complexidade da herança de caracteres quantitativos em que os vários tipos de ação gênica, inter e intra-alélica podem estar envolvidos. Apesar das incertezas sabe-se que as teorias apresentadas não são mutuamente excludentes, pois a combinação das prováveis explicações, em qualquer proporção, pode agir de forma simultânea na manifestação da heterose. Dessa forma, genes com diferentes níveis de dominância (parcial, completa ou sobredominância) e as frequências gênicas distintas entre as populações podem atuar, de forma direta ou indireta, na expressão da heterose (Viégas e Miranda Filho, 1978).

A heterose (H) pode ser obtida através da seguinte equação (Falconer, 1996):

$$H = \bar{F}_1 - \overline{mp}$$

Em que:

\bar{F}_1 = Média do híbrido simples; e

\overline{mp} = Média dos parentais.

Em contraste à heterose, o fenômeno da depressão endogâmica é visualizado em função do cruzamento entre indivíduos com certo grau de parentesco e resulta na perda de vigor de seus descendentes (Falconer, 1996). Este fenômeno ocorre em função do acúmulo de alelos de efeito deletério e reduz drasticamente a capacidade de adaptação e tolerância a estresses à medida em que o grau de endogamia vai sendo elevado em função de sucessivas gerações de autofecundação (Hallauer, 1990).

3.8. Distância genética

A distância genética pode ser obtida através do emprego de diferentes metodologias. Dentre essas metodologias, temos as formas preditivas, que são baseadas nas diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares; e com base nessas predições é feita a quantificação das diferenças em medidas de dissimilaridade, expressando a distância existente entre os genótipos avaliados (Cruz *et al.*, 2012). Uma utilização muito interessante desse método é na identificação de chaves taxonômicas vegetais, além disso, são importantes ferramentas na exploração da distância genética (Coimbra *et al.*, 2010). Essa metodologia, quando usada na caracterização morfológica contendo duas ou mais classes, é classificada como variáveis multicategóricas (Sudré *et al.*, 2006). A distância genética é obtida por meio da matriz de dissimilaridade e posterior análise de agrupamento (Coimbra *et al.*, 2010).

A distância genética entre um grupo de genitores tem sido avaliada com o objetivo de indicar as combinações híbridas de maior efeito heterótico e maior heterozigose (Cruz *et al.*, 2012) e está relacionada ao grau de distanciamento entre genótipos, linhagens e populações quanto ao conjunto de caracteres que são comuns em ambos (Oliboni *et al.*, 2012). O conhecimento da distância genética entre linhagens é fundamental em programas de melhoramento de milho, pois permite orientar a seleção de linhagens para o desenvolvimento da próxima geração e ainda auxiliar na definição de cruzamentos promissores (Guimarães *et al.*, 2007). Estudos demonstram que o cruzamento entre linhagens pertencentes a grupos heteróticos distantes geneticamente resultam em híbridos

superiores na ocorrência de qualquer grau de dominância superior a zero (Falconer, 1996). Porém, outros autores, afirmam que deve existir um grau ótimo de distância entre os genitores para máxima expressão da heterose (Paterniani e Lonquist, 1963; Moll *et al.*, 1965). Deste modo, genitores muito distantes geneticamente podem apresentar características não desejáveis agronomicamente, o que torna mais interessante o cruzamento entre indivíduos que apresentem bom desempenho e bases genéticas contrastantes para o caráter de interesse ao invés de genitores unicamente distantes geneticamente (Ghaderi *et al.*, 1984).

A distância generalizada de Mahalanobis está entre as diversas medidas de dissimilaridade propostas para a quantificação das distâncias entre genótipos e tem sido a mais amplamente utilizada quando se dispõem de experimentos com repetições (Simon *et al.*, 2012). Sua vantagem em relação à distância euclidiana é a de levar em consideração a correlação entre os caracteres considerados e é estimada a partir das médias dos dados originais e da matriz de covariâncias residuais (Cruz *et al.*, 2012). Entretanto, a escolha do método mais adequado para estimação das distâncias genéticas é determinada pela precisão desejada pelo melhorista, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos (Cruz *et al.*, 2012).

Após essa etapa, é empregado uma técnica de agrupamento para formação dos grupos. Dentre os métodos de agrupamentos mais utilizados no melhoramento genético de plantas, destacam-se os métodos hierárquicos e os de otimização (Cruz *et al.*, 2012).

Nos métodos de otimização, os grupos são formados pela adequação de algum critério de agrupamento. Dentre os métodos de otimização, destaca-se o algoritmo de Tocher que consiste em um método de agrupamento que se baseia na formação de grupos em que as distâncias dentro dos grupos sejam menores que as distâncias entre grupos. Desta forma, obtém-se o número ótimo de grupos e as variedades contidas em cada grupo (Faria *et al.*, 2012).

Nos métodos hierárquicos, os genitores são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido o dendrograma ou o diagrama de árvore. Os exemplos mais comuns são: o método do vizinho mais próximo, o método do vizinho mais distante, o método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*), o método do centroide, o método da

WPGMC e o método da variância mínima de Ward. Entre estes, o método de UPGMA tem sido um dos mais utilizados no melhoramento de plantas por apresentar menores distorções na representação das dissimilaridades entre os indivíduos (Cruz *et al.*, 2012).

4. MATERIAL E MÉTODOS

Os genótipos utilizados para a geração de híbridos dialélicos, nesta pesquisa, foram selecionados com base nos trabalhos desenvolvidos anteriormente pelo grupo de pesquisa de melhoramento de milho para silagem (Crevelari *et al.*, 2017, 2018a, 2019a). Entre todos os materiais disponíveis no banco de germoplasma da UENF, esses se destacaram para esse fim por apresentarem boas médias *per se*, por possuírem origens diversas e potencialmente heteróticas e terem período de florescimento próximo. Assim sendo, os híbridos foram obtidos através do cruzamento de seis desses melhores genótipos pré-selecionados (Tabela 1) em um sistema de cruzamento dialélico completo sem recíprocos, totalizando 15 combinações híbridas.

O trabalho foi desenvolvido em duas etapas. Na primeira, em 2017, foram obtidos os híbridos através da realização dos cruzamentos em um esquema dialélico completo com 6 genótipos, provendo 15 combinações híbridas. Na segunda etapa, em 2017/2018 e 2018/2019 foram implantados, simultaneamente, dois experimentos para avaliação dos híbridos em cada local e em cada ano, sendo um deles destinado a avaliação do desempenho para silagem e outro para a produção de grãos (além das características morfoagronômicas), totalizando oito experimentos. Os locais dos ensaios foram a Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes e a Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba em Itaocara, municípios situados nas regiões Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro, respectivamente.

4.1. Preparo do solo, semeadura e tratos culturais

A área de plantio foi previamente gradeada e sulcada com o auxílio de um sulcador no espaçamento de 1m entre fileiras. As semeaduras foram realizadas a 0,05m de profundidade com três sementes por cova e, após 30 dias, realizou-se o desbaste, deixando uma planta por cova.

A adubação de semeadura (base) foi aplicada de acordo com a análise de solo e recomendações da planta e, posteriormente feitas as duas adubações de cobertura: a primeira aos 30 dias após o plantio e a segunda aos 45 dias após plantio. Os tratos culturais seguidos são conforme o recomendado para a cultura (Fancelli e Dourado Neto, 2000).

4.2. Obtenção dos híbridos

Os híbridos foram obtidos no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro, situado à 21º 45' latitude sul e 41º 20' longitude oeste e altitude de 11m (Fontes, 2002). Cada um dos seis genitores utilizados foi cultivado em 5 fileiras de 6m, em espaçamento de 1m entre linhas e 0,40m entre plantas. Os genótipos utilizados são oriundos da coleção de milho da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF).

As polinizações foram feitas manualmente para cada par de combinação. Para a condução das polinizações, foram realizadas as coberturas das espigas aptas para polinização antes da liberação dos estigmas com o uso de saco plástico. Posteriormente, os pendões maduros foram cobertos com saco de papel "Kraft" e então realizados os cruzamentos para a obtenção de cada híbrido com a finalidade de obter quantidade suficiente de sementes para a continuidade do processo (Tabela 2). O método de cruzamento utilizado foi o Método 2 (progenitores + F₁'s sem recíprocos) de análise dialélica, proposto por Griffing (1956).

Tabela 1 – Descrição dos 6 genitores e das 3 testemunhas comerciais quanto ao tipo de grão e base genética.

| Identificação | Genótipos | Tipo de Grão | Base Genética |
|---------------|---------------------------------|--------------|-----------------|
| G1 | Tripsacoide 03 (UENF-2202) | Dentado | População |
| G2 | Caiano alegre L 283 (UENF-2208) | Dentado | Linhagem |
| G3 | Maia antigo L 284 (UENF-2209) | Dentado | Linhagem |
| G4 | Fortaleza (UENF-2210) | Dentado | População |
| G5 | Dente burro br2 br2 (UENF-2205) | Dentado | População |
| G6 | Piranão 12 | Dentado | População |
| T1 | UENF 506-11 | Semi-dentado | HIP |
| T2 | BM 3061 | Dentado | Híbrido Simples |
| T3 | AG 1051 | Dentado | Híbrido duplo |

T= Testemunhas; HIP= Híbrido interpopulacional.

Tabela 2. Esquema dos cruzamentos de dialelo completo, incluindo F₁ e genitores.

| Genótipos | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 |
|-----------|---|-----|-----|-----|-----|-----|
| 1 | 1 | 1x2 | 1x3 | 1x4 | 1x5 | 1x6 |
| 2 | | 2 | 2x3 | 2x4 | 2x5 | 2x6 |
| 3 | | | 3 | 3x4 | 3x5 | 3x6 |
| 4 | | | | 4 | 4x5 | 4x6 |
| 5 | | | | | 5 | 5x6 |
| 6 | | | | | | 6 |

4.3. Experimentos de Avaliação

Foram avaliados um total de vinte quatro tratamentos, sendo: quinze híbridos, seis genitores e três testemunhas comerciais. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 4 repetições. A unidade experimental dos blocos para avaliação de silagem foi constituída por uma linha de 4,0 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 1,0m e 0,2m entre plantas. Para avaliação da produção de grãos, a unidade experimental foi constituída por uma linha de 3,0 m de comprimento com espaçamento entre

linhas de 1,0m e 0,2m entre plantas. A diferença no tamanho das parcelas se deu pela disponibilidade de sementes e o espaço de campo disponível para implementação dos experimentos.

As colheitas dos experimentos para silagem foram realizadas cortando as plantas a 10cm do solo quando 50% das espigas atingiram o ponto de ensilagem. A prática utilizada no campo para determinar o ponto de colheita do milho para silagem foi a observação da linha de leite do grão quando esta atingiu entre 1/3 e 2/3 (1/2 na média) do grão já preenchido com amido, ou seja, com a consistência do grão evoluindo do estágio pastoso para o farináceo duro, sempre respeitando o escalonamento de acordo com cada tratamento. As colheitas dos blocos de avaliação para produção de grãos foram realizadas cerca de 30 dias depois das colheitas dos blocos de avaliação para silagem, quando as espigas apresentavam teor de umidade próximo de 13%, que é o ideal para a comercialização.

4.4. Características avaliadas

4.4.1. Avaliações realizadas nos blocos colhidos em ponto de silagem:

Características agronômicas obtidas com base em 6 plantas por parcela ao acaso:

- Altura média das plantas (AP): tomada ao acaso, com uso de fita métrica. As medidas foram obtidas do nível do solo até o nó de inserção do pendão, sendo a média aritmética atribuída à parcela (m);
- Altura média de espiga (AE): altura média, medidas do nível do solo até a base da espiga superior no colmo, sendo a média aritmética atribuída à parcela (m); e
- Diâmetro médio do colmo (DC): tomado ao acaso. Corresponde ao diâmetro médio do primeiro entrenó acima do colmo da planta, sendo a média aritmética atribuída à parcela (mm).

Características agronômicas obtidas com base na parcela como um todo:

- Empalhamento (EM): avaliado utilizando uma escala de notas variando de 1 a 5, sendo 1 para ampla exposição de grãos com ampla abertura da palha e 5 para as espigas completamente empalhadas;

- Número de espigas (NE): número total de espigas colhidas em cada parcela;
- Peso das espigas com palha (PECP): obtidas por meio da pesagem de todas as espigas por parcela com palha. Após a pesagem, os resultados foram transformados para $t\ ha^{-1}$;
- Peso das espigas sem palha (PESP): obtidas por meio da pesagem de todas as espigas das parcelas sem palha. Após a pesagem, os resultados foram transformados para $t\ ha^{-1}$; e
- Peso de matéria verde (PMV): para a determinação da produtividade de matéria verde todas as plantas da área útil da parcela foram cortadas na altura de 10cm do solo e pesadas em balanças do tipo dinamômetro. O peso resultante foi transformado em $t\ ha^{-1}$.

4.4.2. Avaliação realizada nos blocos colhidos em ponto de produção de grãos:

Característica agronômica obtida com base na parcela como um todo:

- Produção de grãos (PDG): resultante da pesagem dos grãos de cada parcela após a debulha, o valor obtido foi extrapolado para $t\ ha^{-1}$ e os pesos corrigidos (PC) a 13% de umidade, conforme segue:

$$PC = PP * [(100 - u)/87]$$

Em que:

PC = peso corrigido, em $ton.ha^{-1}$;

PP = peso da parcela, em $ton.ha^{-1}$;

u = umidade da parcela, em %.

