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 OUTUBRO - 2016

DESENVOLVIMENTO DE HÍBRIDOS DE MILHO PARA SILAGEM, PARA O NORTE/NOROESTE FLUMINENSE

JOCARLA AMBROSIM CREVELARI

"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

DESENVOLVIMENTO DE HÍBRIDOS DE MILHO PARA SILAGEM, PARA O NORTE/NOROESTE FLUMINENSE

JOCARLA AMBROSIM CREVELARI

"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 31 de outubro de 2016.
Comissão Examinadora:
Dr. Roberto dos Santos Trindade (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) EMBRAPA/Milho e Sorgo
Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF
Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF
Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Plant Breeding) – UENF

(Orientador)

A Deus, por todas as graças concedidas.

Aos meus pais, Izabel e Zelino, pelo amor incondicional, pelo apoio e incentivo durante todos os momentos da minha vida.

Ao meu irmão Cícero, pelo companheirismo e pela confiança durante toda essa jornada.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela sua presença constante em minha vida;

Aos meus pais, Isabel e Zelino, pelo amor, carinho, dedicação e exemplo de vida:

Ao meu irmão, Cícero, amigo e conselheiro, sempre me apoiando e dando forças nos momentos mais difíceis;

Ao meu namorado Anderson, que esteve ao meu lado, ajudando e incentivando:

Aos meus amigos, especialmente a Erina, Nayara, Amanda, Nádia, Camila, Ellenzinha, Avelino, Diego, Júlio, Renato, José Arantes, Gabriel e Vivane pelo companheirismo, troca de informações e alegria que me proporcionaram durante este curso;

Às minhas amigas de República, Giseli, Charina, Juliana, Letícia, Thamires e Isiz, pelos bons momentos;

Ao meu orientador Messias Gonzaga Pereira, pelos ensinamentos, pelo incentivo e pela confiança que me passou ao longo destes anos;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela formação acadêmica e pela oportunidade de realizar o doutorado;

Ao Técnico Agrícola Geraldo de Carvalho e ao Engenheiro Agrônomo Leandro Hespanhol e aos trabalhadores de campo, pelo grande auxílio nas atividades de campo durante as etapas desta pesquisa;

Aos estagiários do Colégio Agrícola, Luzimara, Durval e Valdinei, pela amizade e valiosa ajuda durante toda a condução dos experimentos, sem medir esforços;

Aos professores Ricardo Augusto Mendonça Vieira e Alberto Magno Fernandes e aos alunos Flávio Henrique Vidal Azevedo e Laila Cecília Ramos Bendia do Laboratório de Zootecnia da UENF, pela parceria e condução dos experimentos;

Aos Professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelos ensinamentos transmitidos;

Ao secretário Daniel, pela amizade e pela disponibilidade de nos ajudar; A todos que amo e que sempre estiveram ao meu lado. Obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1 Objetivo Geral	4
2.2 Objetivos Específicos	4
3. REVISÃO DE LITERATURA	5
3.1 Classificação botânica e origem do milho	5
3.2 Importância econômica	6
3.3 Silagem de milho	7
3.4 Melhoramento genético do milho para silagem	8
3.5 Índice de seleção	12
3.6 Correlação	14
3.7 O uso de testadores no melhoramento do milho	15
4. MATERIAL E MÉTODOS	18
4.1. Obtenção dos híbridos topcrosses	18
4.2 Avaliação dos híbridos topcrosses: Anos agrícolas 2013/2014 e 2014/20)15 .20
4.2.1 Características avaliadas	21
4.2.2 Análises estatísticas	21
4.2.2.1 Análise de variância	21
4.2.2.2 Estimação dos parâmetros genéticos e estatístico	23
4.2.2.3 Estimação das correlações	24
4.2.2.4 Teste de agrupamento de médias	24

4.2.2.5 Estimação dos ganhos por meio de índices de seleção	25
4.2.2.5.1 Índice de Mulamba & Mock (1978)	25
4.3 Avaliação dos híbridos topcrosses selecionados: ano agrícola 2015/2016	25
4.3.1 Características avaliadas	26
4.3.2 Análises estatísticas	27
4.3.2.1 Análise de variância	27
4.3.2.2 Estimação dos parâmetros genéticos e estatístico	28
4.3.2.3 Estimação das correlações	29
4.3.2.4 Teste de agrupamento de médias	30
4.3.2.5 Estimação por meio de índices de seleção	30
4.3.2.5.1 Índice de Smith (1936) & Hazel (1943)	30
4.3.2.5.2 Índice de Willians (1962)	33
4.3.2.5.3 Índice de Pesek & Baker (1969)	33
4.3.2.5.4 Índice de Mulamba & Mock (1978)	34
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	35
5.1 Avaliação dos híbridos topcrosses: Anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015	.35
5.1.1 Análise de variância e parâmetros genéticos	35
5.1.2 Estimativas das correlações	38
5.1.3 Teste de agrupamento de médias	41
5.1.4 Seleção baseada no índice de Mulamba & Mock	44
5.2 Avaliação dos híbridos topcrosses selecionados: Ano agrícola 2015/2016	48
5.2.1 Análise de variância e parâmetros genéticos	48
5.2.2 Estimativas das correlações	51
5.2.3 Teste de agrupamento de médias	53
5.2.4 Seleção baseada nos índices de seleção	56
6. CONCLUSÕES	
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	63
APÊNDICES	77

RESUMO

CREVELARI, Jocarla Ambrosim; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Outubro de 2016; DESENVOLVIMENTO DE HÍBRIDOS DE MILHO PARA SILAGEM, PARA O NORTE/NOROESTE FLUMINENSE; Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira; Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Prof. Ricardo Augusto Mendonça Vieira.

Durante o período seco, as pastagens tornam-se deficientes, sendo necessário o uso da silagem de milho como fonte adicional de volumosos. O milho é cada vez mais recomendado como a cultura de maior expressão para silagem, devido às suas características qualitativas e quantitativas, além da boa aceitação por grande parte dos animais. No entanto, pesquisas visando à obtenção e avaliação de híbridos de milho para produção de silagem não têm sido muito frequentes no Brasil. Diante disso, é de fundamental importância a avaliação dessas características para obtenção de uma silagem de qualidade. O presente estudo teve como objetivos: i) Obter e selecionar híbridos topcrosses de milho dentado para produção de silagem, que apresentem bom desempenho agronômico; ii) Estimar os parâmetros genéticos e os coeficientes de correlações entre características agronômicas de híbridos de milho destinados à produção de silagem; iii) Estimar o ganho genético predito para características agronômicas em híbridos de milho para silagem, utilizando índices de seleção. As avaliações dos hibridos *topcrosses* foram feitas durante 3 anos, nos anos agrícolas 2013/2014, 2014/2015 e 2015/2016. No primeiro e segundo ano de avaliação, foram avaliados 24 tratamentos, sendo 19 híbridos topcrosses e cinco

testemunhas, no delineamento experimental de blocos casualizados, com 4 e 5 repetições, respectivamente, em dois ambientes. Após dois anos de avaliação, foram selecionados 8 híbridos topcrosses para dar continuidade ao trabalho. No terceiro ano de avaliação, foram avaliados 15 tratamentos, sendo 8 híbridos topcrosses e 7 testemunhas, no delineamento experimental de blocos casualizados, com 6 repetições, em dois ambientes. Foram avaliadas as seguintes características agronômicas: altura de plantas, altura de inserção da primeira espiga, diâmetro do colmo, número de espigas, produtividade de espiga com palha no ponto de silagem, produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem, produtividade de grãos no ponto de silagem, proporção de grãos na massa verde e produtividade de massa verde. Para predição de ganhos, foram empregados os índices de seleção de Smith & Hazel, Willians, Pesek & Baker e Mulamba & Mock. A análise de variância mostrou que os híbridos topcrosses em estudo apresentaram ampla variabilidade genética. A produtividade de massa verde está mais fortemente associada com AP, AE, PECP, PESP e PG. Entre os híbridos topcrosses avaliados, existem híbridos com desempenho agronômico superior às testemunhas, sendo viável sua utilização na região Norte/Noroeste Fluminense. Entre os quatro índices de seleção testados, o de Mulamba & Mock é o mais adequado para a seleção de híbridos de milho para silagem. Os híbridos topcrosses envolvendo os genitores UENF 2202, UENF 2208, UENF 2209 e UENF 2210 apresentaram elevado potencial para produção de silagem na região Norte e Noroeste Fluminense.

ABSTRACT

CREVELARI, Jocarla Ambrosim; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; October 2016; DEVELOPMENT OF CORN HYBRID FOR SILAGE, FOR NORTH AND NORTHWEST FLUMINENSE; Advisor: Prof. Messias Gonzaga Pereira; Committee members: Profs. Alexandre Pio Viana and Ricardo Augusto Mendonça Vieira.

During the dry season, the production of pastures decreases, making it necessary, in some cases, the use of corn silage as roughage source. Maize is increasingly recommended as the most important crop for silage, due to their qualitative and quantitative traits in addition to the great acceptance for most animals. However, research aimed at obtaining and evaluation of corn hybrids for silage production hasn't been very common in Brazil. Therefore, it is crucial evaluation of key characteristics for obtaining quality corn silage. The objectives of this work were: i) develop and select top-cross hybrids of dent corn silage, which present useful agronomic performance; ii) estimate genetic parameters and correlation coefficients between agronomic traits in corn silage hybrids; iii) estimate the genetic gain predicted in agronomic traits in corn silage hybrids using selection indexes. Assessments of top-cross hybrids were carried out during 3 years in the agricultural years 2013/2014, 2014/2015 and 2015/2016. In the first and second year, it was evaluated 24 treatments, 19 top-cross hybrids and 5 checks in a randomized complete block design with 4 and 5 replications respectively, in both environments. After two years of evaluation 8 top-cross hybrids were selected to be continued the investigation. In the third year of evaluation, 15 treatments, 8 topcross hybrids and 7 checks were evaluated in a randomized complete block design with 6 replications in two environments. The following traits were evaluated: plant height, first ear height, stem diameter, yield at silage stage, ear yield with and without straw at silage stage, fresh mass yield, and proportion of grains in the fresh mass. For prediction gains, the selection indices of Smith & Hazel Williams, Pesek & Baker and Mulamba & Mock were employed. Analysis of variance showed that the evaluated top-cross hybrids showed wide genetic variability. The fresh matter yield is more strongly associated with plant height, first ear height, grain yield and ear yield with and without straw at silage stage. Among the evaluated top-cross hybrids there are hybrids with agronomic performance superior to the checks, and maybe good alternatives to be used in the North / Northwest Fluminense region. Among the four selection indices tested the Mulamba & Mock is the most suitable for the selection of corn silage hybrids. The top-cross hybrids involving the parents UENF 2202, UENF 2208, 2209 and UENF UENF 2210 showed high potential for silage production in the North and Northwest Fluminense region.

1. INTRODUÇÃO

A prática de produção da ensilagem no Brasil foi iniciada no final do século XX e sua utilização vem crescendo como opção na alimentação animal, tanto no período de inverno como durante o verão. A utilização da silagem no Brasil vem aumentando a cada ano, visto ser a forma mais adequada para a conservação de forragens empregada na alimentação animal (Fancelli et al., 2000).

Na época da seca, a quantidade e a qualidade das pastagens diminuem acentuadamente, reduzindo ou inviabilizando a produção. A silagem de milho é uma boa opção para a alimentação do rebanho nessa época, pela sua grande produtividade de matéria seca e bom valor nutricional (Oliveira et al., 2003).

O milho é cada vez mais recomendado como a cultura de maior expressão para silagem no Brasil, pelas suas características qualitativas e quantitativas, além da boa aceitação por bovinos, bubalinos, caprinos e ovinos, para a produção de leite e ganhos de peso satisfatório em animais para corte (Deminicis et al., 2009). Da família das gramíneas, é a espécie que proporciona a melhor silagem, com grande aceitabilidade pelos animais (Ticiani et al., 2011).

No Brasil, o milho é a cultura mais utilizada como silagem pelo fato de ser facilmente cultivado em todo o país, apresentar alta produtividade e facilidade de fermentação dentro do silo, além de sua silagem ter um bom valor energético e ter boa aceitação pelos animais. As características quantitativas e qualitativas são

extremamente importantes já que permitem redução no uso de concentrados, diminuindo assim o custo da alimentação (Oliveira, 2007).

Apesar de a silagem de milho ser um alimento muito utilizado, conceitos errôneos ainda são aplicados na escolha das cultivares, em que a qualidade do produto não é priorizada. Entretanto, a baixa disponibilidade de resultados de avaliação da qualidade nutricional da forragem das cultivares disponíveis no mercado, aliada à pequena ênfase dada pela maioria dos programas de melhoramento visando ao desenvolvimento de cultivares específicas para a produção de silagem, limita a escolha baseada em sua qualidade nutricional (Villela, 2001).

Historicamente, no Brasil não há programas de melhoramento com o objetivo de selecionar milhos superiores a serem utilizados na forma de silagem, uma vez que durante anos se acreditou que os melhores milhos para a produção de grãos também seriam os mais indicados para uso na confecção de silagem (Daynard e Hunter, 1975).

Assim, é de fundamental importância que os programas de melhoramento genético no Brasil desenvolvam um programa específico para a produção de milho forrageiro.

No Brasil, um dos padrões heteróticos mais explorados em programa de melhoramento de milho tem sido o cruzamento entre genótipos do endosperma do tipo dentado com genótipos de endosperma do tipo duro. No caso do milho, existem dois grupos heteróticos: o denominado "Dent" e o "Flint". A maioria dos híbridos advém do cruzamento intergrupo heterótico.

Evidências mais recentes indicam que a digestibilidade ruminal do amido do milho é variável tendo em vista as diferenças genéticas entre os híbridos. De acordo com Phillippeau et al. (1999), diferenças na vitreosidade do grão têm sido observadas entre variedades de milho duro e dentado. Variedades de milho dentado apresentam maior digestibilidade ruminal em relação ao milho duro. Assim sendo, a proposta deste trabalho é identificar combinações híbridas intragrupo heterótico do tipo dentado, visando a obter produtos de melhor qualidade.

Diversos trabalhos mostram grandes variações na digestibilidade do amido do grão de diferentes híbridos de milho, em virtude da variação existente na vitreosidade do endosperma dos grãos (Michalet-Doreau e Champion, 1995; Philippeau e Michalet-Doreau, 1998; Philippeau et al., 1999; Correa et al., 2002).

A seleção de genótipos deve ser baseada em diversas características agronômicas favoráveis, buscando sempre a melhoria simultânea de tais características. Desta forma, os índices de seleção são ferramentas muito úteis no melhoramento de plantas, pois possibilitam de forma eficiente a seleção de genótipos superiores. Entre os mais utilizados estão o índices de Smith (1936) & Hazel (1943), Willians (1962), Pesek & Baker (1969) e Mulamba & Mock (1978) (Cruz et al., 2004).

Conforme Cruz et al. (2004), tais índices constituem uma técnica multivariada que associa informações relativas a vários caracteres de interesse agronômico com as propriedades genéticas da população avaliada. Com os índices de seleção, é possível criar um valor numérico, que funciona como caráter adicional, teórico, resultante da combinação de determinados caracteres selecionados pelos melhoristas, sobre os quais se deseja proceder à seleção simultânea.

Na região Norte e Noroeste Fluminense, a cultura do milho é uma fonte de renda alternativa de pequenos e médios produtores. Apesar de ser uma cultura importante, o estado carece de um maior investimento e atenção por parte da pesquisa. A inovação e a aplicação de novas tecnologias científicas, com o intuito de gerar cultivares melhoradas e adaptadas às condições do clima da região Norte e Noroeste Fluminense do estado, proporcionariam um incremento adicional e importante na produção de volumosos durante os períodos de seca do ano.

Diante disso, sabendo-se que o mercado de milho para silagem tem grande perspectiva de crescimento e que a pecuária brasileira é totalmente dependente desta fonte adicional de volumosos, ressaltando-se, ainda, o fato de o Brasil não ter programas de melhoramento genético voltados para fins forrageiros, nem variedades específicas para atender a esta demanda, viu-se a necessidade de desenvolver esta pesquisa na região.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi obter e avaliar híbridos de milho do grupo heterótico dentado com foco na produção de silagem, adaptados para o Norte/Noroeste Fluminense.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Obter e avaliar híbridos de milho do grupo heterótico dentado com foco na produção de silagem adaptados para o Norte/Noroeste Fluminense.

2.2 Objetivos Específicos

- i) Obter e selecionar híbridos topcrosses de milho dentado para produção de silagem, que apresentem bom desempenho agronômico;
- ii) Estimar os parâmetros genéticos e os coeficientes de correlações entre características agronômicas de híbridos de milho destinados à produção de silagem;
- iii) Estimar o ganho genético predito para características agronômicas em híbridos de milho para silagem, utilizando índices de seleção.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Classificação botânica e origem do milho

Dentro da classificação botânica, o milho pertence à classe Liliopsida, família Poaceae, subfamília *panicoideae*, tribo *Maydeae*, gênero *Zea*, espécie *Zea mays*. O gênero *Zea* é considerado monotípico, sendo constituído por uma única espécie, ou seja, *Zea mays* L. (Canechio Filho, 1985).

O milho ($Zea\ mays\ L$.) é uma espécie diploide, com 2n=2x=20 cromossomos; alógama, com taxa de autofecundação inferior a 5%; e monoica, apresentando, na mesma planta, os dois sexos, separados em diferentes inflorescências (Ferreira, 2008). As flores masculinas localizam-se na panícula terminal, conhecida como pendão, e as flores femininas, em espigas axilares. A espiga é constituída por um eixo ou ráquis, local em que se desenvolvem centenas de ovários, cada um com um saco embrionário (Dias, 2011).

Planta de porte ereto, com altura oscilando entre 1 e 3,5 metros, de acordo com as variedades. Tem caule do tipo colmo, de calibre robusto, folhas largas, planas e pontiagudas, muito eficientes em fotossíntese (Bull, 1993). A planta de milho é considerada uma das mais eficientes na conversão de energia radiante e, consequentemente, na produção de biomassa (Fancelli e Dourado, 2000).

O milho é originário da América Central (México/Guatemala), sendo cultivado em todas as regiões do mundo, sejam temperadas ou tropicais. Seu

cultivo é favorecido em épocas do ano em que a temperatura do ar é superior a 15°C. Seu desenvolvimento é muito afetado pela quantidade de radiação solar, por isso as maiores produtividades são obtidas em condições de alta radiação. Em relação ao fotoperíodo, o milho é considerado planta neutra ou de dias curtos (Reichardt, 1993).

3.2 Importância econômica

O milho é considerado um dos cereais cujo plantio é mais disseminado no mundo. Este cereal é destinado à alimentação humana, animal, produção de combustíveis e usos industriais. A importância relativa deste cereal varia entre os países, em função da renda da população, de aspectos culturais e das possibilidades de sua produção agrícola. No Brasil, cerca de 70 a 80% do milho produzido é consumido na cadeia produtiva de aves e suínos (Garcia et al., 2011).

De acordo com a CONAB (2016), a produção mundial de milho em 2016 está estimada em 1,03 bilhão de toneladas. Os Estados Unidos são o principal produtor e consumidor, produzindo aproximadamente 345 milhões de toneladas, China é o segundo, com 224 milhões de toneladas, e o Brasil é o terceiro, com cerca de 66 milhões de toneladas, seguido por União Europeia, Argentina e Ucrânia. Os Estados Unidos responderam em média por 31% da produção mundial nos últimos cinco anos. Na 2ª posição, vem a China, com 24%, e o Brasil respondeu por 8%. No Brasil, a área plantada de milho total na safra 2015/2016 foi de 15.922,5 milhões de hectares, com produtividade de 4.207 (kg ha⁻¹), e produção de 66.979,5 milhões de toneladas.

De acordo com o levantamento da CONAB na safra de 2015/2016, no Brasil, as principais áreas produtoras estão nas regiões Centro-Sul, Centro-Oeste, Sul, Sudeste, seguidas por Nordeste/Norte. Os Estados do Mato Grosso e Paraná são os principais produtores de milho do Brasil (CONAB, 2016).

Na região Norte e Noroeste Fluminense, a cultura do milho vem sendo utilizada como alternativa de diversificação. Embora não seja uma região tradicional de cultivo de grãos e silagem, é fundamental que se disponham de cultivares melhoradas, uma vez que, além da necessidade do milho para produção de grãos, produtores da região utilizam silagem de milho como fonte adicional de volumosos durante o período seco do ano.

3.3 Silagem de milho

A preocupação em produzir alimento volumoso para os rebanhos, principalmente no período seco do ano, tem aumentado a utilização da silagem, especialmente entre os pecuaristas que se dedicam à produção leiteira. Embora existam várias plantas forrageiras, anuais e perenes, destinadas à produção de silagem, o milho é uma das culturas mais utilizadas neste processo no Brasil (Cruz et al., 2012).

A silagem de milho é o principal volumoso empregado nos sistemas mais intensivos de produção de carne e, principalmente, na produção leiteira. Dados apresentados pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento no 5º Fórum do Milho, durante a Expodireto Cotrijal (2013), revelam que a área destinada à produção de silagem é de cerca de 2,25 milhões de hectares, algo em torno de 15% da área total cultivada de milho no país. No estado de Santa Catarina, mais de 60% das lavouras de milho já são destinadas à ensilagem, implicando, entre outros fatores, menor oferta de milho em grão no estado.

A produção de leite é o principal indicador do mercado de silagem de milho no Brasil. Concentrada nas regiões sul e sudeste do país, é justamente nessas regiões de maior produção de leite que se encontram as maiores áreas de produção de silagem (Pereira, 2016).