4.5. Análises Estatísticas

Os dados foram submetidos às análises de variância individual para cada ambiente isoladamente. A análise conjunta envolvendo os dois locais foi realizada

após a constatação da homogeneidade das variâncias residuais. As médias de tratamentos foram agrupadas pelo teste de Scott Knott em 5% de probabilidade. A análise de variância conjunta (ANOVA) seguiu o seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + (B/A)_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : é a observação no k-ésimo bloco, avaliada no i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente;

μ : é a média geral do ensaio;

$(B/A)_{jk}$: é o efeito do bloco k no ambiente j;

G_i : é o efeito fixo do genótipo i;

A_j : é o efeito aleatório do ambiente j;

GA_{ij} : é o efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j; e

ε_{ijk} : é o erro aleatório associado à observação Y_{ijk} .

4.6. Análise dialélica de Griffing (1956)

As análises de capacidade combinatória foram realizadas de acordo com o Método 2 (progenitores + F_1 's sem recíprocos) da análise dialélica proposta por Griffing (1956), no qual são incluídas as $n(n+1)/2$ combinações. O modelo estatístico considerado para a análise é dado a seguir:

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

Em que:

Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) ou do genitor ($i=j$);

μ : média geral;

g_i, g_j : efeitos da capacidade geral de combinação do i-ésimo ou j-ésimo genitor;

S_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j; e

ε_{ij} : erro experimental médio associado à observação de ordem ij.

Nas análises individuais, os estimadores das médias dos quadrados dos efeitos para CGC e CEC, considerados fixos, foram calculados, respectivamente (Freitas *et al.*, 2006):

$$\phi_{gi} = \frac{QMCGC(p-1) - QMR}{bs(p+2)}$$

$$\phi_{si} = \frac{QMCEC - QMR}{b}$$

Em que:

QMCGC: é o quadrado médio da capacidade geral de combinação;

QMCEC: é o quadrado médio da capacidade específica de combinação;

QMR: é o quadrado médio do resíduo;

b: é o número de blocos;

s: é o número de cruzamentos por genitor; e

p: é o número de genitores.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se dos recursos computacionais do Programa GENES (Cruz, 2013).

4.7. Heterose

As estimativas da heterose (H) foram realizadas através da seguinte expressão (Falconer, 1996):

$$H = \bar{F}_1 - \overline{mp}$$

Em que:

\bar{F}_1 = Média do híbrido simples; e

\overline{mp} = Média dos parentais.

Posteriormente, os valores obtidos foram plotados em gráficos de dispersão utilizando o *software* R. A Tabela 3 contém a identificação dos genitores utilizados na formação dos híbridos para facilitar a interpretação dos gráficos gerados nos resultados.

Tabela 3. Tabela de identificação dos híbridos quanto aos genitores.

| Híbridos | Genitores Envolvidos | Híbridos | Genitores Envolvidos |
|----------|------------------------|----------|------------------------|
| H1 | UENF 2202 x UENF 2208 | H9 | UENF 2208 x Piranão 12 |
| H2 | UENF 2202 x UENF 2209 | H10 | UENF 2209 x UENF 2210 |
| H3 | UENF 2202 x UENF 2210 | H11 | UENF 2209 x UENF 2205 |
| H4 | UENF 2202 x UENF 2205 | H12 | UENF 2209 x Piranão 12 |
| H5 | UENF 2202 x Piranão 12 | H13 | UENF 2210 x UENF 2205 |
| H6 | UENF 2208 x UENF 2209 | H14 | UENF 2210 x Piranão 12 |
| H7 | UENF 2208 x UENF 2210 | H15 | UENF 2205 x Piranão 12 |
| H8 | UENF 2208 x UENF 2205 | | |

4.8. Dissimilaridade genética e agrupamento

A dissimilaridade genética entre os genitores foi estimada pelo uso da distância generalizada de Mahalanobis (D^2) a partir das médias dos genótipos e da matriz de covariância residual (Cruz e Carneiro, 2012):

$$D_{ii}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta$$

Onde:

D_{ii}^2 : Distância de Mahalanobis entre os genitores i e i' ;

ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

δ' : ($d_1 d_2 d_3 \dots d_v$), e

y_{ij} : média do i -ésimo genótipo em relação a j -ésima variável.

Os genitores foram agrupados através do método UPGMA (*Unweighted PairGroup Method using the Arithmetic Average*) para a formação do dendrograma. O dendrograma foi estabelecido pelos genótipos com maior similaridade, e a distância entre um indivíduo k e um grupo formado pelos indivíduos i e j é dado por:

$$d_{(ij)k} = \bar{x}(d_{ik}; d_{jk}) = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

A distância entre dois grupos é dada por:

$$d_{(ij)(kl)} = \bar{x} (d_{ik}; d_{il}; d_{jk}; d_{jl}) = \frac{d_{ik} + d_{il} + d_{jk} + d_{jl}}{4}$$

O ponto de corte foi estabelecido pela soma de um desvio padrão à média, dividindo o dendrograma e permitindo a observação do agrupamento dos genitores. O cálculo da correlação simples entre matrizes de distâncias genéticas e de heteroses foi efetuado para cada caractere avaliado.

4.9. Análise GT *Biplot*

O GT *Biplot* foi construído tendo como referência as médias fenotípicas de cada híbrido para as características agrônômicas avaliadas. O modelo empregado para a análise multivariada GT *Biplot*, descrito segundo (Yan e Rajcan, 2002), foi:

$$\frac{T_{ij} - \bar{T}_{IJ}}{S_j} = \lambda_1 \zeta_{i1} \tau_{j1} + \lambda_2 \zeta_{i2} \tau_{j2} + \varepsilon_i$$

Em que:

T_{ij} : é valor observado no i -ésimo genótipo e j -ésima característica;

\bar{T}_{IJ} : representa a média de todos os genótipos na característica j ;

λ_1 e λ_2 : são os autovalores singulares para PC1 e PC2, respectivamente;

ζ_{i1} e ζ_{i2} : são os escores de PC1 e PC2 para o genótipo i ;

τ_{j1} e τ_{j2} : são os escores de PC1 e PC2 para a característica j ;

ε_i : é o resíduo do modelo associado com genótipo e característica; e

S_j : é a estimativa do desvio-padrão.

As análises estatísticas foram feitas com o auxílio do software R (Team, 2019) utilizando o pacote GGPlot2 do software R (Frutos *et al.*, 2014).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Análise de Variância e Agrupamento de médias

Os ambientes avaliados foram suficientemente distintos para que se detectassem diferenças significativas ($p < 0.01$) entre eles. Como observado na tabela 3, para todas as nove características avaliadas foi apresentada essa diferença frente aos locais, demonstrando uma influência ambiental em tais características.

Para a interação Híbrido x Ambiente e Testemunha x Ambiente não houve nenhuma diferença estatística significativa, o que demonstra que embora estivessem envolvidos diferentes ambientes na avaliação, eles não foram suficientemente contrastantes para alterar a resposta desses materiais frente suas oscilações ambientais. Essa resposta é positiva, tendo em vista que não é necessário o desenvolvimento de híbridos diferentes para indicação individual desses locais. Esse resultado é relevante para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético, pois os ambientes avaliados afetaram a expressão dos genótipos igualmente. Portanto, o uso de cultivares com maior adaptabilidade é fundamental para agricultores e criadores (Aguiar *et al.*, 2018).

Tabela 3. Análise de variância para: genótipo, ambiente (E), genótipo X E, resíduo, capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC), CGC X E, CEC X E e média dos quadrados dos efeitos de CGC e CEC para nove características, avaliadas em seis genitores e 15 híbridos de milho para silagem inter cruzados em dialelo completo de seis genitores sem recíprocos, cultivados em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ nas épocas 2017/2018 e 2018/2019.

| FV | Quadrados Médios | | | | | | | | | |
|----------------------------------|------------------|----------------------|---------------------|---------------------|----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|---------------------|
| | GL | AP | AE | DC | NE | EM | PECP | PESP | PMV | PDG |
| Bloco/Ambiente | 12 | 0.21** | 0.11** | 12.46** | 8.66 ^{ns} | 0.12 ^{ns} | 12.44 ^{ns} | 3.27 ^{ns} | 78.35 ^{ns} | 0.35 ^{ns} |
| Ambiente (E) | 3 | 0.86** | 0.92** | 211.72** | 348.50** | 1.96** | 321.57** | 105.80** | 5018.71** | 21.03** |
| Tratamento (T) | 23 | 0.77** | 0.51** | 8.23** | 112.75** | 0.35** | 70.71** | 54.29** | 938.38** | 5.70** |
| Genitores (G) | 5 | 0.96** | 0.55** | 21.90** | 275.6** | 0.21 ^{ns} | 109.21** | 103.84** | 2293.64** | 11.61** |
| Híbridos (H) | 14 | 0.38** | 0.27** | 3.69 ^{ns} | 82.94** | 0.35 ^{ns} | 47.80** | 51.69** | 684.11** | 5.08** |
| Testemunha (t) | 2 | 0.01 ^{ns} | 0.21** | 1.43 ^{ns} | 28.47 ^{ns} | 0.91 ^{ns} | 124.99 ^{ns} | 2.22* | 106.82 ^{ns} | 0.32 ^{ns} |
| Entre Categoria (C) | 2 | 3.81** | 2.33** | 12.65 ^{ns} | 0.24 ^{ns} | 0.16 ^{ns} | 56.41** | 0.68 ^{ns} | 158.85** | 0.72** |
| T x E | 69 | 0.03** | 0.02** | 2.37 ^{ns} | 12.24 ^{ns} | 0.18 ^{ns} | 18.98 ^{ns} | 3.09 ^{ns} | 77.07 ^{ns} | 1.64** |
| G x E | 15 | 0.06* | 0.02 ^{ns} | 3.62 ^{ns} | 7.34 ^{ns} | 0.15 ^{ns} | 12.22 ^{ns} | 2.07 ^{ns} | 58.28 ^{ns} | 0.77 ^{ns} |
| H x E | 42 | 0.025 ^{ns} | 0.01 ^{ns} | 1.91 ^{ns} | 14.89 ^{ns} | 0.17 ^{ns} | 7.69 ^{ns} | 3.69 ^{ns} | 64.70 ^{ns} | 2.17 ^{ns} |
| t x E | 6 | 0.05 ^{ns} | 0.009 ^{ns} | 3.09 ^{ns} | 11.49 ^{ns} | 0.21 ^{ns} | 81.18 ^{ns} | 2.44 ^{ns} | 127.91 ^{ns} | 0.39 ^{ns} |
| C x E | 6 | 0.01 ^{ns} | 0.01 ^{ns} | 3.37 ^{ns} | 5.9 ^{ns} | 0.29 ^{ns} | 4.1 ^{ns} | 3.5 ^{ns} | 46.94 ^{ns} | 0.33 ^{ns} |
| Resíduo | 276 | 0.01 | 0.01 | 2.18 | 10.95 | 0.14 | 10.25 | 1.56 | 53.00 | 0.81 |
| Médias | | 2.58 | 1.55 | 16.45 | 20.01 | 4.77 | 13.03 | 8.17 | 45.62 | 3.68 |
| CV _e % | | 5.28 | 6.67 | 8.98 | 16.53 | 7.97 | 15.81 | 15.30 | 15.95 | 21.62 |
| Anova Dialelo | | | | | | | | | | |
| Genótipo (G) | 20 | 0.826** | 0.509** | 8.96** | 126.96** | 0.303** | 61.093** | 62.16** | 1067.99** | 6.987** |
| Ambiente (E) | 3 | 0.831** | 0.898** | 192.18** | 285.18** | 1.516** | 166.38** | 95.416** | 5165.30** | 21.445** |
| G x E | 60 | 0.036 ^{ns} | 0.022 ^{ns} | 2.334 ^{ns} | 12.363 ^{ns} | 0.18 ^{ns} | 8.555* | 3.2904 ^{ns} | 64.125** | 1.612 ^{ns} |
| CGC | 5 | 1.1956** | 0.720** | 7.70 ^{ns} | 99.555* | 0.1812 ^{ns} | 46.349* | 33.82* | 875,059** | 4.6972* |
| CEC | 15 | 0.7074** | 0.438** | 9.386** | 136.10** | 0.3443* | 65.983* | 71.56** | 1132,29** | 7.713** |
| CGC x E | 15 | 0.0436 ^{ns} | 0.030 ^{ns} | 3.053 ^{ns} | 17.628** | 0.2090 ^{ns} | 6.545* | 3.065 ^{ns} | 80.296** | 1.474 ^{ns} |
| CEC x E | 45 | 0.0346 ^{ns} | 0.019 ^{ns} | 2.096 ^{ns} | 10.608* | 0.1737 ^{ns} | 9.2301* | 3.365 ^{ns} | 58.730** | 1.635 ^{ns} |
| Resíduo | 240 | 0.018 | 0.011 | 2.216 | 11.739 | 0.145 | 3.561 | 1.498 | 45.452 | 0.728 |
| Médias | | 2.60 | 1.571 | 16.402 | 20.02 | 4.785 | 12.83 | 8.15 | 45.58 | 3.63 |
| CV _e % | | 5.25 | 6.76 | 9.07 | 17.11 | 7.95 | 14.70 | 15.01 | 14.788 | 20.57 |
| Médias dos Quadrados dos Efeitos | CGC | 0.0038 | 0.0022 | -0.0131 | -0.2855 | -0,0012 | -0.1533 | -0,2948 | -2.0096 | -0.02356 |
| | CEC | -0.2057 | -0.2225 | 0.3366 | 8.2565 | -0.2284 | 3.8739 | 4.2225 | 46.3620 | 0.23212 |

FV = fonte de variação, GL = graus de liberdade, AP = altura da planta, AE = altura da primeira espiga, DC = diâmetro do colmo, NE = número de espigas, EM = empalhamento, PECP = peso de espigas com palha, PESP = peso de espigas sem palha, PMV = peso da massa verde, PDG= produção de grãos, CGC = capacidade geral de combinação, CEC = capacidade específica de combinação. **, * e ns significativo em nível de 1 %, 5 %, e não significativo pelo Teste F, respectivamente.