O milho Zea mays L. é muito utilizado como volumoso para alimentação de animais, pelo seu grande potencial produtivo de matéria seca, aliado à capacidade de produção de grãos, que enriquecem o volumoso produzido. Pelo seu grande potencial produtivo e adaptabilidade aos mais diferentes ambientes, o milho é muito utilizado para a produção de forragem e grãos em todo o mundo (Alvarez et al., 2006).

Segundo Mendes et al. (2008), a melhoria da qualidade da forragem é uma estratégia para reduzir o uso de alimentos concentrados na produção leiteira, e o milho é, sem dúvida, uma das melhores opções para este processo.

A escolha do híbrido de milho para a produção de silagem tem por objetivo a obtenção de um produto economicamente viável e de alta qualidade. Características como alta relação grãos/massa verde, manejo adequado da adubação e época de corte propiciam maior produção de matéria seca e maior produção de grãos, uma silagem nutricionalmente mais rica, digestível e com menor teor de fibra (Melo et al., 1999).

No passado, a produção de milho para silagem visava basicamente à produção de massa verde, dando-se ênfase ao uso de cultivares de porte alto e com altas densidades de plantio. Posteriormente, reconheceu-se a importância da produção de grãos na qualidade da forragem. Isso ocorreu pelo grande número de trabalhos desenvolvidos demonstrando que os grãos de milho são mais digestíveis do que as folhas e hastes da planta e, desta forma, aumentando sua proporção na silagem, aumentar-se-ia também sua qualidade (Cruz et al., 2012).

A falta de informações pertinentes à resposta agronômica, produtiva e ao valor nutricional tornou-se um obstáculo para a escolha dos híbridos de milho destinados à produção de silagem. Portanto, a caracterização agronômica dos materiais genéticos é de fundamental importância para seleção de genótipos para obtenção da silagem (Rosa et al., 2004).

3.4 Melhoramento genético do milho para silagem

Por ser um dos cereais de maior importância econômica e social em nível mundial, o milho é uma das espécies vegetais mais estudadas e a que mais contribui para o conhecimento dos princípios básicos e para o desenvolvimento de modelos genéticos envolvendo os diversos tipos de cruzamentos.

A cultura do milho tem obtido significativos incrementos no rendimento. O Brasil, que antes era um importador, passou à condição de terceiro maior exportador. Essa evolução se deve aos crescentes estudos desenvolvidos em diversas áreas e, sobretudo, ao melhoramento genético, visando, por exemplo, à maior produtividade.

Embora tenha ocorrido essa evolução no melhoramento genético do milho, no Brasil ainda não existem cultivares de milho desenvolvidas especificamente para produção de silagem, sendo utilizadas para esse fim aquelas desenvolvidas para a produção de grãos (Oliveira, 2009). Desta forma, algumas empresas produtoras de sementes estão dando maior ênfase na escolha dos híbridos para silagem, buscando híbridos com boa estabilidade agronômica, maior tolerância a pragas e doenças, de modo que possam expressar as características produtivas desejadas, com alta produção de forragem e grande participação de grãos no seu conteúdo (Pionner, 2013).

Basicamente, as empresas produtoras de sementes de milho sempre desenvolveram seus programas de melhoramento de plantas visando à produção de grãos, sem ter um programa específico para a produção de milho forrageiro. Normalmente, avaliam-se as características bromatológicas das cultivares já desenvolvidas ou em fase final de desenvolvimento, verificando suas qualidades como forrageiras (Cruz et al., 2000).

Segundo Gomes et al. (2004), os melhores híbridos de milho destinados à produção de grãos são os mesmos recomendados para produção de silagem. Isso se deve ao fato de no Brasil os programas de melhoramento genético darem maior ênfase à produção de híbridos destinados à produção de grãos. Entretanto, Coors et al. (1994) mostraram que nem sempre as melhores cultivares para produção de grãos são as que apresentam melhor digestibilidade.

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, que garantam alta digestibilidade (Pereira, 2013).

Na safra passada, das 479 cultivares de milho apenas 30 eram classificadas como dentadas, ou seja, que apresentam endosperma farináceo. Esta questão preocupa pesquisadores, técnicos de campo e pecuaristas, pois essas poucas cultivares são as indicadas para produção de silagem (Pereira 2013).

Nos EUA, o milho dentado é muito mais utilizado e pode ser considerado o milho tradicional do país. Em uma pesquisa conduzida na universidade do Wisconsin no ano 2000, com mais de 300 híbridos, todos eram dentados, caracterizando a alta prevalência desse tipo de milho no mercado norte-americano. Também na Europa, o milho cultivado é tipicamente dentado ou semidentado. Já no Brasil, existe uma vasta predominância do milho duro ou vítreo (Peres, 2001).

Segundo Pereira (2013), os prejuízos para a pecuária leiteira são enormes, já que ela é grande dependente da silagem de milho. Segundo o mesmo autor, falta conhecimento por parte dos melhoristas sobre quais características do milho aprimorar a fim de elevar a digestibilidade e aumentar o período de colheita. Como se sabe, as cultivares mais duras são indicadas para produção de grãos, que é o principal mercado da planta, o que torna menos

interessante para as empresas o desenvolvimento de híbridos específicos destinados à ensilagem.

Pereira (2013) avaliou a degradação efetiva no rúmen do amido de três híbridos norte-americanos e de três nacionais. E verificou que os híbridos americanos classificados como de grão farináceo 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. Produtores têm conseguido aumento na produção de 2 litros de leite/dia com vacas alimentadas com silagem feita de cultivares mais farináceas.

Moraes et al. (2008) avaliaram o valor nutritivo das plantas de milho de textura dentada e dura em três estádios de colheita para silagem e verificaram que, qualitativamente, o híbrido de textura dentada foi superior nos estádios 1 e 2 em relação ao híbrido de textura dura, em virtude dos melhores teores de digestibilidade e proteína bruta.

Pereira et al. (2004) avaliaram a degradabilidade ruminal de grãos de milho de textura dura ou macia em três estádios de maturação e observaram que a proporção de endosperma vítreo dos híbridos dentados foi 44,3% e a dos duros, de 67,0%. A degradação ruminal da matéria seca em 24 horas foi de 63,3% nos grãos dentados e de 52,4% nos duros.

De acordo com Pereira (2013), as cultivares farináceas apresentam maturação mais lenta do que o milho duro, o que torna maior o período de corte e ensilagem. Desta forma, pelo fato de propiciar corte mais tardio, a planta terá maior teor de matéria seca.

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. Segundo o mesmo autor, uma boa cultivar deve apresentar baixa proporção de sabugo e colmos, alta digestibilidade da parte vegetativa, folhas, colmos e sabugos. É preciso haver uma associação entre grão e planta. Os híbridos nacionais não apresentam estes aspectos em sua maioria.

Philippeau et al. (1999) desenvolveram um trabalho na França e verificaram que a matéria seca e o amido do milho dentado se degradam, no rúmen, aproximadamente 1,5 vezes mais rapidamente que do milho duro.

De acordo com Peres (2001), o mercado de milho brasileiro vem utilizando um tipo de milho totalmente diferente do usado nos países líderes em

pesquisa com nutrição de ruminantes. Diante disso, pesquisadores da Universidade Federal de Lavras desenvolveram uma linha de pesquisa com o objetivo de caracterizar a textura do milho brasileiro e evidenciar as conseqüências dessa textura na nutrição de ruminantes. Uma parte do trabalho foi desenvolvido no Brasil, comparando híbridos com extremos de textura e seu resultado em degradação ruminal e digestibilidade total. Outra parte do experimento foi desenvolvida nos EUA, com o objetivo de caracterizar a diferença entre o milho utilizado no Brasil e o milho norte-americano. A diferença de digestibilidade ruminal do milho duro produzido no Brasil parece enorme em relação àqueles produzidos em outros países. Desta forma, é preciso que se comece a pensar e discutir este fator, que pode estar limitando o sistema de produção no Brasil.

A escolha da melhor cultivar é uma dúvida frequente entre os produtores. Por um longo período de tempo, foram indicadas as variedades com maiores produções de matéria seca por hectare. Posteriormente, passou-se a considerar também a produção de grãos. Porém, a melhor maneira de avaliar uma cultivar de milho para silagem é analisando a digestibilidade da planta, pois o desempenho animal é reflexo da eficiência de utilização dos nutrientes presentes no milho, e essa eficiência difere entre cultivares e tipos de grãos. Assim, está ficando cada vez mais comum indicar cultivares de milho para silagem com base na digestibilidade da matéria seca, que é uma das características que definem a qualidade da silagem e o consumo voluntário pelos animais (Ticiani et al., 2011).

Segundo o mesmo autor, alguns fatores como adaptabilidade à região de plantio, alta produção de grãos, boa produção de massa verde e seca, alta estabilidade, resistência a doenças e ao acamamento e prolificidade devem ser considerados na escolha da cultivar. Associado à importância da proporção de grãos na matéria seca, está o tipo de grão (dentado, que são mais macios e com maior digestibilidade) e a qualidade de fibra da planta de milho.

O rendimento de grãos de milho é determinado, principalmente, pelo número de grãos por planta e por unidade de área, e, em menor escala, pelo peso do grão. A obtenção do maior número de grãos possível ocorre em função do stand e do número de espigas encontradas por planta (prolificidade) e por área, que variam com o tipo de híbrido utilizado (Tollenaar et al., 1999). Os híbridos

prolíficos têm a capacidade de desenvolver mais de uma espiga quando as condições ambientais são propicias, podendo incrementar o rendimento de grãos.

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 agronômico e o valor nutricional dos genótipos existentes, a fim de determinar a qualidade da silagem produzida.

3.5 Índice de seleção

Em programas de melhoramento de plantas, a seleção de genótipos baseada em apenas uma característica normalmente não é a melhor alternativa, uma vez que o valor genético dos genótipos está estreitamente relacionado a várias características de interesse. Assim, para a obtenção de cultivares superiores, é necessário que o genótipo selecionado reúna, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis que satisfaçam as exigências dos pesquisadores, produtores e consumidores (Cruz e Carneiro, 2003).

A utilização de índices de seleção é uma alternativa eficiente, pois permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, de modo que seja possível a seleção com base em um complexo de variáveis que reúnam vários atributos de interesse econômico. Desse modo, o índice de seleção constitui-se num caráter adicional, estabelecido pela combinação linear ótima de vários caracteres, que permite fazer, com eficiência, a seleção simultânea (Cruz e Carneiro, 2003).

Conforme Cruz et al. (2004), a possibilidade de predição dos ganhos obtidos por uma estratégia de seleção é uma das principais contribuições da genética quantitativa. Por meio destas informações, é possível orientar de maneira mais efetiva o programa de melhoramento, predizer o sucesso do esquema seletivo adotado e decidir, com base cientifica, por técnicas alternativas que possam ser mais eficazes.

Existem inúmeras metodologias para a seleção e estimação de ganhos percentuais em programas de melhoramento, entre elas, estão os índices de seleção.

O índice de Smith (1936) foi o primeiro a ser utilizado no melhoramento de plantas como critério de seleção simultânea de duas ou mais características

correlacionadas. Em seguida, Hazel (1943) adaptou essa metodologia para o melhoramento animal. De acordo com ambos os autores, para utilizar o índice de seleção, são necessários o valor econômico relativo a cada característica e as covariâncias genotípicas e fenotípicas em cada par de características.

A partir daí, foram desenvolvidos outros índices de seleção tais como os de Willians (1962), Pesek & Baker (1969) e o de Mulamba & Mock (1978).

Willians (1962) propôs o índice base, que dispensa a estimativa de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas. Assim, este índice é estabelecido pela combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres ponderados pelos seus respectivos pesos econômicos.

Pesek & Baker (1969) sugeriram o uso de "ganhos genéticos desejados". Para essa proposta, é necessária a média dos genótipos e das matrizes de variância e covariância genotípica e fenotípica. Desta forma, é possível calcular os coeficientes dos índices, sem designar pesos econômicos que resultaram em um ganho máximo para cada característica, de acordo com a importância relativa assumida pelo melhorista na especificação do ganho desejado, sujeito às restrições impostas pela constituição fenotípica e genotípica da população.

O índice de Mulamba & Mock (1978) baseia-se na "soma de ranks" e consiste em classificar os materiais genotípicos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificados, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando em uma medida adicional tomada como índice de seleção.

Uma das dificuldades que tem limitado a utilização dos índices de seleção por parte dos melhoristas é o despreparo em estabelecer os pesos econômicos para os caracteres avaliados. Desta forma, Cruz (1990) sugere que os pesos econômicos devem ser estabelecidos pelos dados estatísticos dos próprios experimentos. Diante disso, o coeficiente de variação genético, a herdabilidade, o desvio padrão e o índice de variação poderão ser um bom referencial, além dos pesos econômicos atribuídos arbitrariamente (Cruz et al., 2004).

Os índices de seleção têm sido utilizados com frequência pelo Programa de Melhoramento de Milho da UENF. Tardin et al. (2007) utilizaram o índice de seleção de Smith & Hazel na seleção de famílias de irmãos completos de milho, obtendo estimativas de ganhos satisfatórios para a maioria das características avaliadas. Gabriel et al. (2006) também selecionaram famílias superiores no 10°

ciclo de seleção recorrente, utilizando o índice de Smith & Hazel. Berilli et al. (2013) também selecionaram famílias de irmãos completos superiores com base no índice de Mulamba & Mock. Vettorazzi (2016) utilizou o índice de Mulamba & Mock para predição dos ganhos genéticos e identificação das famílias superiores do 15° ciclo de seleção recorrente recíproca de milho comum da UENF.

3.6 Correlação

Nos programas de melhoramento de plantas, trabalha-se com várias características ao mesmo tempo, tornando-se necessário o estudo da magnitude das relações existentes entre caracteres de grande relevância, por permitirem o conhecimento das alterações que ocorrem em um caráter quando se faz a seleção em outro a ele correlacionado. Desta forma, o conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância em programas de melhoramento genético de plantas, principalmente se a seleção em um deles apresentar dificuldades, em razão da baixa herdabilidade, ou dificuldades de mensuração (Cruz e Carneiro, 2003).

A correlação mede o grau de associação entre duas variáveis. Duas variáveis estão correlacionadas quando a variação em uma delas é acompanhada por variação simultânea na outra. O coeficiente de correlação é uma medida adimensional e seu valor varia de 0 a 1, podendo ser positiva ou negativa. Quanto mais próximo de 1, maior é o grau de associação entre duas características e quanto mais próxima de zero, menor. Um coeficiente de correlação igual a zero não implica falta de relação entre duas variáveis, mas ausência de relação linear entre elas (Cruz e Carneiro, 2006).

Relações existentes entre os caracteres são avaliadas por meio das correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. A correlação que pode ser mensurada pela medida de dois caracteres, em certo número de indivíduos da população, é a fenotípica.

A correlação fenotípica tem causas genéticas e ambientais, enquanto as genéticas apresentam uma associação de natureza herdável, podendo ser utilizada na orientação de programas de melhoramento. Desta forma, em estudos genéticos, é fundamental distinguir e quantificar o grau de associação genética e ambiental entre os caracteres (Cruz et al., 2004; Marchezan et al., 2005).

Os fenômenos genéticos que explicam as correlações genéticas são a pleiotropia e a ligação gênica. A pleiotropia é definida como o fenômeno pelo qual um gene controla dois ou mais caracteres. Já a ligação gênica são causas transitórias, especialmente em populações derivadas de cruzamento entre linhagens divergentes (Falconer, 1981).

A correlação ambiental ocorre quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas variações ambientais. Presença de correlação negativa indica que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro, enquanto correlação positiva indica que os dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações ambientais (Cruz e Carneiro, 2006).

Se dois caracteres apresentarem correlação genética favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio de seleção indireta do outro associado. Existem alguns casos em que a seleção indireta com base na resposta correlacionada pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado (Cruz et al., 2004).

As análises de correlação entre caracteres agronômicos têm sido objeto de estudo de vários trabalhos, em diversas culturas, em programas de melhoramento de plantas: no milho pipoca (Carpentieri-Pipolo et al., 2002; Daros et al., 2004; Cabral et al., 2016), milho (Santos et al., 2005; Cancellier et al., 2011, Rigon et al., 2010), pimenta (*Capsicum annuum* L.) (Moreira et al., 2013), trigo (Silva et al., 2005; Vieira et al., 2007), canola (Coimbra et al., 2005), capim elefante (Menezes et al., 2014) e algodão (Hoogerheide et al., 2007).

3.7 O uso de testadores no melhoramento do milho

A utilização de testadores para avaliação do potencial de novas linhagens é uma prática rotineira nos programas de melhoramento de milho. Geralmente, os testadores são linhagens elite de grupos heteróticos complementares e divergentes, que já são utilizadas comercialmente, associando praticidade e segurança ao processo de seleção de novas linhagens (Guimarães, 2011).

O método consiste em cruzar todas as famílias com um ou mais testadores, avaliando-os experimentalmente, por seu mérito genético próprio, haja vista que foram cruzadas com um parental comum. Dessa forma, é possível selecionar as famílias mais promissoras, avançando apenas aquelas de interesse

para o programa de melhoramento (Rodovalho et al., 2012). O objetivo é eliminar linhagens que não tenham mérito considerável para que se promova sua seleção ou autofecundação, de modo a racionalizar e tornar mais eficiente o programa de desenvolvimento de híbridos (Elias et al., 2000). Segundo Duarte et al. (2003), a seleção de testadores é um dos processos mais importantes na escolha de linhagens de milho para a identificação de combinações híbridas superiores.

Um bom testador, para qualquer programa de desenvolvimento de híbridos, deve oferecer simplicidade no uso, gerar informação que classifique corretamente o potencial relativo das linhagens em cruzamento e maximizar o ganho genético (Duarte et al., 2003). Segundo Li et al. (2007), um bom testador deve apresentar alta capacidade de produção de pólen e de grãos, ter boas características agronômicas, como resistência ao acamamento e quebramento, e ciclo precoce.

A habilidade de uma linhagem autofecundada em transmitir uma performance desejada para uma progênie híbrida é chamada de capacidade de combinação. Existem dois tipos de capacidade de combinação: a Capacidade Geral de Combinação (CGC) e a Capacidade Específica de Combinação (CEC) (Bespalhok et al., 1999).

A capacidade geral de combinação (CGC) é definida como o desempenho médio do indivíduo quando cruzado com outros indivíduos da população. Ela reflete o valor genético aditivo do progenitor, ou seja, reflete a porção de seu genótipo capaz de ser transferida aos seus descendentes, não importando qual seja o outro progenitor que participe do cruzamento. A CGC depende da qualidade genética do indivíduo, nos distintos locos que controlam o caráter em estudo e do nível de homozigose desses locos (Pinto, 2009). Para CGC, são utilizados testadores de base genética ampla (Bespalhok et al., 1999).

A capacidade específica de combinação (CEC) se refere ao rendimento médio da progênie de um cruzamento entre dois parentais específicos e representa o desvio entre tal rendimento e aquele que seria esperado em função da CGC dos parentais envolvidos. A CEC reflete o efeito de interação entre os alelos procedentes de cada parental e o efeito das interações entre os alelos de diferentes locos envolvidos na transmissão do caráter (Pinto, 2009). Para CEC, são utilizados testadores de base genética estreita. A CEC é feita quando as linhagens já apresentam alto grau de homozigose, por volta de S5, através do

cruzamento entre linhagens não aparentadas (Bespalhok et al., 1999).

A CGC tem como finalidade eliminar precocemente as linhagens que apresentam comportamento médio desfavorável. Este teste também é chamado de topcross e deve ser avaliado com repetições em diferentes locais, com uso de delineamentos experimentais apropriados (Bespalhok et al., 1999).

O uso do cruzamento topcross para avaliar o valor genético de linhagens em cruzamentos é eficiente, pois todas as linhagens de um determinado conjunto são cruzadas com um mesmo testador e o seu valor genético é determinado com base em contrastes de médias (média do respectivo topcross – média geral) de caracteres quantitativos. Uma vez que é utilizado um testador, no topcross estimam-se os efeitos da capacidade geral ou específica de combinação a depender da base genética do testador (ampla ou restrita, respectivamente).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Obtenção dos híbridos topcrosses

Os híbridos *topcrosses* foram obtidos em campo isolado na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba em Itaocara - RJ, localizada na Região Noroeste Fluminense em junho de 2013.

Os genótipos utilizados são oriundos da coleção de milho da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Foram selecionados 19 genótipos, todos do grupo heterótico "Dentado". Cada genótipo foi cruzado com um único testador, o Piranão 12. Trata-se de um testador de base genética ampla, também pertencente ao mesmo grupo heterótico "Dentado", de forma a gerar híbridos *topcrosses* dentados (Tabela 1).

O Piranão 12 foi originado do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas da UENF. A UENF vem conduzindo um programa de melhoramento de milho comum que visa à obtenção de híbridos interpopulacionais obtidos pelo cruzamento entre as populações Cimmyt e Piranão, as quais já foram submetidas a 16° ciclos de seleção recorrente recíproca. Ambas as populações já foram trabalhadas tanto no programa de melhoramento da Universidade Federal de Viçosa (4 ciclos), em Viçosa - MG, quanto na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (5 ciclos) em Campos dos Goytacazes - RJ. Ambas as populações Cimmyt e Piranão são oriundas da Universidade Federal de Viçosa - o Cimmyt pertence ao grupo heterótico tipo 'FLINT' e o Piranão, ao grupo

heterótico tipo "DENT" - ambas têm um gene braquítico, sendo que o Cimmyt apresenta porte baixo.

Cada genótipo foi cultivado em linhas de 10,0 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 1,0 m e cinco sementes por metro linear, totalizando 50 plantas por linha, distanciadas de 0,20 m entre si.