Houve diferença significativa ($p < 0.01$) dos tratamentos pelo teste F para todas as características avaliadas, indicando a existência de variabilidade genética entre os tratamentos, permitindo um potencial de ganhos genéticos com o uso desses genótipos. Quando observado o desdobramento dos tratamentos, os quadrados médios dos genitores e híbridos foram significativos (Tabela 3) na maioria das características, indicando a ocorrência de diferenças entre os genótipos dentro de cada um desses grupos.

Nos genitores, houve efeito significativo para oito das características avaliadas ($p < 0.01$), exceto para EM, o que demonstra que embora haja um pequeno número de genitores eles são suficientemente distintos na maior parte das características, só não para empalhamento. Porém, essa homogeneidade nessa característica é desejável tendo em vista as altas médias apresentadas por todos os genótipos avaliados (Tabela 4), o que ocasionou no teste de média apenas um grupo. Nos híbridos pode-se observar que em grande maioria das características houve significância ($p < 0.01$), exceto para as características de DC e EM, que apresentaram ausência de significância, e são características importantes tendo em vista que as estruturas morfológicas das plantas de milho cultivadas para produção de silagem são relevantes porque afetam a qualidade do grão (Skonieski *et al.*, 2014). Já nas testemunhas, a maioria das características avaliadas (AP, DC, NE, EM, PECP, PMV e PDG) apresentaram ausência de significância, o que indica que não houve amplitude das médias obtidas, que possibilitasse distinção entre as testemunhas para os caracteres citados.

Considerando a interação de tratamento com os locais, apenas as características de AP, AE e PDG apresentaram significância ($p < 0.01$). As outras seis características não apresentaram diferença estatística para essa interação, (Tabela 3). Com o desdobramento da interação, foi observado que de tal maneira os híbridos como as testemunhas não apresentaram significância para nenhuma das características, reforçando a ideia de que se pode indicar os mesmos híbridos para a região Norte e para a região Noroeste Fluminense sem prejudicar sua produção.

Os valores do coeficiente de variação experimental (CV_e) foram baixos (Tabela 3), variando de 5.25% para AP e 20.57% para PDG. Esses valores de CV_e indicam uma boa qualidade experimental e, geram uma maior credibilidade

aos resultados obtidos, considerando que estão de acordo com o que é exigido pelo Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento quando se trata de experimentos com as culturas de soja, trigo, feijão, milho e sorgo, os valores de CV_e devem ser $\leq 20\%$ para que possam considerar em registro de cultivares (MAPA, 2012). No caso do maior CV_e ser para a característica de PDG, deve-se destacar que essa avaliação se deu cerca de 30 a 40 dias após a colheita das demais características. Portanto, essas parcelas ficaram mais tempo expostas às intempéries ambientais, o que pode ter influenciado para o aumento do valor de sua variação. Segundo Ramalho *et al.*, (2012), o coeficiente de variação será tanto maior quanto maior for a variação ambiental, essa variação deve-se a fatores controláveis ou não controláveis.

Na análise dialélica (Tabela 3), pode-se observar que há variabilidade genética entre os 21 genótipos testados (F1 e genitores) quando considerados os efeitos significativos ($p < 0.01$), entre esses para todas as características avaliadas. Para capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) foram detectados efeitos significativos para ambas, o que demonstra que os genitores contribuem de forma diferente nos cruzamentos em que estão envolvidos e que o desempenho dos híbridos diferiu em relação ao esperado com base nos efeitos da CGC dos genitores.

Na análise dialélica, a grande maioria das características avaliadas apresentaram significância para CGC e CEC (Tabela 3). Esse fato demonstra que há influência de efeitos aditivos e não aditivos nos híbridos estudados que são responsáveis pela manifestação dessas características. Entretanto, as estimativas das médias dos quadrados dos efeitos podem ser utilizadas como alternativa para elucidar a dominância do efeito que predomina em cada uma das características, como observado que para AP e AE há expressão de predominância de efeitos aditivos tendo em vista os valores positivos para CGC da média dos quadrados dos efeitos. Para as características de NE, PECP, PESP, PMV e PDG a expressão de predominância se dá para os efeitos não aditivos atuando em seus controles, dado os valores positivos da média dos quadrados dos efeitos apresentados para CEC.

De modo geral, foi observada predominância de ação gênica não aditiva atuando no controle dos caracteres estudados. Portanto, a combinação exata entre determinados genitores é efetiva para incrementar ou reduzir a magnitude

do caráter desejado em seus híbridos, podendo então ser de acordo com a necessidade do melhorista.

As médias dos quadrados do efeito da CEC foram maiores do que as da CGC em DC, NE, PECP, PESP, PMV e PDG (Tabela 3), demonstrando que a atividade genética dos híbridos favorece a manifestação de efeitos genéticos não cumulativos. Portanto, a hibridação é a melhor estratégia para o melhoramento genético e obtenção de ganhos genéticos para essas características. No entanto, as médias dos quadrados do efeito estimadas para CGC foram significativamente maiores do que as de CEC em AP, AE e EM, indicando a importância dos genes com efeitos cumulativos. Portanto, estratégias de seleção intrapopulacional são recomendadas para melhorar essas características.

As médias de PMV de 7 combinações híbridas (H1, H4, H6, H8, H9, H11 e H14) foram agrupadas pelo teste de média como superiores as testemunhas avaliadas e como a grande maioria dos genitores, exceto G4, isso pressupõe a ocorrência de heterose positiva elevando a média dos híbridos em relação aos genitores, e que há possibilidade de sucesso na indicação desses híbridos para substituir as testemunhas utilizadas tendo em vista a produção promissora obtida nessa avaliação. A média do PMV desses híbridos, superou a média das testemunhas em 4.79 ton. ha.⁻¹ e a média dos genitores em 14.5 ton. ha.⁻¹.

Tabela 4. Estimativa das médias das características, avaliada em um dialelo completo de seis genitores sem recíprocos, cultivados em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ nas épocas 2017/2018 e 2018/2019.

| Híbridos | | AP | AE | DC | NE | EM | PECP | PESP | PMV | PDG |
|---------------------------|-----|-------------------|-------------------|--------------------|--------------------|-------------------|--------------------|--------------------|--------------------|-------------------|
| UENF – 2202 | G1 | 2.69 ^b | 1.64 ^b | 15.86 ^a | 18.31 ^b | 4.87 ^a | 11.55 ^b | 8.05 ^b | 42.65 ^b | 3.13 ^b |
| UENF – 2202 x UENF – 2208 | H1 | 2.46 ^c | 1.54 ^c | 16.13 ^a | 21.81 ^a | 4.43 ^a | 14.15 ^a | 8.67 ^b | 50.39 ^a | 4.00 ^a |
| UENF – 2202 x UENF – 2209 | H2 | 2.56 ^b | 1.48 ^c | 17.05 ^a | 19.56 ^b | 5 ^a | 12.58 ^b | 8.24 ^b | 45.05 ^b | 3.80 ^a |
| UENF – 2202 x UENF – 2210 | H3 | 2.56 ^b | 1.53 ^c | 16.31 ^a | 19.88 ^b | 4.81 ^a | 11.72 ^b | 7.41 ^c | 44.96 ^b | 3.57 ^a |
| UENF – 2202x UENF – 2205 | H4 | 2.64 ^b | 1.60 ^b | 16.16 ^a | 21.81 ^a | 4.94 ^a | 14.74 ^a | 8.60 ^b | 50.18 ^a | 3.90 ^a |
| UENF – 2202 x Piranão 12 | H5 | 2.78 ^a | 1.73 ^b | 16.32 ^a | 18.25 ^b | 4.81 ^a | 12.58 ^b | 8.70 ^b | 46.05 ^b | 3.80 ^a |
| UENF – 2208 | G2 | 2.81 ^a | 1.69 ^b | 15.94 ^a | 16.62 ^b | 4.87 ^a | 9.68 ^c | 4.96 ^d | 33.43 ^c | 2.40 ^b |
| UENF – 2208 x UENF – 2209 | H6 | 2.88 ^a | 1.82 ^a | 16.27 ^a | 21.12 ^a | 4.81 ^a | 13.72 ^a | 9.89 ^a | 50.99 ^a | 4.04 ^a |
| UENF – 2208 x UENF – 2210 | H7 | 3.02 ^a | 1.90 ^a | 16.57 ^a | 20.06 ^b | 4.69 ^a | 13.43 ^a | 6.77 ^c | 47.37 ^b | 3.82 ^a |
| UENF – 2208 x UENF – 2205 | H8 | 2.63 ^b | 1.57 ^b | 16.99 ^a | 23.43 ^a | 4.81 ^a | 15.23 ^a | 10.94 ^a | 54.84 ^a | 4.50 ^a |
| UENF – 2208 x Piranão 12 | H9 | 2.68 ^b | 1.64 ^b | 16.62 ^a | 23.19 ^a | 4.68 ^a | 14.34 ^a | 10.73 ^a | 53.23 ^a | 4.26 ^a |
| UENF – 2209 | G3 | 2.69 ^b | 1.73 ^b | 16.73 ^a | 15.56 ^b | 4.56 ^a | 9.82 ^c | 4.81 ^d | 31.78 ^c | 2.35 ^b |
| UENF – 2209 x UENF – 2210 | H10 | 2.69 ^b | 1.57 ^b | 17.61 ^a | 19.62 ^b | 4.68 ^a | 14.63 ^a | 8.63 ^b | 48.29 ^b | 3.87 ^a |
| UENF – 2209 x UENF – 2205 | H11 | 2.83 ^a | 1.70 ^b | 16.64 ^a | 22.19 ^a | 4.75 ^a | 13.85 ^a | 9.20 ^b | 50.40 ^a | 3.96 ^a |
| UENF – 2209 x Piranão 12 | H12 | 2.45 ^c | 1.40 ^c | 17.03 ^a | 19.18 ^b | 4.93 ^a | 11.80 ^b | 6.81 ^c | 43.32 ^b | 3.35 ^a |
| UENF – 2210 | G4 | 2.29 ^d | 1.31 ^d | 16.48 ^a | 23.31 ^a | 4.68 ^a | 14.75 ^a | 10.81 ^a | 54.55 ^a | 4.26 ^a |
| UENF – 2210 x UENF – 2205 | H13 | 2.64 ^b | 1.72 ^b | 14.68 ^a | 20.37 ^b | 4.93 ^a | 13.72 ^a | 7.79 ^c | 47.76 ^b | 3.85 ^a |
| UENF – 2210 x Piranão 12 | H14 | 2.12 ^d | 1.30 ^d | 14.59 ^a | 25.25 ^a | 4.68 ^a | 16.01 ^a | 11.42 ^a | 55.09 ^a | 4.54 ^a |
| UENF – 2205 | G5 | 2.66 ^b | 1.47 ^c | 17.35 ^a | 13.31 ^b | 4.81 ^a | 9.92 ^c | 4.67 ^d | 22.64 ^d | 2.28 ^b |
| UENF – 2205 x Piranão 12 | H15 | 2.13 ^d | 1.19 ^d | 17.03 ^a | 19.19 ^b | 4.75 ^a | 11.66 ^b | 7.16 ^c | 43.79 ^b | 3.64 ^a |
| Piranão 12 | G6 | 2.50 ^c | 1.47 ^c | 16.09 ^a | 18.56 ^b | 4.93 ^a | 9.67 ^c | 7.01 ^c | 40.51 ^b | 2.90 ^b |
| UENF – 506-11 | T1 | 2.40 ^c | 1.51 ^b | 16.74 ^a | 21.25 ^a | 4.44 ^a | 13.81 ^a | 8.95 ^b | 48.34 ^b | 3.72 ^a |
| BM 3061 | T2 | 2.44 ^c | 1.28 ^d | 17.17 ^a | 20.06 ^b | 4.88 ^a | 13.15 ^a | 8.70 ^b | 48.72 ^b | 3.88 ^a |
| AG 1051 | T3 | 2.45 ^c | 1.43 ^c | 16.59 ^a | 18.75 ^b | 4.81 ^a | 13.19 ^a | 7.95 ^c | 45.05 ^b | 3.74 ^a |

AP = altura da planta, AE = altura da primeira espiga, DC = diâmetro do colmo, NE = número de espigas, EM = empalhamento, PECP = peso de espigas com palha, PESP = peso de espigas sem palha, PMV = peso da massa verde, PDG= produção de grãos. Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo agrupamento de Scott-Knott P≤0,05

5.2. Análise das capacidades combinatórias

Um dos melhores critérios para seleção de genótipos é baseando-se nos efeitos de CGC e CEC, pois expressam o real efeito genético. Para o melhoramento, esses efeitos genéticos são mais importantes que as médias fenotípicas; e seus resultados vão além da simples detecção das melhores combinações híbridas (Resende e Duarte, 2007). A CGC está relacionada aos efeitos genéticos cumulativos e à frequência dos alelos parentais desejáveis, enquanto a CEC está associada a diferenças nas características de um cruzamento do que seria esperado com base na CGC dos pais como uma função do efeito genético não cumulativo combinado com os efeitos de dominância e epistasia (Hallauer *et al.*, 2010). Altos valores \hat{S}_{ij} absolutos indicam que o desempenho agrônomico é melhor ou pior do que o esperado. Portanto, cruzamentos com \hat{S}_{ij} positivo mais alto para esses caracteres devem ser usados em programas de melhoramento para aumentar a produtividade (Cruz *et al.*, 2012).

As estimativas dos efeitos de CGC, para as características estudadas expressaram valores cujo sinal variou entre positivo e negativo em função do genitor em uso (Figura 1). O efeito da CGC para NE, PESP, PMV e PDG foi negativo nos genitores G3 e G5, além dessas características, para AP, AE e PECP esses genitores juntamente com o G6 também apresentaram efeito de CGC negativo. Além disso, o efeito de CGC em DC foi negativo nos genótipos G1, G2, G4 e G6. O efeito de CGC em AP e AE foi positivo para os genitores G1 e G2, indicando que esses genótipos apresentaram rendimentos maiores para AP e AE. Normalmente, a seleção é voltada para os indivíduos com estimativas elevadas de CGC e sinal positivo, porém, dependendo da característica, valores com sinal negativo de CGC podem ser mais convenientes (Trindade, 2010), como para severidade de doenças.

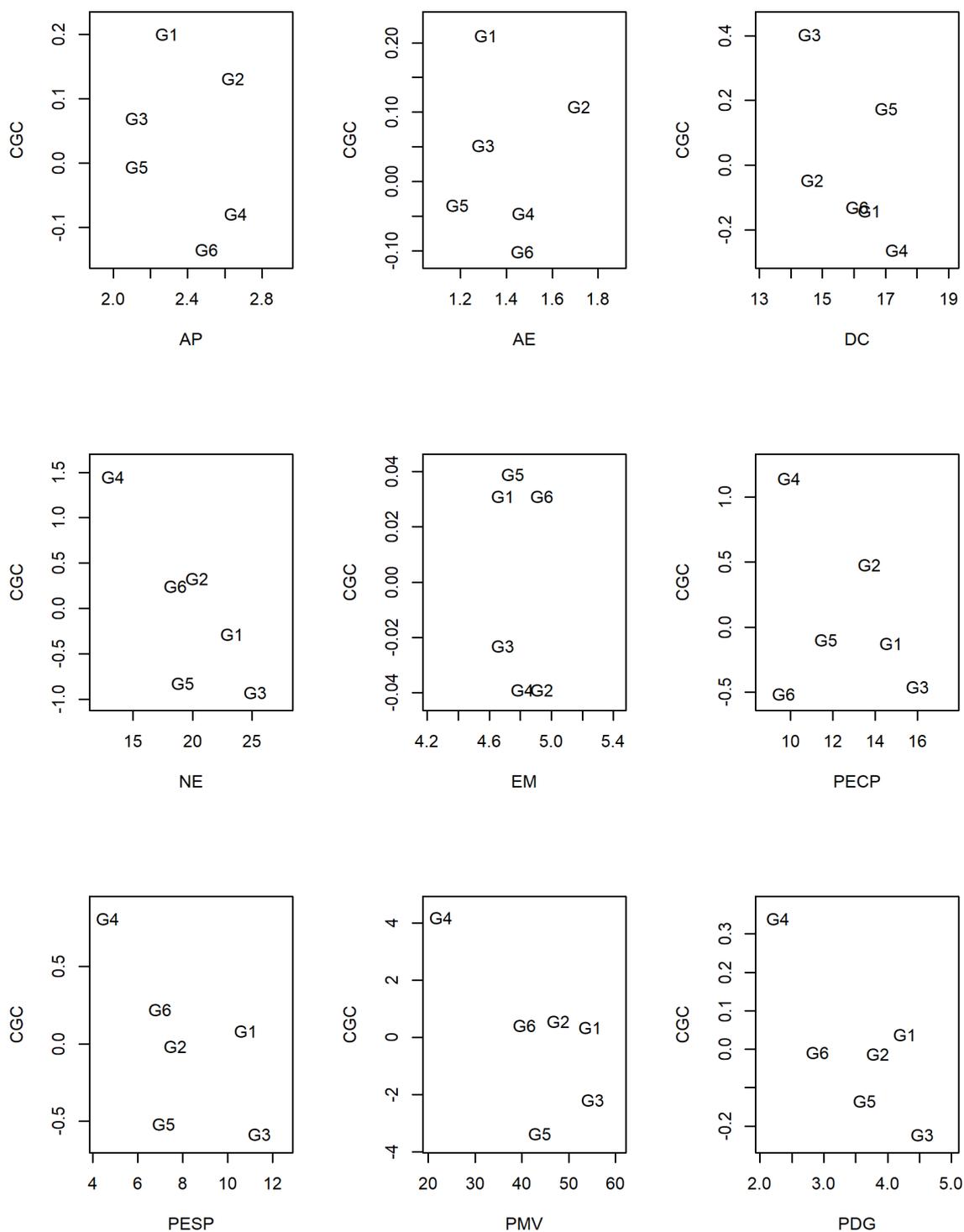


Figura 1. Eixo y: Estimativa da CGC e Eixo x: Médias. Para os caracteres: AP = altura da planta, AE = altura da primeira espiga, DC = diâmetro do colmo, NE = número de espigas, EM = empalhamento, PECP = peso de espigas com palha, PESP = peso de espigas sem palha, PMV = peso da massa verde e PDG= produção de grãos.

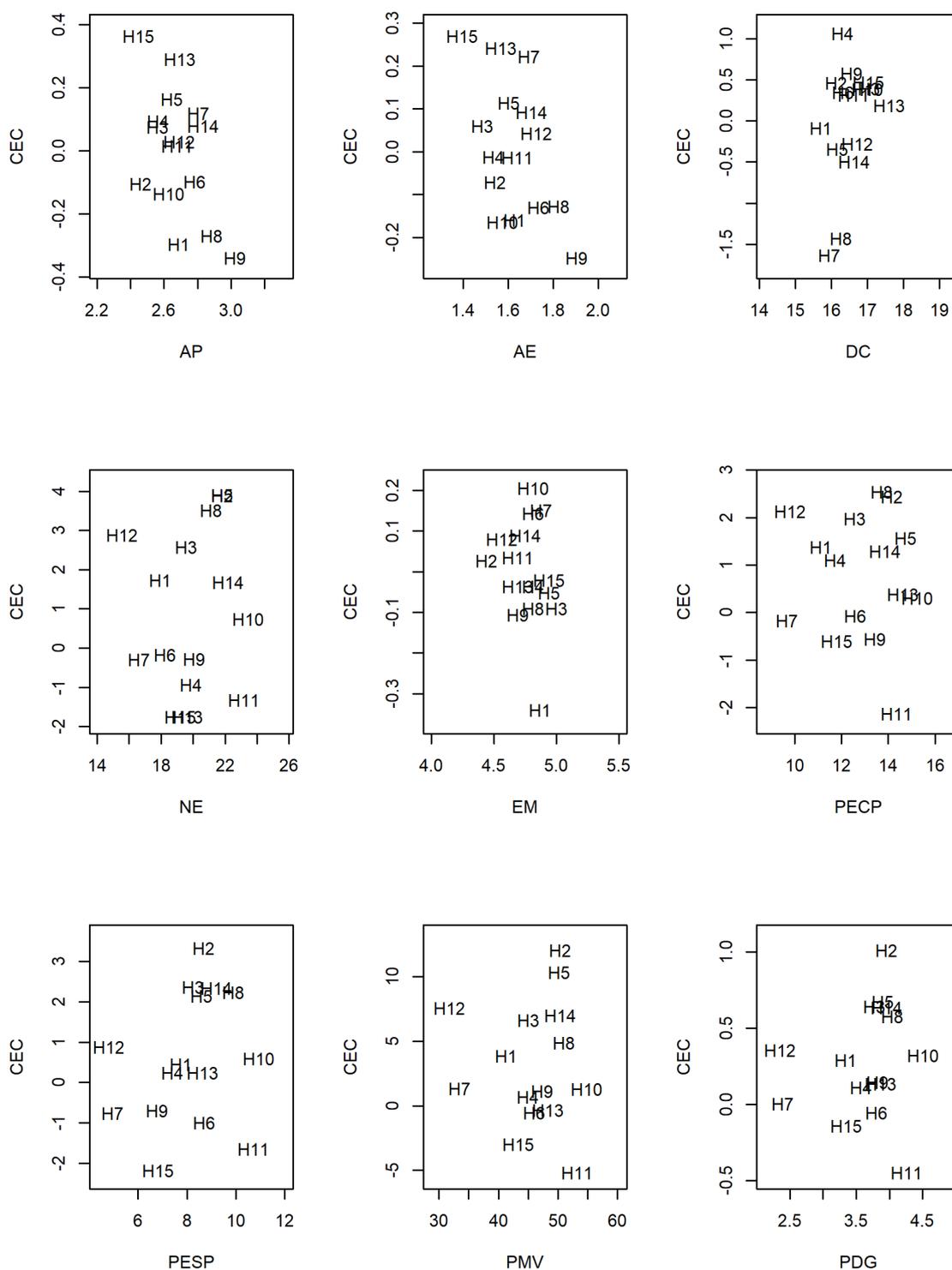


Figura 2. Eixo y: Estimativa da CEC e Eixo x: Médias. Para os caracteres: AP = altura da planta, AE = altura da primeira espiga, DC = diâmetro do colmo, NE = número de espigas, EM = empalhamento, PECP = peso de espigas com palha, PESP = peso de espigas sem palha, PMV = peso da massa verde e PDG = produção de grãos.

Ressalta-se que os genitores G3, G5 e G6 apresentaram mais valores negativos na maior parte das características no efeito da CGC, porém, os cruzamentos dos quais participaram foram os de melhores rendimentos evidenciando um efeito de heterose atuando nessas combinações. Portanto, esses genótipos são promissores em hibridizações destinadas a melhorar as características analisadas e em programas de melhoramento genético devido ao maior rendimento médio quando envolvidos no cruzamento

Quando a avaliação da CGC está ligada a características relacionadas ao rendimento de massa verde e grãos, as estimativas positivas mais elevadas são preteridas, posto que, os efeitos da complementação alélica sejam preponderantes para gerar genótipos superiores. Para estas variáveis, as maiores estimativas de CGC para PMV e PDG foram observadas no G4.

O parâmetro $\hat{\sigma}_{ii}$ refere-se ao efeito de capacidade de combinação de um genitor consigo próprio CEC e é de fundamental importância para indicar a direção dos desvios de dominância do caráter. No que diz respeito ao efeito da CEC em PMV, os híbridos H1, H4, H6, H8, H9, H11 E H14 apresentaram os maiores valores positivos, indicando que essas combinações potencializaram os efeitos de dominância (Figura 2) além da positividade na CEC essas combinações apresentaram maiores valores de PMV médio, e as médias nesses cruzamentos foram agrupadas na primeira categoria (Tabela 4). A seleção de linhagens parentais é uma etapa crucial em programas de melhoramento genético, pois alelos favoráveis para as características de interesse devem ser concentrados nessas linhagens, possibilitando híbridos superiores (Oliboni *et al.*, 2012).

Em relação a CEC da característica PDG pode-se destacar que, os híbridos que apresentaram maiores valores positivos foram coincidentemente os que apresentaram também os maiores valores de CEC do PMV, tornando-os híbridos mais competitivos ao mercado devido a sua versatilidade de utilização, já que são os mesmos híbridos que produzem maiores pesos de PMV e PDG. As tabelas com os valores de CGC e CEC estão disponíveis no apêndice.

5.3. Heterose e Dissimilaridade genética

Os programas de melhoramento genético de milho buscam explorar os efeitos da heterose com base na teoria de que os genitores distantes geneticamente

apresentam maior aptidão para produzir híbridos superiores (Falconer e Mackay, 1996). Para demonstrar essa distância genética utiliza-se um dendograma, que representa a dissimilaridade genética entre os genitores utilizados (Figura 3). Foi observado que o dendograma formado evidencia a formação de dois grupos, dos quais o primeiro reúne os genitores UENF 2208 (G2), UENF 2210 (G4) e Piranão 12 (G6) enquanto o segundo reúne os genitores UENF 2202 (G1), UENF 2209 (G3) e UENF 2205 (G5). Portanto, espera-se que o melhor desempenho híbrido seja obtido através do cruzamento entre genitores de diferentes grupos, possibilitando explorar os efeitos das ações gênicas (Jones, 1926).

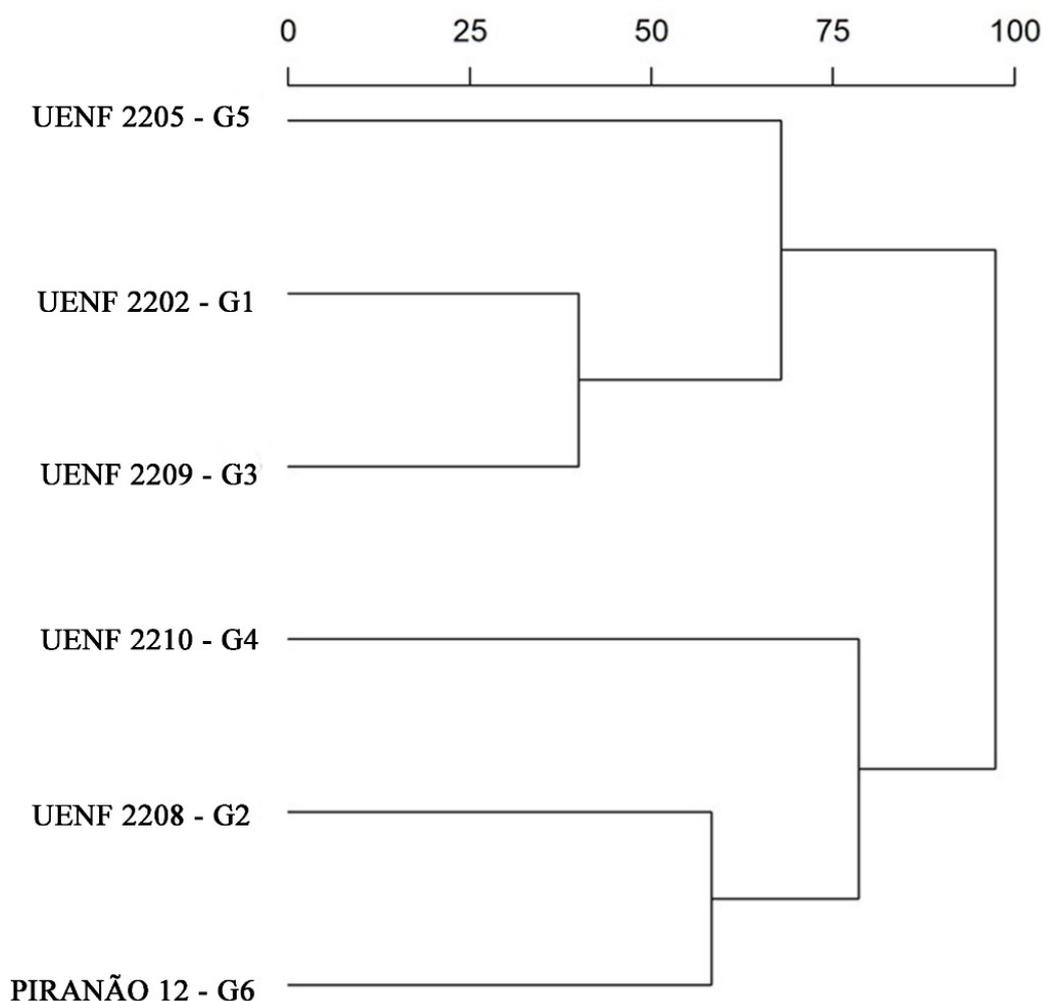


Figura 3. Dendrograma de dissimilaridade genética dos seis genitores de milho utilizados no cruzamento dialélico.