Tabela 1 – Descrição dos 19 híbridos *topcrosses*, cinco testemunhas e um testador utilizado nos experimentos quanto a tipo de grão e base genética. Campos dos Goytacazes e Itaocara - RJ, anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015

Identificação	Genótipos	Tipo de Grão	Base Genética
1	L 15 (UENF-2194*)	Dentado	Linhagem
2	L 17 (UENF-2195*)	Dentado	Linhagem
3	L 1032 (UENF-2199*)	Dentado	Linhagem
4	Dente burro br2 br2 (UENF-2205*)	Dentado	População
5	L 39 (UENF-2198*)	Dentado	Linhagem
6	Tripsacoide 05 (UENF-2203*)	Dentado	População
7	L 8 (UENF-2192*)	Dentado	Linhagem
8	Cravo br2 br2 (UENF-2206*)	Dentado	População
9	Caiano alegre br2 (UENF-2207*)	Dentado	População
10	Caiano alegre L 283 (UENF-2208*)	Dentado	Linhagem
11	Maia antigo L 284 (UENF-2209*)	Dentado	Linhagem
12	Fortaleza (UENF-2210*)	Dentado	População
13	Tripsacoide 01 (UENF- 2200*)	Dentado	População
14	Tripsacoide 03 (UENF-2202*)	Dentado	População
15	Tripsacoide 02 (UENF-2201*)	Dentado	População
16	Tripsacoide 1235 C (UENF-2204*)	Dentado	População
17	L 11 (UENF-2193*)	Dentado	Linhagem
18	L 2 (UENF-2191*)	Dentado	Linhagem
19	Piranão 13*	Dentado	População
20	AG 1051**	Dentado	Híbrido duplo
21	L 25 (UENF-2197**)	Duro	Linhagem
22	L 21 (UENF-2196**)	Duro	Linhagem
23	Br 106**	Semi-dentado	População
24	UENF 506-11**	Semi-dentado	HIP
	Piranão 12***	Dentado	População

^{*} Híbridos *topcrosses*; ** Testemunhas; *** Testador; HIP= Híbrido interpopulacional. Os genótipos de 1 a 19, 21 e 22 foram cruzados com o Piranão 12

Durante o florescimento, foi feito o despendoamento dos genitores femininos antes de as espigas liberarem os estilos-estigmas, a fim de evitar contaminação. Desta forma, os estilos-estigmas receberam pólen apenas do testador (Piranão 12). A colheita foi feita aos 120 dias após a semeadura.

4.2 Avaliação dos híbridos *topcrosses*: Anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015

Os ensaios de avaliação dos híbridos *topcrosses* foram instalados simultaneamente na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes (Região Norte Fluminense), em novembro de 2013 e 2014, e na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba, em Itaocara (Região Noroeste Fluminense), em dezembro de 2013 e 2014, constituindo, portanto, 2 locais e 2 anos, totalizando 4 ambientes.

Em ambos os experimentos, o delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, cada um com 24 tratamentos, 19 híbridos *topcrosses* e cinco testemunhas (Tabela 1). No primeiro ano, foram utilizadas quatro repetições e no segundo ano, cinco. No primeiro ano, a unidade experimental foi constituída por uma linha de 5,0 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 1,0 m, cada uma com 25 plantas por parcela, no espaçamento de 0,20 m na linha. Já no segundo ano, cada unidade experimental foi constituída por uma linha de 8,0 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 1,0 m, cada uma com 40 plantas por parcela, no espaçamento de 0,20 m na linha.

Foram utilizadas três sementes por cova, à profundidade de 5 cm. Aos 21 dias após a emergência, foi feito o desbaste das plantas, deixando uma planta por cova.

As semeaduras dos experimentos foram feitas em sistema convencional de plantio. De acordo com a análise de solo, a adubação de semeadura foi feita aplicando 400 kg ha⁻¹ do formulado N P K 8-28-16. Posteriormente, foram feitas duas adubações de cobertura: a primeira, aos 30 dias após o plantio, com 300 kg ha⁻¹ do formulado N P K 20-00-20, e a segunda, aos 45 dias após plantio, com 200 kg ha⁻¹ de ureia. Os tratos culturais foram feitos conforme o recomendado para a cultura (Fancelli e Dourado Neto, 2000).

4.2.1 Características avaliadas

As características agronômicas avaliadas foram: altura média de plantas (AP), medida do nível do solo até o nó de inserção do pendão, em m; altura média de inserção da primeira espiga (AE), medida do nível do solo até a base da espiga superior no colmo, em m; diâmetro médio do colmo (DM), medido no primeiro entrenó acima do colo da planta, em mm; produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (PECP), em kg ha⁻¹; produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (PESP), em kg ha⁻¹; produtividade de grãos no ponto de silagem (PG), em kg ha⁻¹; produtividade de massa verde (PMV), em kg ha⁻¹; e proporção de grãos na massa verde (GMV) em %.

As características AP, AE e o DM foram tomadas ao acaso em seis plantas na parcela 80 dias após o plantio. Já as características PECP, PESP, PG e PMV foram mensuradas em 15 plantas por parcela, totalizando 3,0 m de cada linha na parcela no primeiro ano de experimento, e em 20 plantas por parcela, totalizando 4,0 m de cada linha na parcela no segundo ano. A colheita foi feita cortando as plantas a 20 cm do solo quando os grãos estavam no ponto denominado farináceo. O PECP e o PESP foram obtidos pela pesagem das espigas com e sem palhas no ponto de silagem. A PG foi obtida pela pesagem dos grãos debulhados no ponto de silagem e o PMV foi obtido pela pesagem das plantas (folha + haste + sabugo + palha da espiga + grão) de cada parcela no momento da colheita. A GMV foi obtida pela razão entre PG e PMV x 100.

As análises bromatológicas da silagem foram feitas por alunos e técnicos no Laboratório de Zootecnia (LZNA) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, em Campos dos Goytacazes – RJ. Foram feitas as seguintes análises bromatológicas: produção de matéria seca, teor de proteína bruta, fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido, extrato etéreo, lignina, digestibilidade e produção cumulativa de gases.

4.2.2 Análises estatísticas

4.2.2.1 Análise de variância

Inicialmente foi feita uma análise de variância individual para cada ambiente isoladamente, a fim de testar a homogeneidade dos quadrados médios

do erro, aplicando o teste de Hartley. Após constatar a homogeneidade, procedeu-se à análise de variância conjunta.

A análise de variância conjunta foi feita de acordo com o seguinte modelo estatístico:

 $Y_{ijkm}=\mu+G_i+A_j+L_k+(B/A)L_{jkm}+GA_{ij}+GL_{ik}+AL_{jk}+GAL_{ijk}+e_{ijkm}$ em que:

 Y_{ijkm} é a observação no k-ésimo local, avaliada no i-ésimo genótipo e j-ésimo ano e m-ésimo bloco:

μ é a constante geral do ensaio;

 G_i é o efeito aleatório do genótipo (NID, 0, σ_G^2);

 A_i consiste no efeito aleatório do ano (NID, 0, σ_A^2);

L_k é o efeito fixo do local;

 GA_{ij} , GL_{ik} e AL_{jk} efeitos das interações de primeira ordem entre genótipo e ano, genótipo e local e local e ano, respectivamente;

GAL_{ijk} efeito da interação tripla entre genótipo, ano e local;

 $(B/A)L_{jkm} \ \text{efeito de blocos dentro de ano dentro de local (NID, 0, σ_b^2);}$

 e_{ijkm} é o erro aleatório associado à observação $Y_{ijkm}, e_{ijkm}{\sim}NID~(0,\sigma^2).$

Todas as análises foram efetuadas com o auxílio do *software* SAS (SAS INSTITUTE INC, 2013).

Tabela 2- Esquema da análise de variância conjunta e a esperança de quadrados médios para as respectivas fontes de variação.

FV	GL	QM	E (QM)
Bloco (Ano x Local)	a*I*(b-1)	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Anos (A)	(a-1)	QMA	$\sigma^2 + rl\sigma_{ga}^2 + rgl\sigma_a^2$
Local (L)	(I-1)	QML	$\sigma^2 + r\sigma_{gal}^2 + rg\sigma_{al}^2 + ra\sigma_{gl}^2 + rga\varphi_l$
Genótipos (G)	(g-1)	QMG	$\sigma^2 + rl\sigma_{ga}^2 + ral\sigma_g^2$
Genótipos x Anos	(a-1)*(g-1)	QMGA	$\sigma^2 + rl\sigma_{ga}^2$
Genótipos x Local	(I-1)*(g-1)	QMGL	$\sigma^2 + r\sigma_{gal}^2 + ra\sigma_{gl}^2$
Anos x Local	(a-1)*(l-1)	QMAL	$\sigma^2 + r\sigma_{gal}^2 + rg\sigma_{al}^2$
GxLxA	(a-1)*(I-1)*(t-1)	QMGLA	$\sigma^2 + r\sigma_{gal}^2$
Erro	I*a*(g-1)*(r-1)	QMR	σ^2

a= ano; l= local; g= genótipos; b= bloco

4.2.2.2 Estimação dos parâmetros genéticos e estatístico

De posse das esperanças dos quadrados médios, Tabela 2, foram obtidas as estimativas dos componentes da variância:

Variância genotípica:
$$\sigma_g^2 = \frac{QMG - QMGA}{ral}$$

Variância fenotípica:
$$\sigma_f^2 = \frac{QMG}{ral}$$

Variância residual:
$$\sigma_e^2 = QMR$$

Herdabilidade com base na média de famílias:
$$h_{\bar{x}}^2 = \sigma_g^2/\sigma_f^2$$

Coeficiente de variação experimental:
$$\text{CV}_{\text{e}}\left(\%\right) = 100 \left(\frac{\sqrt{\sigma_{\text{e}}^2}}{\overline{X}}\right)$$

Coeficiente de variação genético:
$$\text{CV}_{\text{g}}(\%) = 100 \left(\frac{\sqrt{\sigma_{\text{g}}^2}}{\overline{X}} \right)$$

Índice de variação:
$$I_V(\%) = 100 \left(\frac{cV_g}{cV_e}\right)$$

Acurácia:
$$\hat{r}gg = \sqrt{\left(1 - \frac{1}{F}\right)}$$

em que:

QMR: Quadrado médio de resíduo;

QMG: Quadrado médio de genótipo;

r: número de repetições;

I: número de ambientes;

a: ano; e

F: razão entre QMG/QMGA.

4.2.2.3 Estimação das correlações

As correlações foram estimadas com base na média da análise conjunta, ou seja, dos dois locais e dos dois anos estudados. As seguintes expressões foram utilizadas para o cálculo dos coeficientes de correlação fenotípica (r_g) entre os pares de características (Cruz et al., 2004).

$$r_{f} = \frac{\text{COV}_{f(x,y)}}{\sqrt{(\sigma_{fx}^{2}.\sigma_{fy}^{2})}}$$

$$r_g = \frac{COV_{g(x,y)}}{\sqrt{(\sigma_{gx}^2.\sigma_{gy}^2)}}$$

em que:

 $COV_{f(x,y)}$, $COV_{g(x,y)}$ = correspondem, respectivamente, às estimativas das covariâncias fenotípica e genotípica entre as características x e y;

 σ_{fx}^2 e σ_{gx}^2 = correspondem às estimativas das variâncias fenotípica e genotípica da característica x;

 σ_{fy}^2 e σ_{gy}^2 = correspondem às estimativas das variâncias fenotípica e genotípica da característica y.