Contudo, a avaliação da distância genética existente entre os genitores utilizados não foi eficiente em identificar combinações híbridas com maiores efeitos heteróticos para o conjunto de caracteres avaliados nesse experimento. Deve-se considerar que as distâncias entre genitores obtidas através da análise da distância generalizada de Mahalanobis consiste em uma técnica multivariada, a qual considera as variações existentes entre cada caráter em estudo para obtenção de uma estimativa única de distância entre dois indivíduos. Deste modo, a ausência de correlação entre as variáveis utilizadas no cálculo da distância generalizada de Mahalanobis poderá resultar em estimativas viesadas (Cruz, 1990).

Quando se objetiva a hibridação, os genótipos com maior distância genética e que se complementam são os mais recomendados para os programas de melhoramento, pois podem gerar variabilidade que é essencial para a seleção de progênes superiores. No entanto, além da dissimilaridade, deve-se observar a média da produtividade dos genótipos, a fim de se obter maior heterose (Melo *et al.*, 2019). Se a condição ideal de média elevada e de alta dissimilaridade não for encontrada, é possível optar por genótipos com dissimilaridade intermediária e de alta produtividade (Hallauer *et al.*, 2010).

As estimativas de heterose em relação à média dos pais (H) variaram de -2,3 a 26,8, confirmando-se a elevada variabilidade genética entre os híbridos e a grande diversidade entre os genitores. As estimativas de heterose verificadas para os caracteres AP e AE demonstram que a combinação para formação do H7 (Figura 4) resultam em incrementos de 47 cm e 40 cm, respectivamente, em relação à média de seus genitores, os quais consistem nos maiores valores de heteroses observados para estes caracteres.

Embora, os programas de melhoramento busquem priorizar combinações de genitores que reduzam ou mantenham a magnitude destes caracteres em seus híbridos, a observação de sua variação em estudos de controle genético são fundamentais para compreensão dos mecanismos genéticos atuantes.

Para os caracteres PECP e PESP (Figura 4), observa-se que a combinação híbrida H8 apresentou as estimativas mais elevadas de heterose, resultando em incrementos expressivos na magnitude destes caracteres em relação à média de seus genitores, para PECP esse incremento foi de 3.98 e para PESP atingiu o valor de 4.46 o que representa aproximadamente o dobro do valor

médio apresentado pelos seus genitores, justificando os altos valores de heterose.

Já para os caracteres de produção que são PMV e PDG, os híbridos H8 e H11 foram os que apresentaram maiores valores de heterose (Figura 4), quando comparamos suas médias com as de seus genitores (Tabela 4) observa-se um incremento de 26.8 e 23.19 em PMV e 2.16 e 1.65 na PDG, esses valores são valores elevados, porém não representam os maiores da tabela de média, o que representa que não se pode limitar na seleção dos melhores híbridos apenas com a utilização dessa análise.

Diversos autores estudaram a existência de associação entre divergência genética de genitores, obtida tanto através de dados fenotípicos como moleculares, e as estimativas de heteroses expressas por seus híbridos (Guimarães *et al.*, 2007; Elisa *et al.*, 2008; Oliboni *et al.*, 2012; Caixeta *et al.*, 2013), e não identificaram associações positivas contundentes capazes de prever os efeitos heteróticos expressos por seus híbridos F1. De maneira geral, altas estimativas de distância genética entre os genitores não implicaram em elevados valores de heterose, e, portanto, não permitiram identificar as combinações entre genitores mais promissoras para obtenção de desempenho superior dos caracteres em estudo.

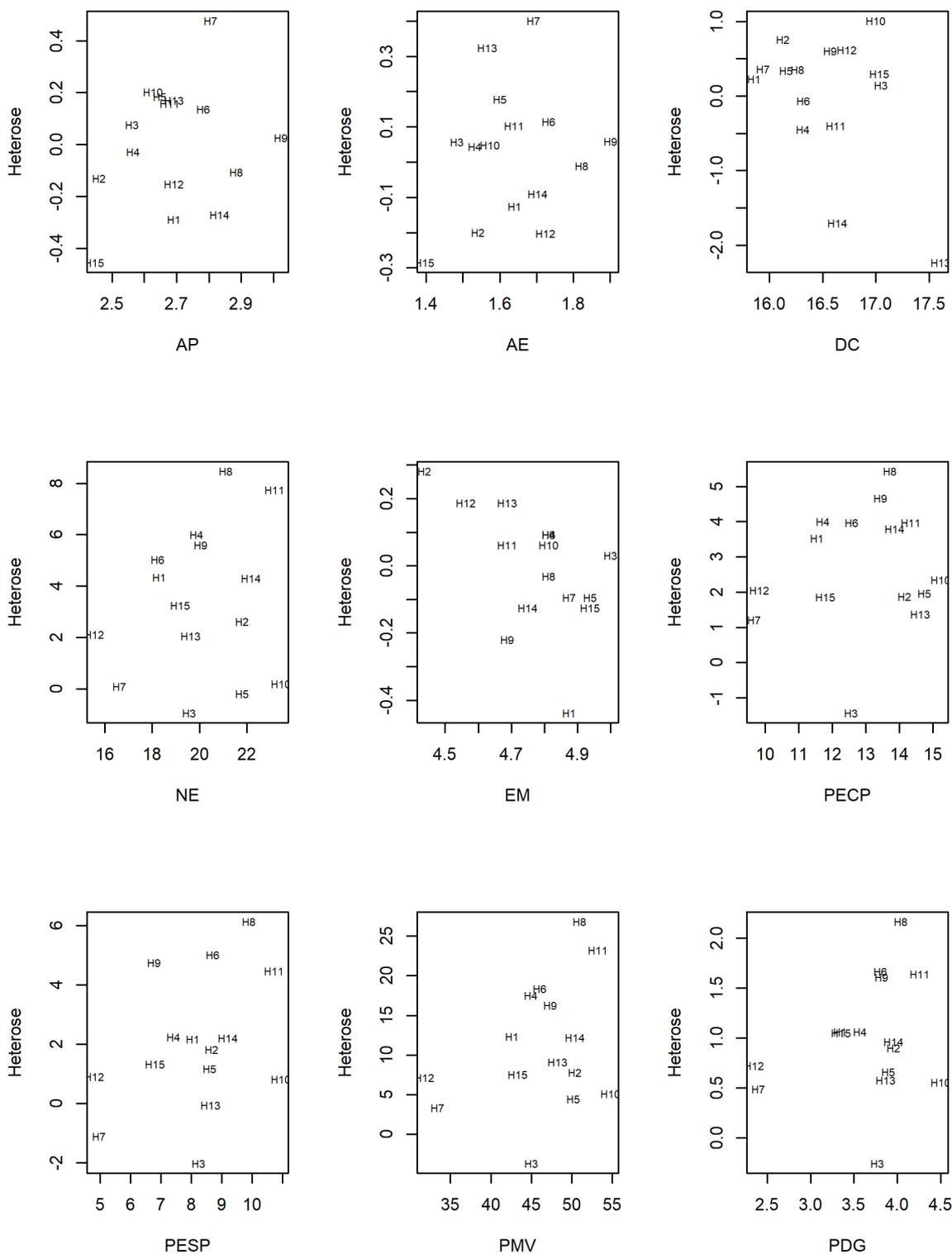


Figura 4. Eixo y: Estimativa das heteroses e Eixo x: Médias. Para os caracteres: AP = altura da planta, AE = altura da primeira espiga, DC = diâmetro do colmo, NE = número de espigas, EM = empalhamento, PECP = peso de espigas com palha, PESP = peso de espigas sem palha, PMV = peso da massa verde e PDG= produção de grãos.

5.4. Correlação e análise GT *Biplot*

O emprego da correlação entre variáveis auxilia uma possível seleção indireta, sendo útil em programas de melhoramento por obter ganho de seleção em caracteres de difícil estimação (Silva *et al.*, 2020). A partir da matriz de correlações e reagrupamento sugerido pela função do pacote *corrplot* (Figura 5) é possível verificar a significância no agrupamento dos caracteres demonstrando que ocorreu uma correlação positiva entre algumas das características avaliadas (AP – AE; PECP – NE; PESP – PECP e NE; PMV – NE, PECP e PESP; PDG – PECP, PESP, NE e PMV). Nota-se também que o AE X EM, PECP e PMV são os caracteres mais inversamente correlacionados, enquanto PMV X PDG são os mais positivamente correlacionados seguidos de AP X AE e PMV X NE.

Os caracteres PMV X PDG foram os que apresentaram a maior correlação entre todas as variáveis (0,96). O PMV X NE apresentaram correlação de 0,95, enquanto PDG X PECP e PESP apresentaram correlação de 0,93, seguidos da AP X AE que apresentaram correlação de 0,92. A contribuição relativa dos caracteres auxilia os melhoristas sobre a viabilidade das variáveis no estudo de divergência genética para possível seleção de características de maior importância (Carvalho *et al.*, 2018). Portanto, o PMV e PDG são variáveis de extrema importância, pois seus atributos aumentam a produção de silagem e servem para auxiliar na escolha dos genitores para o programa de melhoramento (Melo *et al.*, 2019).

Por meio da estimativa dos coeficientes de correlação fenotípicos, é possível mensurar a associação genética e não genética entre caracteres distintos (Hallauer *et al.*, 2010). Alta correlação entre os caracteres possibilita a obtenção de ganho na seleção indireta de uma característica em relação a outra, quando outra correlacionada a ela for manipulada por processos seletivos (Giles *et al.*, 2016). Assim, admite-se a possibilidade de fazer seleção em uma característica de fácil mensuração, visando obter ganhos de difícil avaliação ou de baixa herdabilidade em outra característica (Cruz *et al.*, 2012). Neste sentido, tendo em vista que uma característica de grande interesse quando se trata de forragem é o peso da massa verde, a seleção para essa característica pode ser baseada na produção de grãos, no número de espigas, no peso das espigas com

palha e sem palha, sendo que essas foram as correlações com significância e de maiores valores.

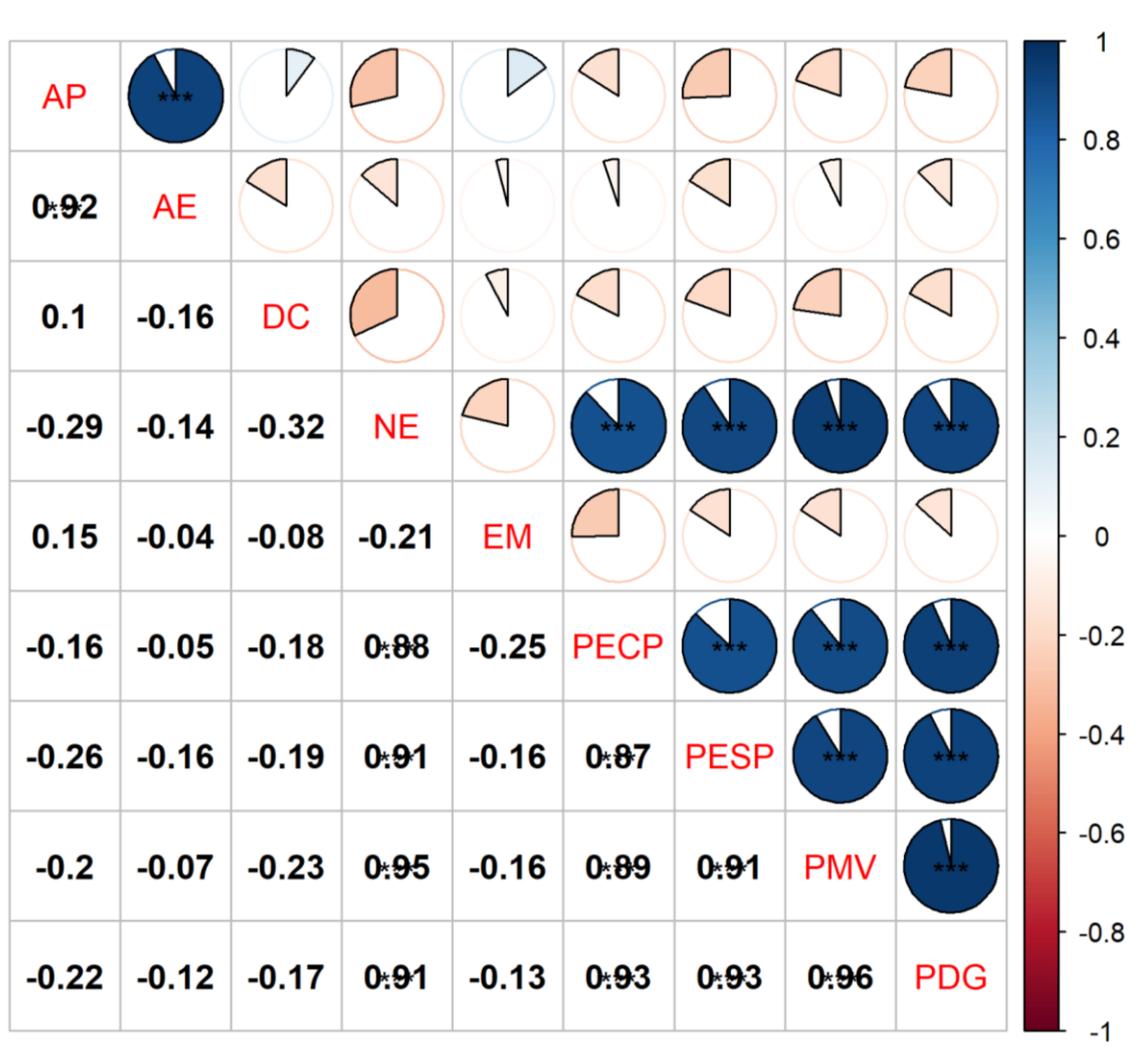


Figura 5. Correlações e significâncias estatísticas das correlações entre os caracteres avaliados: AP = altura da planta, AE = altura da primeira espiga, DC = diâmetro do colmo, NE = número de espigas, EM = empalhamento, PECP = peso de espigas com palha, PESP = peso de espigas sem palha, PMV = peso da massa verde e PDG= produção de grãos.