A significância dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica foi avaliada pelo teste t, em 5% e 1% de probabilidade. Para a obtenção das variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas, foram utilizados os recursos computacionais do programa R (Lopez-Cruz et al., 2015).

4.2.2.4 Teste de agrupamento de médias

Para as características avaliadas, aplicou-se o critério de agrupamentos de média pela metodologia desenvolvida por Scott e Knott (1974), utilizando os recursos computacionais do programa R (Lopez-Cruz et al., 2015).

4.2.2.5 Estimação dos ganhos por meio de índices de seleção

As estimativas de ganhos utilizando o índice de seleção foram consideradas com base na média da análise conjunta.

As predições dos ganhos por seleção foram obtidas pelo índice de Mulamba & Mock (1978). Definiu-se a intensidade de seleção de 41,66%, correspondendo ao número de 10 híbridos *topcrosses* superiores, para dar continuidade ao trabalho. Nas análises computacionais, foram atribuídos pesos econômicos, por tentativas (50, 50, 50, 100, 50, 50, 100 e 100), para cada característica analisada (AP, AE, DM, PG, PECP, PESP, PMV e GMV), respectivamente. A seleção dos híbridos superiores com base no índice de seleção foi feita pelos recursos computacionais do programa SAS, seguindo a rotina descrita por Silva (2015).

4.2.2.5.1 Índice de Mulamba & Mock (1978)

O índice de Mulamba & Mock hierarquiza os genótipos, para cada característica, pela atribuição de valores absolutos mais elevados que aqueles de melhor desempenho. Por fim, os valores atribuídos a cada característica são somados, obtendo-se a soma dos "ranks", assinalando a classificação dos genótipos (Cruz et al., 2004).

4.3 Avaliação dos híbridos topcrosses selecionados: ano agrícola 2015/2016

Os ensaios de avaliação dos híbridos *topcrosses* foram implantados simultaneamente na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes – RJ, e na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba, em Itaocara – RJ, no ano agrícola 2015/2016.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com seis repetições, cada um com 15 tratamentos, sendo 8 híbridos *topcrosses* e 7 testemunhas (Tabela 3). A unidade experimental foi constituída por uma linha de 8,0 m com espaçamento entre linhas de 1,0 m e 0,2 m entre plantas, resultando em estande de 40 plantas por parcela.

Tabela 3 – Descrição dos oito híbridos *topcrosses*, sete testemunhas e um testador utilizados nos experimentos quanto a tipo de grão e base genética. Campos dos Goytacazes e Itaocara - RJ, no ano agrícola 2015/2016

Identificação	Genótipos	Tipo de Grão	Base genética
1	Dente burro br2 br2 (UENF-2205 *)	Dentado	População
2	L 39 (UENF-2198*)	Dentado	Linhagem
3	Caiano alegre br2 (UENF-2207*)	Dentado	População
4	Caiano alegre L 283 (UENF-2208*)	Dentado	Linhagem
5	Maia antigo L 284 (UENF-2209*)	Dentado	Linhagem
6	Fortaleza (UENF-2210*)	Dentado	População
7	Tripsacoide 03 (UENF-2202*)	Dentado	População
8	L 2 (UENF-2191*)	Dentado	Linhagem
9	AG 1051**	Dentado	Híbrido duplo
10	UENF 506-11**	Semi-dentado	HIP
11	Comp. Flint Normal**	Duro	População
12	Sol da Manhã**	Duro	Variedade
13	Saracura**	Duro	Variedade
14	Cateto Sete Lagoas**	Duro	População
15	Cimmyt 12**	Duro	População
	Piranão 12***	Dentado	População

*Híbridos *topcrosses;* **Testemunhas; ***Testador; HIP= Híbrido interpopulacional. Os genótipos de 1 a 8 foram cruzados com o piranão 12

Foram semeadas três sementes por cova, e aos 21 dias após emergência, feito o desbaste, deixando uma planta por cova.

De acordo com a análise de solo, a adubação de semeadura consistiu da aplicação de 400 kg ha⁻¹ do formulado N P K 8-28-16. Posteriormente, foram feitas duas adubações de cobertura: uma aos 30 dias após o plantio, com 300 kg ha⁻¹ do formulado N P K 20-00-20, e a outra aos 45 dias após plantio, com 200 kg ha⁻¹ de ureia. Os tratos culturais foram feitos conforme o recomendado para a cultura (Fancelli e Dourado Neto, 2000).

4.3.1 Características avaliadas

Foram avaliadas as seguintes características agronômicas: altura média de plantas (AP), medida do nível do solo até o nó de inserção do pendão, em m;

altura média de inserção da primeira espiga (AE), medida do nível do solo até a base da espiga superior no colmo, em m; diâmetro médio do colmo (DM), medido no primeiro entrenó acima do colo da planta, em mm; número total de espigas colhidas (NE); produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (PECP) em kg ha⁻¹; produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (PESP), em kg ha⁻¹; produtividade de grãos no ponto de silagem (PG), em kg ha⁻¹; proporção de grãos na massa verde (GMV) em %; e produtividade de massa verde (PMV) em kg ha⁻¹.

A AP, AE e o DM foram tomados ao acaso em seis plantas na parcela, 80 dias após o plantio. O NE foi obtido pela contagem do número total de espigas colhidas na parcela, o PECP e o PESP foram obtidos pela pesagem das espigas com e sem palhas no ponto de silagem, a PG foi obtida pela pesagem dos grãos debulhados no ponto de silagem, a GMV foi obtida pela razão entre PG e PMV x 100 e o PMV foi obtido pela pesagem das plantas (folha + haste + sabugo + palha da espiga + grão) de cada parcela no momento da colheita.

As características NE, PESP, PECP, PG, GMV e PMV foram mensuradas em 20 plantas por parcela, totalizando 4,0 m de cada linha na parcela. A colheita foi feita cortando as plantas a 20 cm do solo, quando os grãos apresentavam estádio farináceo.

4.3.2 Análises estatísticas

4.3.2.1 Análise de variância

Inicialmente foi feita uma análise de variância para cada um dos ambientes isoladamente. Em seguida, verificou-se a homogeneidade dos quadrados médios do erro pelo Teste de Hartley e constatou-se que a razão entre o maior e o menor quadrado médio do erro foi inferior a sete, na sequência, procedeu-se à análise de variância conjunta.

A análise de variância conjunta foi feita, considerando-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B/A_{jk} + A_j + GA_{ij} + e_{ijk}$$

em que:

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

 μ é a constante geral do ensaio;

G_i é o efeito fixo do genótipo i,

B/A_{jk} é o efeito do bloco k no ambiente j;

A_i é o efeito fixo do ambiente j;

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

 e_{ijk} é o erro aleatório associado à observação Y_{ijk} , $e_{ijk} \sim NID(0, \sigma^2)$

As análises estatísticas foram feitas por meio do Programa Genes (Cruz, 2013).

As esperanças dos quadrados médios das fontes de variação relativas ao modelo estatístico usado estão na Tabela 4.

Tabela 4- Esquema da análise de variância conjunta e a esperança de quadrados médios para as respectivas fontes de variação

FV	GL	QM	E (QM)	F
Blocos/Ambientes	(r-1)a	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
Ambientes (A)	a-1	QMA	$\sigma^2 + rg\phi a$	QMA/QMR
Genótipos (G)	g-1	QMG	σ^2 + ra ϕ g	QMG/QMR
GxA	(a-1)(g-1)	QMGA	$\sigma^2 + r \phi ga$	QMGA/QMR
Resíduo	(g-1)(r-1)a	QMR	σ^2	
Total	Agr	-	-	

a= número de ambientes; r= número de repetições; g = número de genótipos

4.3.2.2 Estimação dos parâmetros genéticos e estatístico

De posse das esperanças dos quadrados médios, Tabela 4, foram obtidas as estimativas dos componentes da variância:

Coeficiente de determinação genotípico: $H^2 = \frac{QMG - QMR}{QMG}$

Coeficiente de variação experimental:
$$\text{CV}_{\text{e}}\left(\%\right) = 100 \left(\frac{\sqrt{\sigma_{\text{e}}^2}}{\overline{X}}\right)$$

Coeficiente de variação genético:
$$\text{CV}_g = 100 \Bigg(\frac{\sqrt{\varphi_g^2}}{\overline{x}} \Bigg)$$

Índice de variação: $I_V(\%) = 100 \left(\frac{cV_g}{cV_e}\right)$

Acurácia:
$$\hat{r}gg = \sqrt{\left(1 - \frac{1}{F}\right)}$$

Componente quadrático genotípico: $\phi_g^2 = \frac{QMG - QMR}{ra}$

em que:

QMR: Quadrado médio de resíduo;

QMG: Quadrado médio de genótipo;

r: número de repetições;

a: número de ambientes ;

F: QMG/QMR; e

 σ_e^2 : QMR

4.3.2.3 Estimação das correlações

As correlações foram estimadas com base na média da análise conjunta. As seguintes expressões foram utilizadas para os cálculos dos coeficientes de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) entre os pares de características (Cruz et al., 2004).

$$r_f = \frac{\text{COV}_{f(x,y)}}{\sqrt{(\sigma_{fx}^2.\sigma_{fy}^2)}}$$

$$r_{g} = \frac{\text{COV}_{g(x,y)}}{\sqrt{(\sigma_{gx}^{2}.\sigma_{gy}^{2})}}$$

em que:

 $COV_{f(x,y),}$ $COV_{g(x,y)}$ = correspondem, respectivamente, às estimativas das covariâncias fenotípica e genotípica entre as características x e y;

 σ_{fx}^2 e σ_{gx}^2 = correspondem às estimativas das variâncias fenotípica e genotípica da característica x;

 σ_{fy}^2 e σ_{gy}^2 = correspondem às estimativas das variâncias fenotípica e genotípica da característica y.

A significância dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica foi avaliada pelo teste t, em 5% e 1% de probabilidade. Para a obtenção das estimativas das correlações fenotípicas e genotípicas, foram utilizados os recursos computacionais do programa R (Lopez-Cruz et al., 2015).

4.3.2.4 Teste de agrupamento de médias

Aplicou-se o critério de agrupamentos de médias pela metodologia desenvolvida por Scott e Knott (1974) para as características avaliadas. As análises foram feitas por meio dos recursos computacionais do programa R (Lopez-Cruz et al., 2015).

4.3.2.5 Estimação por meio de índices de seleção

As estimativas de ganhos com a seleção, utilizando os índices de seleção, foram consideradas com base na média da análise conjunta, ou seja, dos dois ambientes estudados.

Foram utilizados os seguintes índices de seleção: o de Smith (1936) & Hazel (1943), o proposto por Pesek & Baker (1969), o de Willians (1962) e o sugerido por Mulamba & Mock (1978). Definiu-se a intensidade de seleção de 33,33%. Os pesos econômicos atribuídos por tentativas foram (1, 1, 1, 300, 50, 50, 300, 300 e 300), para cada característica analisada (AP, AE, DM, NE, PECP, PESP, PG, GMV e PMV), respectivamente.

As análises estatísticas foram feitas por meio do programa Genes (Cruz, 2013).

4.3.2.5.1 Índice de Smith (1936) & Hazel (1943)

Este índice consiste numa combinação linear dos valores fenotípicos observados nas várias características. O valor observado de cada característica é ponderado por um dos coeficientes do índice (Baker, 1986; Cruz et al., 2004), obtendo-se o seguinte agregado fenotípico:

$$I = b_1 P_1 + \dots + b_i P_i + b_n P_n$$

em que:

I = índice de seleção;

b_i = peso atribuído à característica P_i no índice de seleção; e

n = número de características avaliadas.

O valor genético total é representado por uma combinação linear dos valores genéticos de cada característica, ponderados por pesos econômicos conhecidos, definidos pelo pesquisador (Baker, 1986; Marques, 2000). Essa combinação linear é designada do agregado genotípico:

$$W = a_1G_1 + a_iG_i + \dots + a_nG_n$$

em que:

W = valor genético ou agregado genotípico;

 a_i = peso econômico atribuído ao valor genético G_i de cada característica; e n = número de características avaliadas.

A variação no agregado genotípico, devida ao uso do índice de seleção, é (Baker, 1986):

$$\Delta W = (W_S - W_0) = b_W (I_S - I_0)$$
 (1)

em que:

 ΔW = variação esperada no valor genotípico;

W_s = valor genotípico dos indivíduos selecionados;

W_o = valor genotípico da população original;

b_w = coeficiente de regressão linear;

l_s = valor do índice de seleção nos indivíduos selecionados; e

l_o = valor do índice de seleção da população original.

A expressão (1) pode ser representada da seguinte forma:

$$\Delta W = (Cov(W, I))/V(I)) * (I_S - I_0), (2)$$

em que:

Cov (W, I) = covariância entre o valor genético e o índice; e V(I) = variância do índice.

Se a variação for expressa em unidades de desvio padrão, tem-se a expressão (Baker, 1986):

$$\Delta W/\sigma_W = ((I_S - I_0)\sigma_{W,I})/(\sigma_I * \sigma_{W,\sigma_I}) = ((I_S - I)/\sigma_I)r_{WI}, \qquad (3)$$

em que:

σ_W = desvio padrão do agregado genotípico;

 σ_{I} = desvio padrão do índice de seleção;

σ_wσ_I= covariância entre o valor genotípico e o índice de seleção; e

r_{WI} = coeficiente de correlação entre o valor genotípico e o índice de seleção.

Como o diferencial de seleção expresso em unidades de desvio padrão fenotípico depende da intensidade de seleção, para maximizar a expressão (3), tendo sido necessária a utilização de coeficientes que maximizassem a correlação. Smith (1936), citado por Baker (1986), mostrou que a solução do sistema de equações na forma matricial é a que maximiza o coeficiente de correlação:

$$Pb = Ga$$

em que:

P = é a matriz n por n das variâncias e covariâncias fenotípicas;

b = é o vetor n x 1 de coeficientes do índice clássico, a ser determinado;

G = é a matriz n por n das variâncias e covariâncias genotípicas; e

a = é o vetor n x 1 dos pesos econômicos atribuídos aos valores genéticos.

Com a resolução em ordem a b, obtém-se: $b = P^{-1}$ Ga, que possibilita obter os coeficientes do Índice Clássico.

4.3.2.5.2 Índice de Willians (1962)

Denominado de índice base, é considerado uma combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres, pelos quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos.

Este índice é representado do seguinte modo:

$$I_b = a_1 x_1 + a_2 x_2 + \dots + a_n x_n = a'X$$

em que:

I = índice de seleção;

 a_i = peso econômico atribuído à característica i, 2, sendo i = 1,...,n;

a' = vetor dos pesos econômicos;

 x_i = média da característica, sendo i = 1,..., n; e

X = vetor de médias das n características que entram no índice.

4.3.2.5.3 Índice de Pesek & Baker (1969)

Devido às dificuldades em estabelecer pesos econômicos relativos aos caracteres no índice de Smith & Hazel, Pesek & Baker propuseram um índice em que os pesos para cada característica pudessem ser substituídos pelos ganhos desejados pelos melhoristas.

A construção deste índice envolve o conhecimento da seguinte expressão:

$$\Delta g = Gbi/\sigma_I$$

em que:

 Δg = vetor de ganhos esperados;

G = matriz das variâncias e covariâncias genotípicas;

 b_1 = vetor n x 1 de coeficientes do índice;

i = intensidade de seleção; e

σ_I= desvio-padrão do índice.

Substitui-se, na expressão, o vetor de ganhos esperados Δg , por Δg_d , que é o vetor de ganhos desejados, e estima-se b pela expressão:

$$b = G^{-1} \Delta g_d \sigma_I / i$$

em que:

 $\sigma_{\rm I}/{\rm i}$ = um escalar que não influi na proporcionalidade dos coeficientes e pode ser eliminado.

4.3.2.5.4 Índice de Mulamba & Mock (1978)

Mulamba e Mock (1978) propuseram o índice com base em soma de postos (ou "ranks"), que consiste em classificar os materiais genotípicos em relação a cada uma das características, em ordem favorável ao melhoramento. Uma vez classificadas, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando em uma medida adicional tomada como índice de seleção (Cruz et al., 2004).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Avaliação dos híbridos *topcrosses*: Anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015

5.1.1 Análise de variância e parâmetros genéticos

A Tabela 5 mostra as estimativas dos valores e as significâncias dos quadrados médios, bem como as médias, os coeficientes percentuais da variação experimental, do coeficiente de variação genético, do índice de variação, da herdabilidade e da acurácia seletiva com base na média das 8 características avaliadas em híbridos de milho para silagem em dois ambientes e dois anos agrícolas, em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ.

Verificou-se efeito significativo dos genótipos com (P<0,01) e (P<0,05) de probabilidade para todas as características avaliadas. Esses resultados mostram que há variabilidade genética entre os genótipos avaliados, o que possibilita êxito na seleção de genótipos promissores (Tabela 5).

Os efeitos da interação ano x local x genótipo foram significativos apenas para (AP e GMV). A interação significativa indica que a resposta dos genótipos não foi coincidente nos diferentes anos e ambientes.

Tabela 5 - Resumo da análise de variância conjunta de oito características avaliadas em híbridos de milho para silagem. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, nos anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015

					Quadrados Mé	dios ^{1/}			
FV	GL	AP	AE	DM	PG	PECP	PESP	PMV	GMV
Bloco (ano x local)	14	0,188	0,133	8,021	5984737,7	15059021,7	10538310,7	123982230	25,068
Anos	1	32,441**	17,631**	1436,291**	509867994,8 **	546158459,2**	143693112,6**	31605233025 **	631,039**
Local	1	1,047 ^{ns}	2,284 ^{ns}	1433,449**	9633489,2 ns	364043024,9**	124069333,0 **	144561082 ^{ns}	10,266 ^{ns}
Genótipos	23	0,417**	0,346**	23,757**	11264083,1**	25594943,4*	16129997,2**	319625050**	53,001**
Genótipos x Ano	23	0,022 ^{ns}	0,021 ^{ns}	3,135 ^{ns}	3372879,7 ns	12480892,1**	5715658,5 **	79751456 **	7,726 ^{ns}
Genótipos x Local	23	0,025 ^{ns}	0,021 ^{ns}	4,222 ^{ns}	1071661,9 ^{ns}	4516534,8 ^{ns}	2069186,1 ^{ns}	65910796 ^{ns}	12,076 ^{ns}
Ano x Local	1	3,271**	3,472**	6,032 ^{ns}	55199242,4**	19798802,2 ^{ns}	8467401,4 ^{ns}	793714634**	27,922 ^{ns}
Ano x local x genótipo	23	0,092**	0,021 ^{ns}	4,109 ^{ns}	3975892,5 ^{ns}	8427765,4 ^{ns}	4396733,3 ^{ns}	58930597 ^{ns}	15,723*
Erro	322	0,017	0,0138	3,245	2758815	5901885	3382490	45388796	8,338
Média	-	2,28	1,46	24,32	7.391	12.889	9.309	40.381	18,72
CV _e (%)	-	5,71	7,80	7,40	22,47	18,84	19,75	16,68	15,52
CV _g (%)	-	6,53	9,24	4,42	9,01	6,66	8,22	9,09	8,52
l _v	-	1,14	1,18	0,60	0,40	0,35	0,41	0,54	0,55
h^2	-	94,87	93,81	86,80	70,05	51,23	64,56	75,04	85,42
r̂gg	-	0,97	0,96	0,93	0,83	0,71	0,80	0,86	0,92

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹) e GMV: proporção de grãos na massa verde (%); ns: Não Significativo pelo teste F; significativo (P<0,01) pelo teste F; significativo (P<0,05) pelo teste F. CV_e: coeficiente de variação experimental; CV_g: coeficiente de variação genético; I_v: índice de variação; h²: herdabilidade média de genótipos e rgg: acurácia

Com base nos resultados, verificou-se que, em média, a produtividade de grãos no ponto de silagem e a produtividade de massa verde foram de 7.391 e 40.381 kg ha⁻¹, respectivamente. Resultados semelhantes foram obtidos em outros trabalhos. Paziani et al. (2009) avaliaram características agronômicas em híbridos de milho para produção de silagem e obtiveram, em média, 6.916 e 50.470 kg ha⁻¹ de produção de grãos no ponto de silagem e produção de matéria verde, respectivamente. Em contrapartida, Santos et al. (2010) obtiveram, em média, 33.800 kg ha⁻¹ de PMV ao avaliar variedades de milho para produção de silagem.

Verificou-se também que todas as características obtiveram herdabilidade (h²) com base na média das famílias, igual ou acima de 51,23%. Para as características de maior interesse (PG, PMV e GMV), obtiveram percentuais de herdabilidade de 70,05; 75,04 e 85,42%, respectivamente (Tabela 5).

Desta forma, com elevados valores de herdabilidade, a seleção poderá ser conduzida com grande possibilidade de sucesso para todas as características de interesse. Marcondes et al. (2012) consideram a herdabilidade o melhor parâmetro para fazer qualquer inferência sobre o sucesso do melhoramento em um caráter.

Conforme a classificação de Scapim et al. (1995), o CV_e das características avaliadas no presente trabalho foi classificado como baixo a alto. Nota-se que os coeficientes de variação oscilaram de 5,71% para AP a 22,47% para PG (Tabela 5). Estes coeficientes de variação comprovam aceitável precisão experimental para todas as características avaliadas.

Berilli et al. (2013) obtiveram coeficiente de variação experimental e herdabilidade de 20% e 56%, respectivamente, para rendimento de grãos no 11º ciclo de seleção recorrente recíproca entre famílias de irmãos-completos de milho. Faria et al. (2008) avaliaram a eficiência da seleção recorrente recíproca em híbridos de milho pipoca e obtiveram coeficientes de variação experimental (CV_e) e herdabilidade (h²) de 20,90% e 50,37% para produtividade, respectivamente.