No método GT *Biplot*, o genótipo considerado como ideal é aquele que apresenta alta média em todas as características e é identificada com base no comprimento do vetor, deve apresentar o maior comprimento do vetor em PC1, representando maior discriminação dos híbridos em relação aos efeitos principais, bem como o menor vetor para PC2, indicativo de maior representatividade de

todas as outras características (Xavier *et al.*, 2003). Portanto, considera-se como ideótipo aquele genótipo que estiver alocado em posição gráfica mais próxima da seta constante no centro dos círculos concêntricos (Yan e Frégeau-Reid, 2018).

Em relação às características agronômicas avaliadas nesse trabalho, o ideótipo é graficamente representado pelo híbrido H3, oriundo do cruzamento UENF 2202 X UENF 2210 (Tabela 3). Esse cruzamento quando observado sua média de produção de silagem não se encontra nas maiores médias (Tabela 4), 44.96 t ha⁻¹ se agrupando no segundo grupo pelo teste de média, portanto, apresenta ótimo desempenho geral, mas não se enquadra nas maiores produções. Os próximos híbridos, que entram em destaque no segundo círculo concêntrico são do grupo dos mais produtivos, que foram representados pelos híbridos H8 (UENF 2208 X UENF 2205), H9 (UENF 2208 X Piranão 12) e H11 (UENF 2209 X UENF 2205), que apresentam médias de produção de silagem de 54.84, 53.23 e 50.40 t ha⁻¹, respectivamente, e se encontram no primeiro grupo do teste de média (Tabela 4). Segundo Yan (2001), o genótipo deve apresentar tanto alta performance produtiva como alta estabilidade. Portanto, o que mais diferenciou no primeiro destaque desse resultado foi a estabilidade, tendo em vista que não foi o híbrido mais produtivo considerado como o ideótipo, sendo que os ideótipos podem ser classificados seguindo o segundo círculo formado no *Biplot*. Apesar de sua utilidade em revelar associações entre características e perfis de características de genótipos, o GT *biplot* não é muito útil na tomada de decisões sobre quais cultivares selecionar ou recomendar e quais cultivares descartar ou rejeitar, que são decisões que um criador/pesquisador deve tomar (Yan e Frégeau-Reid, 2018).

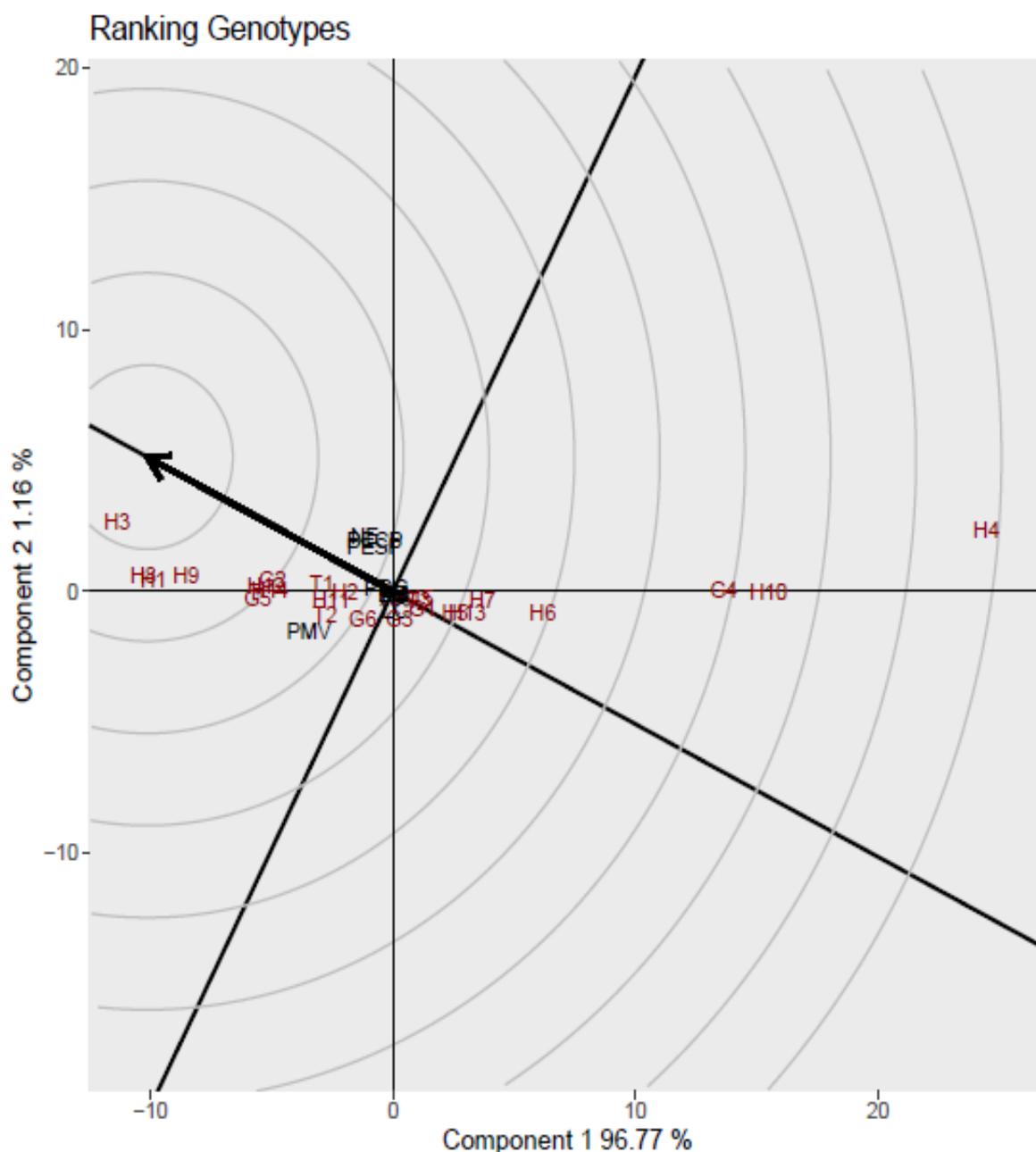


Figura 6. GT *Biplot* comparando os híbridos, os genitores e as testemunhas de milho para silagem avaliados para nove características agrônômicas buscando estimar o genótipo ideal.

Outra observação a ser feita no *Biplot* é a correlação existente entre as características avaliadas. O cosseno dos ângulos formados pelos vetores conectados (linhas), em cada característica, representa o grau de Associação. Conseqüentemente, ângulos agudos ($<90^\circ$) são correlacionados positivamente, enquanto ângulos obtusos ($> 90^\circ$) estão negativamente correlacionados. Os vetores formando um ângulo reto ($= 90^\circ$) não estão correlacionados, enquanto

aqueles que formam ângulos de 180° são fortemente correlacionados negativamente.

Os ângulos representados (Figura 6) demonstram que PMV se correlacionou com a PDG formando ângulo agudo demonstrando alta correlação positiva entre esses caracteres. Já para as características de PECP, PESP e NE, o ângulo formado foi menos agudo, porém ainda representando uma correlação positiva entre essas características e o PMV. Confirmando os resultados apresentados na análise de correlação (Figura 5). Já o caractere DC formou ângulos de 180° com os caracteres NE, PMV, PESP, PECP e PDG o que representa uma correlação negativa com essas características, podendo ser confirmado pelos valores negativos de correlação obtidos (Figura 5) que foram: -0.32, -0.23, -0.19, -0.18 e -0.17, respectivamente. Sendo esta característica que mais apresentou correlação negativa com as demais características avaliadas nesse estudo.

6. CONCLUSÕES

Com base nas análises realizadas, conclui-se que o germoplasma avaliado tem potencial para selecionar linhagens e populações parentais de milho para a produção de silagem de alta qualidade e pode ser utilizado na produção de grãos através de linhagens derivadas de genótipos superiores.

O genitor UENF 2210 apresentou a maior produção média de massa verde entre os genitores $54,55 \text{ t ha}^{-1}$ e é indicado para a produção de variedades de polinização aberta para produção de silagem ou para utilização em outros cruzamentos. Sendo também o genitor que se manteve com maiores estimativas de CGC na maior parte das características, NE, PECP, PESP, PMV, PDG.

Os resultados da análise de agrupamento de médias indicaram que os híbridos mais promissores foram os H14, H8, H9 e H11, que apresentaram rendimentos médios de $55,09 \text{ t ha}^{-1}$, $54,84 \text{ t ha}^{-1}$, $53,23 \text{ t ha}^{-1}$, e $50,40 \text{ t ha}^{-1}$, respectivamente, e esses valores foram superiores aos das testemunhas comerciais. O H14 foi destaque também nos valores de CEC sendo mais um motivo para indicação de seu uso na região.

A característica de grande interesse, quando se trata de forragem é o peso da massa verde, desde que também associada a maior produção de grãos. Considerando as correlações, a seleção para essa característica pode ser baseada na produção de grãos, no número de espigas, no peso das espigas com palha e sem palha, sendo que essas foram as correlações com significância e de maiores valores.

Análise GT *Biplot* discriminou o híbrido H3 como ideótipo levando em consideração as características agronômicas avaliadas, porém destacou em seu segundo círculo híbridos que apresentaram as maiores médias de produção, que foram os híbridos H8, H9 e H11.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aguiar, G.A., Streck, E.A., Henrique, P., Facchinello, K. (2018) Genotype x environment interaction in irrigated rice against climate change View project.
- Azevedo, F.H.V. (2016) Avaliação de híbridos de milho dentados para produção de silagem. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, CAMPOS DOS GOYTACAZES-RJ
- B.Griffing. (1956) Concept of general and specific combining ability in • relation to diallel crossing systems by b. griffing*. *aust J Biol Sci* 9 9: 464–493.
- Bendia, L.C.R. (2018) Avaliação nutricional de híbridos de milho para a ensilagem. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, CAMPOS DOS GOYTACAZES
- Bortoli, P., De Paula, R. (2015) Maiores produtividades de milho para maior produção de leite. <http://www.pioneersementes.com.br/blog/34/maiores-produtividades-de-milho-para-maior-producao-de-leite>. Accessed 26 Oct 2020
- Bruce, A.B. (1910) The Mendelian theory of heredity and the augmentation of vigor [1].
- Bueno LCS, Mendes ANG, C.S. (2006) *Melhoramento Genético de Plantas: Princípios e Procedimentos*. UFLA. Lavras 319p.

- Caixeta, D.S., Fritsche-Neto, R., Batista, L.G., Carvalho, H.F., DoVale, J.C., De Lanes, É.C.M., Miranda, G.V. (2013) Relação entre heterose e divergência genética para a eficiência no uso do fósforo e seus componentes em milho tropical. *Cienc Rural* 43: 60–65.
- Carvalho, P., Silva, D.A., Orientador, B., Dr, P.O., Gonçalves, M.C. (2018) Divergência genética entre linhagens parcialmente endogâmicas de milho pipoca por métodos multivariados e redes neurais artificiais. Universidade Federal da Grande Dourados,
- Coimbra, R.R., Miranda, G.V., Cruz, C.D., de Melo, A.V., Eckert, F.R. (2010) Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. *Rev Cienc Agron* 41: 159–166.
- Conab. (2017) Central de Informações Agropecuárias.
- Conab. (2016) Acompanhamento da safra brasileira: grãos: safra 2015/16: décimo segundo levantamento. <http://www.conab.gov.br/conabweb/index.php?PAG=85>. Accessed 18 Nov 2017
- Correa, C.E.S., Shaver, R.D., Pereira, M.N., Lauer, J.G., Kohn, K. (2002) Relationship between corn vitreousness and ruminal in situ starch degradability. *J Dairy Sci* 85: 3008–3012.
- Crevelari, J.A. (2016) Desenvolvimento de híbridos de milho para silagem, para o norte/noroeste fluminense Jocarla Ambrosim Crevelari. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, Campos dos Goytacazes-RJ
- Crevelari, J.A., Durães, N.N.L., Bendia, L.C.R., da Silva, A.J., Pereira, M.G. (2017) Prediction of genetic gains and correlations in corn hybrids for silage. *Aust J Crop Sci* 11: 1411–1417.
- Crevelari, J.A., Durães, N.N.L., Bendia, L.C.R., da Silva, A.J., Azevedo, F.H.V., Azeredo, V.C., Pereira, M.G. (2018a) Assessment of agronomic performance and prediction of genetic gains through selection indices in silage corn. *Aust J Crop Sci* 12: 800–807.

- Crevelari, J.A., Durães, N.N.L., Bendia, L.C.R., Vettorazzi, J.C.F., Entringer, G.C., Ferreira Júnior, J.A., Pereira, M.G. (2018b) Correlations between agronomic traits and path analysis for silage production in maize hybrids. *Bragantia* 77: 243–252.
- Crevelari, J.A., Durães, N.N.L., Dos Santos, P.R., Azevedo, F.H.V., Bendia, L.C.R., Preisigke, S. da C., Gonçalves, G.M.B., Ferreira Junior, J.A., Pereira, M.G. (2019a) Canonical correlation for morphoagronomic and bromatological traits in silage corn genotypes. *Bragantia* 78: 337–349.
- Crevelari, J.A., Pereira, M.G., Azevedo, F.H.V., Vieira, R.A.M. (2019b) Genetic improvement of silage maize: predicting genetic gain using selection indexes and best linear unbiased prediction. *Rev CIÊNCIA AGRONÔMICA* 50: 197–204.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2.ed. Viçosa 480p.
- Cruz, C., Carneiro, P.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3.ed. Viçosa 480p.
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics - doi: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251. *Acta Sci Agron* 35: 271–276.
- Cruz, C.D., Vencovsky, R. (1990) Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento das plantas.
- Cruz, J.C., Filho, I.A.P., Pimentel, M.A.G., Coelho, A.M., Karam, D., Cruz, I. (2011) Produção de Milho na Agricultura Familiar. *Circ Técnica EMBRAPA* 159: 42.
- De Moraes, G.J., Costa, C., Meirelles, P.R. de L., De Oliveira, K., Factori, M.A., Rosales, L.A., Dos Santos, T.A.B. (2008) Produtividade e valor nutritivo das plantas de milho de textura dentada ou dura em três estádios de colheita para

- silagem. *Bol Indústria Anim* 65: 155–166.
- de Oliveira, I; Lima, L; Casagrande, D.L.M.B.T. (2017) Nutritive value of corn silage from intensive dairy farms in Brazil. *Bras Zootec* 46: 494–501.
- De Souza Gomes, M., Von Pinho, R.G., Ramalho, M.A.P., Ferreira, D.V., De Brito, A.H. (2004) Variabilidade genética em linhagens de milho nas características relacionadas com a produtividade de silagem. *Pesqui Agropecu Bras* 39: 879–885.
- de Souza, L.C., Zambom, M.A., Pozza, M.S. dos S., Neres, M.A., Radis, A.C., Borsatti, L., Castagnara, D.D., Gundt, S. (2012) Development of microorganisms during storage of wet brewery waste under aerobic and anaerobic conditions. *Rev Bras Zootec* 41: 188–193.
- Deminicis, B.B., Vieira, H.D., Jardim, J.G., Araújo, S.A. do C., Neto, A.C., Oliveira, V.C. de., Lima, E. da S. (2009) Silagem de milho - Características agrônômicas e considerações. *Rev Eletrônica Veterinária* 10: 1–18.
- Dos, R., Trindade, S. Capacidade combinatória e herança da resistência ao crestamento bacteriano comum em *Phaseolus vulgaris* L.
- East, E.M. (1936) Heterosis.
- Edson, C., Takarwirwa, N.N., Kuziwa, N.L., Stella, N., Maasdorp, B. (2018) Effect of mixed maize-legume silages on milk quality and quantity from lactating smallholder dairy cows. *Trop Anim Health Prod* 50: 1255–1260.
- Elisa, M., Guidetti, A., Paterniani, Z., De Souza Guimarães, P., Reginaldo,),, Lüders, R., Paulo,),, Gallo, B., Anete,),, De Souza, P., Prianda,),, Laborda, R., Karine,),, Oliveira, M. (2008) Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose (1).
- Falconer, D. (1996) *Introduction to quantitative genetics*. 4th ed. Harlow England: Prentice Hall,
- Fancelli, A. L.; Dourado Neto, D. (2000) Ecofisiologia e fenologia.
- Fancelli, A.L., Dourado Neto, D. (2004) Produção de Milho.

- Faria, P.N., Cecon, P.R., da Silva, A.R., Finger, F.L., e Silva, F.F., Cruz, C.D., Sávio, F.L. (2012) Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. *Hortic Bras* 30: 428–432.
- Fontes, P.S.F. (2002) Adubação nitrogenada e avaliação de cultivares de banana (*Musa spp*) no Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. Universidade Estadual do Norte Fluminense
- Freitas, S.D.P., Do Amaral, A.T., Pereira, M.G., Cruz, C.D., Scapim, C.A. (2006) Capacidade combinatória em milho-pipoca por meio de dialelo circulante. *Pesqui Agropecu Bras* 41: 1599–1607.
- Frutos, E., Galindo, M.P., Leiva, V. (2014) An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. *Stoch Environ Res Risk Assess* 28: 1629–1641.
- Ghaderi, A., Adams, M.W., Nassib, A.M. (1984) Relationship Between Genetic Distance and Heterosis for Yield and Morphological Traits in Dry Edible Bean and Faba Bean 1 . *Crop Sci* 24: 37–42.
- Giles, J.A.D., Oliari, L.S.O., Rocha, A.C.B., Schmildt, E.R., Silva, W., França, J.M. (2016) Correlações entre características físicas, químicas e físicoquímicas de frutos de ciriguela. *Rev AGRO@MBIENTE ON-LINE* 10: 30.
- Gomes, M.D.E.S., Von Pinho, R.G., Silva e Oliveira, J., Ramalho, M.A.P., Viana, A.C. (2002) Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho para produtividade de matéria seca e degradabilidade ruminal da silagem. *Rev Bras Milho e Sorgo* 1: 83–90.
- GOMES, M.D.S., PINHO, R.G. VON., Ramalho, M.A.P., FERREIRA, e D.F. (2006) Alternativas para seleção de híbridos de milho envolvendo vários caracteres visando à produção de silagem maximilian. 5: 406–421.
- Goodman, M.M., Smith, J.S.C. (1987) Melhoramento e produtividade de milho. 41–78.
- Guimarães, P.D.S., Paterniani, M.E.A.G.Z., Lüders, R.R., De Souza, A.P., Laborda, P.R., Oliveira, K.M. (2007) Correlation between the heterosis of

- maize hybrids and genetic divergence among lines. *Pesqui Agropecu Bras* 42: 811–816.
- Hallauer, A. (1990) Methods used in developing maize inbreds.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J. (2010) Quantitative Genetics in Maize Breeding (Handbook of Plant Breeding).
- Hoffman, P.C., Esser, N.M., Shaver, R.D., Coblenz, W.K., Scott, M.P., Bodnar, A.L., Schmidt, R.J., Charley, R.C. (2011) Influence of ensiling time and inoculation on alteration of the starch-protein matrix in high-moisture corn. *J Dairy Sci* 94: 2465–2474.
- Imaizumi, H. (2005) Suplementação protéica, uso de subprodutos agroindustriais e processamento de milho em dietas para vacas leiteiras em confinamento. 182.
- Jinks, J.L., Jones, R.M. (1958) Estimation of the Components of Heterosis. *Genetics* 43: 223–22334.
- Jones, J.W. (1926) Hybrid Vigor in Rice ¹. *Agron J* 18: 423–428.
- Kistler, L., Yoshi Maezumi, S., De Souza, J.G., Przelomska, N.A.S., Costa, F.M., Smith, O., Loiselle, H., Ramos-Madrugal, J., Wales, N., Ribeiro, E.R., Morrison, R.R., Grimaldo, C., Prous, A.P., Arriaza, B., Thomas P Gilbert, M., De Oliveira Freitas, F., Allaby, R.G. (2018) Multiproxy evidence highlights a complex evolutionary legacy of maize in South America. *Science (80-)* 362: 1309–1313.
- Lage, C.F. de A., Neto, H. do C.D., Malacco, V.M.R., Coelho, S.G. (2017) Características e processamento do grão de milho e sua utilização no concentrado de bezerros em aleitamento. *Nutr Time Rev Eletronica* 14: 7026–7031.
- LOPES, M.A.. S.M.X. dos; P.S.N.. G.P.E. de O.. G.E.E.G. e; S.A.E. da; C.L.A.. P.C.A.P.. M.R. (1995) O programa de melhoramento de milho do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo. - Portal Embrapa. p. 1–48 1–48

- M.A.P. Ramalho;, E. Ramalho;, D.F. Ferreira;, A.C. Oliveira e Silva;, D. Perreira;, A. Ramalho; (2012) *Experimentação em genética e melhoramento de plantas – ScienceOpen*. Lavras: UFLA, 328p.
- Macedo, J. da S.A., Mauro, E., Silva de, J., Fernandes, A. (2017) Microbiologia de silagens: Revisão de Literatura-Microbiology of silages: Literature Review.
- Marcondes, M.M., Neumann, M., Marafon, F., Faria, M.V., Rosário, J.G. do. (2012) Aspectos do melhoramento genético de milho para produção de silagem. *Pesqui Apl Agrotecnologia* 173–182.
- Melo, A.V. de., Santos, V.M. dos., Lopes, T.M., Dias, M.A.R., Nunes, H.V. (2019) Divergência genética entre híbridos de milho em condições de deficiência hídrica. *J Neotrop Agric* 6: 66–75.
- Menezes, B.B. De., Morais, M.G., Batista, R.D.S., Maciel, D., Josias, R., Brixner, B.M., Delgado, I.O., Godoy, C. De. (2017) Características Estruturais Do Grão De Milho Sobre a Digestibilidade Do Amido Em Bovinos. *An da X Most científica FAMEZ/ UFMS, Campo Gd 2017* 155–163.
- Ministério da Agricultura, P. e A.– M. (2012) Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão para inscrição no registro nacional de cultivares – RNC. https://www.mapa.gob.es/ministerio/pags/biblioteca/hojas/hd_1972_05.pdf. Accessed 10 Apr 2020
- Miranda, J. E. C.; Resende, H.; Valente, J.O. (2006) No Plantio de milho para silagem.
- Mittelmann, A., Souza Sobrinho, F. de., Oliveira, J.S. e., Fernandes, S.B.V., Lajús, C.A., Miranda, M., Zanatta, J.C., Moletta, J.L. (2005) Avaliação de híbridos comerciais de milho para utilização como silagem na Região Sul do Brasil. *Ciência Rural* 35: 684–690.
- Moll, R.H., Lonquist, J.H., Fortuno, J.V., Johnson, E.C. (1965) The relationship of heterosis and genetic divergence in maize.

- Môro, G.V., Fritsche Neto, R. (2015) *Importância e usos do milho no Brasil*. Viçosa 09–25p.
- Nass, L.L., Paterniani, E. (2000) Pré-melhoramento: Uma ponte entre os recursos genéticos e o melhoramento de milho. *Sci Agric* 57: 581–587.
- Ngonyamo-Majee, D., Shaver, R.D., Coors, J.G., Sapienza, D., Lauer, J.G. (2008) Relationships between kernel vitreousness and dry matter degradability for diverse corn germplasm. II. Ruminant and post-ruminant degradabilities. *Anim Feed Sci Technol* 142: 259–274.
- Nussio, L.G. (1991) Cultura de milho para produção de silagem de alto valor alimentício. *An do Simpósio Sobre Nutr Bov* 4: 58–168.
- Of, E., Diallels, C., Parental, I.N. (2000) Veiga2000.pdf. 1395–1406.
- Oliboni, R., Faria, M.V., Neumann, M., Mendes Battistelli, G., Gallo Tegoni, R., Tadeu, J., De Resende, V. (2012) Genetic divergence among maize hybrids and correlations with heterosis and combining ability . 34: 37–44.
- Oliveira, C.A., Ramalho De Moraes, A. (1987) Análise de cruzamentos dialélicos parciais repetidos em vários ambientes (Analysis of Partial-Diallel Crosses Repeated Over Locations).
- Oliveira, A.R. de., Araújo, S.A. do C., Rocha, N.S., Mota, D.A., Nogueira, M.A. dos R., Domingues, F.N., Bento, C.B.P., Silva, J.B. da. (2020) Dietas para bovinos com diferentes fontes de nitrogênio e carboidratos. *Brazilian J Dev* 6: 46602–46615.
- Oliveira, J.S., Sobrinho, F. de S., Pereira, C.R., Miranda, J.M. de., Banys, V.L., Cláudia, A.R., Pereira, A. Vander., Ledo, F. da S., Botrel, M. de A., Auad, M.V. (2003) Potencial de utilização de híbridos comerciais de milho para silagem, na região sudeste do Brasil. *Rev Bras Milho e Sorgo* 2: 62–71.
- Oliveira, M.R., Neumann, M., Mendes, M.C., Ventura, M., Neri, J. (2011) Resposta econômica na terminação de novilhos confinados com silagens de milho (*zea mays* L.), em diferentes estágios de maturação, associadas a dois níveis de concentrado na dieta. *Rev Bras Milho e Sorgo* 10: 87–95.

- Oliveira, P.P.A., Corte, R.R.S., Silva, S.L., Rodriguez, P.H.M., Sakamoto, L.S., Pedroso, A.F., Tullio, R.R., Berndt, A. (2018) The effect of grazing system intensification on the growth and meat quality of beef cattle in the Brazilian Atlantic Forest biome. *Meat Sci* 139: 157–161.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. (2005) *Melhoramento do Milho*. 2 ed. Viçosa 491-552.p.
- Paterniani, E. (1974) Estudos recentes sobre heterose. *Fundação Cargill* 36.
- Paterniani, E. (1993) Métodos tradicionais de melhoramento de milho. 22–43.
- Paterniani, E., Lonquist, J.H. (1963) Heterosis in Interracial Crosses of Corn (*Zea mays* L.) 1 . *Crop Sci* 3: 504–507.
- Paterniani, M.E.A.G.Z. (2001) Use of heterosis in maize breeding: history, methods and perspectives – A review. 1: 159–178.
- Pereira Filho, I.A. (2015) Cultivo do milho. In: 9 ed. Sete Lagoas Embrapa Milho e Sorgo.
<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/131476/1/ID43301-2015SDRIACNacala-p430.pdf>. Accessed 26 Oct 2020
- Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. (2001) Estimation of Genetic Components in Popcorn Based on the Nested Design. *Crop Breed Appl Biotechnol* 1: 3–10.
- Pereira, M.G., Berilli, A.P.C.G., dos Santos Trindade, R., Entringer, G.C., Santos, P.H.A.D., Vettorazzi, J.C.F., da Cunha Galvão, K.S. (2019) ‘UENF 506-11’’: A new maize cultivar for the North and Northwest of Rio de Janeiro State.’ *Crop Breed Appl Biotechnol* 19: 141–144.
- Pereira, M.N. (2013) No Title. *Balde cheio* 585: 45–48.
- Piovesan, V., Oliveira, V. de., Gewehr, C.E. (2011) Milhos com diferentes texturas de endosperma e adição de alfa-amilase na dieta de leitões. *Ciência Rural* 41: 2014–2019.
- Powers, L. (1944) An Expansion of Jones’s Theory for the Explanation of Heterosis. *Am Nat* 78: 275–280.

- Resende, M., Duarte, J. (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *undefined* 182–194.
- Rezende, J.L. de. A. (2013) Milho e a silagem. *Balde cheio* 585: 36–38.
- Salazar, D.R., Stabile, S. dos S., Guimarães, P. de S., Paterniani, M.E.A.G.Z., dos Santos, M.V., Silva, L.F.P. (2010) Valor nutritivo do colmo de híbridos de milho colhidos em três estádios de maturidade. *Pesqui Agropecu Bras* 45: 758–766.
- Santos Bernini, C., Ayres, M.E., Paterniani, G.Z. (2012) Estimativas de parâmetros de heterose em híbridos de populações f₂ de milho. 56–62p.
- Santos, E.M., Pereira, O.G., Garcia, R., Lucia, C., Fortes, D.L., Oliveira, J.S. De., Carvalho, T., Rosa, L.O. (2011) Revista Brasileira de Zootecnia Microbial populations , fermentative profile and chemical composition of signalgrass silages at different regrowth ages 1 Populações microbianas , perfil fermentativo e composição bromatológica de silagens de capim-braquiár. 0: 747–755.
- Santos, M.V.F., Gómez Castro, A.G., Perea, J.M., Garcia, A., Guim, A., Pérez Hernandez, M. (2010) Fatores que afetam o valor nutritivo da silagens de forrageiras tropicais. *Arch Zootec* 59: 25–43.
- Santos, S.C. (2015) Características nutricionais e físicas do milho com diferentes texturas e tempos de armazenamento. 1–115.
- Shull, G.H. (1948) What Is “Heterosis”? *Genetics* 33: 439–446.
- Shull, G.H. (1909) A Pure-Line Method in Corn Breeding. *J Hered os-5*: 51–58.
- Silva, J., Ferreira, R.D.P., Cruz, C.D., Pereira, A. Vander., Lopes, F.C.F. (2010) Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho para silagem em relação à produção de matéria seca degradável no rúmen. *Rev bras zootec* 28: 230–234.
- Silva, M.F., Maciel, G.M., Finzi, R.R., Peixoto, J.V.M., Rezende, W.S. & C.R. (2020) Índices de seleção para caracteres agronômicos e químicos em população segregante de milho-doce.

- Silva, T.D., Ícaro, R., Vieira, M., Ferreira, J.C., Barbosa, I.T., Dias, T., Dijkstra, D., Pessoa, M.S., Abrão, F.O. (2018) Influência do processamento de grãos sobre o desempenho de ruminantes e a população microbiana do rúmen.
- Simon, G.A., Kamada, T., Moiteiro, M. (2012) Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. *Semin Agrar* 33: 449–458.
- Skonieski, F.R., Nörnberg, J.L., Kessler, J.D., De David, D.B., De Azevedo, E.B., Brüning, G., McManus Pimentel, C.M. (2014) Corn plant arrangement and its effect on silage quality. *Rev Bras Zootec* 43: 114–119.
- Sprague, G.F., Tatum, L.A. (1942) General vs. Specific Combining Ability in Single Crosses of Corn 1. *Agron J* 34: 923–932.
- Sudré, C.P., Cruz, C.D., Rodrigues, R., Riva, E.M., Amaral Júnior, A.T. do., Silva, D.J.H. da., Pereira, T.N.S. (2006) Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. *Hortic Bras* 24: 88–93.
- Team, R.D.C. (2019) R: O Projeto R para Computação Estatística. <https://www.r-project.org/>. Accessed 16 Dec 2020
- Teixeira, F.A., Amin, W.G., Mello, S. de P. (2009) Avaliação Da Produtividade Das Silagens De Girassol, Milho, Sorgo E Milheto Em Diferentes Espaçamentos. *Nucleus* 6: 69–82.
- Vasconcelos, V.D.B., Carneiro, N.P. (2010) Transformação genética de milho com construções gênicas contendo o gene AtDREB2A visando tolerância à seca¹. 4: 5.
- Veiga, R.D., Ferreira, D.F., Ramalho, M.A.P. (2000) Efficiency of circulant diallels in parental choice. *Pesqui Agropecu Bras* 35: 1395–1406.
- Velho, J.P., Mühlbach, P.R.F., Genro, T.C.M., Sanchez, L.M.B., Nörnberg, J.L., Orqis, M.G., Falkenberg, J.R. (2006) Alterações bromatológicas nas silagens de milho submetidas a crescentes tempos de exposição ao ar após “desensilagem.” *Ciência Rural* 36: 916–923.

- VIÉGAS, G.P., MIRANDA FILHO, J.B. (1978) Milho Híbrido. *In*: PATERNIANI, E. (ed) *Melhoramento e produção do milho no Brasil*, 1.ed. p. 257–298
- Wilkinson, J.M., Rinne, M. (2018) Highlights of progress in silage conservation and future perspectives. *Grass Forage Sci* 73: 40–52.
- Xavier, M., Santos, D., De Lelis, C., De Andrade, T., De Oliveira, A.C., Prado Leite, C.E., Wilson, H., Carvalho, L., Eugênio, E., Gama, G.E., Antônio, C., Pacheco, P., Evaristo, P., Gumarães, O., Parentoni, S.N. (2003) Comportamento de híbridos de milho selecionados e não selecionados para asi sob estresse de água no florescimento e no enchimento de grãos.
- Yan, W. (2001) GGEbiplot - A windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. *Agron J* 93: 1111–1118.
- Yan, W., Frégeau-Reid, J. (2018) Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot: A Novel Approach for Genotype Selection based on Multiple Traits. *Sci Rep*. doi: 10.1038/s41598-018-26688-8
- Yan, W., Rajcan, I. (2002) Biplot Analysis of Test Sites and Trait Relations of Soybean in Ontario. *Crop Sci* 42: 11.
- Yearbook, B.C. (2015) Milho.

APÊNDICES

Tabela Suplementar 1. Estimativa da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i), avaliada em um dialelo completo de seis genitores sem recíprocos, cultivados em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ nas épocas 2017/2018 e 2018/2019.

| Genitores | EFEITOS MÉDIOS DA CGC | | | | | | | | |
|-------------|-----------------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| | AP | AE | DC | NE | EM | PECP | PESP | PMV | PDG |
| UENF – 2202 | 0.2 | 0.21 | -0.141 | -0.284 | 0.031 | -0.123 | 0.084 | 0.355 | 0.038 |
| UENF – 2208 | 0.131 | 0.108 | -0.046 | 0.333 | -0.039 | 0.48 | -0.017 | 0.572 | -0.013 |
| UENF – 2209 | 0.069 | 0.052 | 0.404 | -0.924 | -0.023 | -0.457 | -0.583 | -2.185 | -0.222 |
| UENF – 2210 | -0.079 | -0.046 | -0.262 | 1.451 | -0.039 | 1.144 | 0.811 | 4.186 | 0.339 |
| UENF – 2205 | -0.006 | -0.034 | 0.174 | -0.823 | 0.039 | -0.098 | -0.516 | -3.354 | -0.134 |
| Piranão 12 | -0.135 | -0.101 | -0.129 | 0.247 | 0.031 | -0.515 | 0.221 | 0.426 | -0.008 |

AP = altura da planta, AE = altura da primeira espiga, DC = diâmetro do colmo, NE = número de espigas, EM = empalhamento, PECP = peso de espigas com palha, PESP = peso de espigas sem palha, PMV = peso da massa verde, PDG= produção de grãos.

Tabela Suplementar 2. Estimativa de $\hat{\sigma}_{ij}$ e os efeitos para $\hat{\sigma}_{ii}$, avaliada em um dialelo completo de seis genitores sem recíprocos, cultivados em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ nas épocas 2017/2018 e 2018/2019.

| Híbridos | EFEITOS MÉDIOS DA CEC | | | | | | | | |
|---------------------------|-----------------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|--------|
| | AP | AE | DC | NE | EM | PECP | PESP | PMV | PDG |
| UENF – 2202 | 0.47 | 0.25 | -0.263 | -1.15 | 0.027 | -1.038 | -0.267 | -3.648 | -0.328 |
| UENF – 2202 x UENF – 2208 | -0.296 | -0.159 | -0.087 | 1.733 | -0.34 | 1.387 | 0.453 | 3.878 | 0.291 |
| UENF – 2202 x UENF – 2209 | -0.135 | -0.164 | 0.386 | 0.741 | 0.206 | 0.307 | 0.592 | 1.297 | 0.32 |
| UENF – 2202 x UENF – 2210 | 0,016 | -0.013 | 0.315 | -1.321 | 0.035 | -2.132 | -1.638 | -5.161 | -0.446 |
| UENF – 2202x UENF – 2205 | 0.029 | 0.043 | -0.276 | 2.89 | 0.081 | 2.131 | 0.88 | 7.594 | 0.354 |
| UENF – 2202 x Piranão 12 | 0.292 | 0.242 | 0.189 | -1.743 | -0.036 | 0.383 | 0.248 | -0.311 | 0.136 |
| UENF – 2208 | -0.061 | -0.096 | -0.375 | -4.071 | 0.167 | -3.254 | -3.161 | -13.301 | -1.218 |
| UENF – 2208 x UENF – 2209 | 0.08 | 0.092 | -0.497 | 1.686 | 0.089 | 1.291 | 2.345 | 7.018 | 0.636 |
| UENF – 2208 x UENF – 2210 | 0.365 | 0.27 | 0.474 | -1.751 | -0.02 | -0.597 | -2.17 | -2.971 | -0.142 |
| UENF – 2208 x UENF – 2205 | -0.104 | -0.071 | 0.468 | 3.897 | 0.027 | 2.45 | 3.323 | 12.035 | 1.01 |
| UENF – 2208 x Piranão 12 | 0.077 | 0.06 | 0.393 | 2.577 | -0.09 | 1.977 | 2.371 | 6.642 | 0.642 |
| UENF – 2209 | -0.054 | 0.05 | -0.485 | -2.618 | -0.176 | -2.102 | -2.176 | -9.433 | -0.842 |
| UENF – 2209 x UENF – 2210 | 0.094 | -0.012 | 1.069 | -0.931 | -0.036 | 1.105 | 0.249 | 0.704 | 0.11 |
| UENF – 2209 x UENF – 2205 | 0.164 | 0.114 | -0.342 | 3.905 | -0.051 | 1.57 | 2.149 | 10.359 | 0.674 |
| UENF – 2209 x Piranão 12 | -0.097 | -0.13 | 0.353 | -0.165 | 0.144 | -0.068 | -0.983 | -0.511 | -0.056 |
| UENF – 2210 | -0.163 | -0.17 | 0.6 | 0.382 | -0.02 | -0.379 | 1.037 | 0.595 | -0.51 |
| UENF – 2210 x UENF – 2205 | 0.12 | 0.222 | -1.633 | -0.282 | 0.152 | -0.164 | -0.758 | 1.343 | 0.004 |
| UENF – 2210 x Piranão 12 | -0.269 | -0.127 | -1.426 | 3.522 | -0.09 | 2.546 | 2.242 | 4.895 | 0.576 |
| UENF – 2205 | 0.065 | -0.03 | 0.602 | -5.071 | -0.051 | -2.714 | -2.451 | -16.234 | -1.094 |
| UENF – 2205 x Piranão 12 | -0.339 | -0.248 | 0.579 | -0.267 | -0.106 | -0.559 | -0.693 | 1.138 | 0.146 |
| Piranão 12 | 0.168 | 0.101 | -0.044 | -1.962 | 0.089 | -2.139 | -1.592 | -5.927 | -0.722 |

AP = altura da planta, AE = altura da primeira espiga, DC = diâmetro do colmo, NE = número de espigas, EM = empalhamento, PECP = peso de espigas com palha, PESP = peso de espigas sem palha, PMV = peso da massa verde, PDG= produção de grãos.