O coeficiente de variação genético (CV_g) expressa a quantidade de variação genética existente e possibilita ao melhorista ter uma noção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção ao longo de um programa de melhoramento. Pode-se observar na Tabela 5 que, de maneira

geral, as características apresentaram valores de CV_g relativamente altos, destacando-se para a característica AE, com 9,24%.

A acurácia seletiva é útil para identificar a variação ambiental e genética simultaneamente na escala de 0 a 100%. Valores acima de 70% são desejáveis em experimentos de avaliação de genótipos (Ramalho et al., 2012). No presente estudo, todos os valores estiveram acima de 0,71, indicando possibilidade de sucesso com a seleção (Tabela 5).

5.2.2 Estimativas das correlações

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) entre oito características agronômicas avaliadas em 24 genótipos de milho para silagem em Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, nos anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015 são apresentadas na Tabela 6.

Constata-se que, dos 28 pares de características, 9 expressaram correlações genotípicas significativas e positivas maiores que as fenotípicas, o que representa 32% dos pares. Tais ocorrências indicam que os componentes genotípicos apresentam grande influência na determinação das correlações (Tabela 6).

Avaliando as significâncias das correlações genotípicas, verificou-se que, dos 28 pares de características, 19 contiveram correlações genotípicas significativas, sendo que 17 foram positivas, representando 60% dos pares (Tabela 6). Correlações genotípicas positivas entre pares de características indicam que a seleção, objetivando aumento de uma delas, provocará o mesmo efeito na outra.

A característica AP apresentou coeficiente de correlação fenotípica e genotípica positiva e significativa à (P<0,01) em todas as características avaliadas, com exceção apenas do DM e GMV (Tabela 6).

A correlação entre AP e AE foi altamente significativa e positiva (r_f = 0,82** e r_g = 0,80**), indicando que a estatura da planta aumenta concomitantemente com a altura de inserção da espiga.

Os maiores coeficientes de correlação fenotípica e genotípica foram observados entre a produtividade de grãos no ponto de silagem e a produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem com $(r_f=0.93^{**})$ e entre a

Tabela 6- Estimativas dos coeficientes de correlações fenotípicas (r_f) e genotípicas (r_g) entre oito características em híbridos de milho para silagem. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015

Características ^{1/}	AP	AE	DM	PG	PECP	PESP	GMV	PMV
AP	1	r _f 0,82**	r _f -0,32 ^{ns}	r _f 0,60**	r _f 0,64**	r _f 0,70**	r _f -0,10 ^{ns}	r _f 0,66**
		$r_{g} 0,80**$	r _g -0,67**	r _g 0,53**	r _g 0,66**	r _g 0,74**	r_g -0,03 ns	r _g 0,62**
AE		1	r_f -0,17 ns	r _f 0,60**	r _f 0,65**	r _f 0,64**	r _f -0,09 ^{ns}	r _f 0,68**
			r_g -0,40*	r _g 0,60**	r _g 0,71**	r _g 0,69**	r_g -0,01 ns	r _g 0,68**
DM			1	r _f -0,01 ^{ns}	r _f 0,06 ^{ns}	r _f -0,21 ^{ns}	r _f -0,26 ^{ns}	r _f 0,21 ^{ns}
				r_g -0,22 ns	r_g -0,08 ns	r_g -0,38 ns	r_g -0,17 ns	r_g -0,01 ns
PG				1	r _f 0,82**	r _f 0,93**	r _f 0,33 ^{ns}	r _f 0,70**
					r _g 0,87**	r _g 0,99**	r _g 0,52**	r _g 0,61**
PECP					1	r _f 0,84**	r _f -0,16 ^{ns}	r _f 0,91**
						$r_g 0,83**$	r_g -0,01 ns	r _g 0,93**
PESP						1	r _f 0,27 ^{ns}	r _f 0,69**
							r _g 0,47*	r _g 0,64**
GMV							1	r _f -0,41*
								r_g -0,36 ns
PMV								1

^{1/}AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹) e GMV: proporção de grãos na massa verde (%); ^{ns}: Não Significativo; **: Significativo (P<0,01); *: Significativo (P<0,05) pelo teste t

produtividade de espiga com palha no ponto de silagem e a produtividade de massa verde (r_f =0,91** e r_g = 0,93**). Estes resultados mostram que há uma forte associação positiva entre PG, PECP, PESP e PMV (Tabela 6). Segundo Paziani et al. (2009), as frações de espigas apresentaram valores de correlações (r_f = 0,41) com a produção de grãos no ponto de silagem.

Para a característica PECP, foram observadas correlações genotípicas e fenotípicas significativas e positivas para a característica PG (r_f =0,82** e r_g =0,87**), tendo o mesmo ocorrido entre PESP e PECP (r_f =0,84** e r_g =0,83**). O que já era esperado, pois quanto maior a produtividade de grãos maior será o peso das espigas.

Constatou-se que as variáveis AP, AE, PG, PECP e PESP apresentaram os maiores coeficientes de correlação fenotípica e genotípica com PMV com correlação fenotípica de 0,66**; 0,68**; 0,70**; 0,91** e 0,69** e correlação genotípica de 0,62**; 0,68**; 0,61**; 0,93** e 0,64**, respectivamente (Tabela 6). Mendes et al. (2008) avaliaram híbridos de milho para produção de silagem e obtiveram coeficientes de correlação de (0,63) entre produção de massa verde e altura de planta. Paziani et al. (2009) observaram correlação positiva entre altura de plantas e produção de massa verde, sendo esta de (0,25). Além disso, Santos et al. (2002) observaram correlação positiva entre altura de planta (0,50) e altura de inserção de espiga (0,51) com a produtividade de grãos em híbridos de milho, correlações estas que foram corroboradas no presente estudo.

Nos programas de melhoramento genético, é de grande importância o conhecimento das correlações entre os caracteres que concorrem para uma maior produtividade de grãos e produtividade de massa verde, pois isso facilita a seleção de híbridos favoráveis e pode dar um direcionamento à metodologia de seleção. Segundo Gomes et al. (2004), o estudo das relações entre as diversas características da planta permite direcionar a seleção, favorecendo as características de produtividade e qualidade mais correlacionadas

Portanto, quando não houver informações específicas sobre os híbridos de milho para produção de silagem, podem ser empregados para este fim os híbridos mais adaptados regionalmente para a produtividade de massa verde. Complementarmente, devem ser observadas a produtividade de grãos no ponto de silagem, a produtividade de espiga com e sem palha no ponto de silagem e a

altura de plantas, pela elevada correlação existente entre essas características e a produtividade de massa verde.

5.1.3 Teste de agrupamento de médias

O desenvolvimento de híbridos com bom desempenho agronômico constitui uma importante estratégia nos programas de melhoramento. A avaliação de linhagens com base em sua resposta em combinações híbridas é uma das etapas mais importantes e dispendiosas do programa de híbridos. Entre os métodos desenvolvidos para facilitar essa avaliação, destaca-se o uso de *topcrosses*. A utilização de testadores para avaliação do potencial de novas linhagens é uma prática rotineira nos programas de melhoramento de milho. Para obtenção de híbridos superiores, é necessário identificar as linhagens que se cruzam bem, procurando maximizar a heterose.

De acordo com Gomes (1999), estabelecer grupos heteróticos pode ser de grande valia para melhorar o desempenho agronômico e sua adaptação a novas regiões de produção, pois o sucesso do desempenho dos híbridos de milho é resultado do efeito heterótico alcançado pelo cruzamento de linhagens que têm boa capacidade combinatória.

Os valores médios e respectivos agrupamentos com base no teste de Scott-Knott, para três características avaliadas em híbridos de milho para silagem, Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, são apresentados na tabela 7.

Os híbridos *topcrosses* apresentaram variação de produtividade de 8.415 e 5.133 kg ha⁻¹ para PG, mostrando-se promissores, visto que a produtividade média de grãos citada por Alvarez et. (2006) foi de 6.945 kg ha⁻¹ no ano 2002/2003 em Lavras – MG.

Entre os tratamentos avaliados nota-se a superioridade dos híbridos *topcrosses* em relação às testemunhas principalmente para a produtividade de grãos no ponto de silagem. Os híbridos *topcrosses* UENF-2210, UENF-2202, e UENF-2208 avaliados apresentaram valores médios de PG superiores às testemunhas utilizadas com produtividade média de grãos no ponto de silagem de 8.810, 8.415 e 8.209 kg ha⁻¹ (Tabela 7). Dos 19 híbridos *topcrosses* avaliados 9 estão classificados na mesma classe de agrupamento da testemunha comercial AG 1051.

Tabela 7- Teste de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade para três características avaliadas em híbridos de milho para silagem. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, nos anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015

		Mé	dias das Cara	cterística	as	
Genótipos	DM		PESP		PG	
UENF 2194	24,45	С	8.009	С	6.174	С
UENF 2195	24,09	С	8.648	b	7.201	b
UENF 2199	24,87	b	9.011	b	7.095	b
UENF 2205	26,33	а	9.433	b	7.802	а
UENF 2198	23,61	С	10.367	а	8.017	а
UENF 2203	22,54	d	8.852	b	6.817	b
UENF 2192	24,61	b	8.382	b	6.853	b
UENF 2206	25,19	b	8.842	b	7.315	b
UENF 2207	26,57	а	9.074	b	7.449	b
UENF 2208	24,13	С	9.739	а	8.209	а
UENF 2209	24,92	b	10.131	а	7.797	а
UENF 2210	24,00	С	11.220	а	8.810	а
UENF 2200	23,94	С	9.290	b	6.821	b
UENF 2202	22,76	d	10.411	а	8.415	а
UENF 2201	23,32	С	10.326	а	7.975	а
UENF 2204	22,63	d	10.199	а	7.924	а
UENF 2193	24,12	С	6.734	С	5.133	С
UENF 2191	25,23	b	9.430	b	7.852	а
Piranão 13	25,56	b	9.146	b	7.166	b
AG 1051	23,42	С	10.300	а	8.064	а
UENF 2197	25,51	b	9.553	а	7.890	а
UENF 2196	24,36	С	8.947	b	6.969	b
Br 106	22,32	d	8.783	b	6.664	b
UENF 506-11	25,43	b	8.602	b	6.986	b
Ambientes*						
A1L1	20,55	С	9.411	b	6.815	b
A1L2	24,45	b	8.047	С	5.782	С
A2L1	24,46	b	10.290	а	8.282	а
A2L2	27,88	а	9.490	b	8.687	а

DM: diâmetro de colmo (mm); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹) e PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹). *A1L1: Ano 1 local 1, A1L2: Ano 1 local 2, A2L1: Ano 2 local 1, A2L2: Ano 2 local 2. Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo agrupamento de Scott-Knott P≤0,05

Os valores médios e as respectivas classes de agrupamentos com base no teste de Scott-Knott e no desdobramento da interação genótipo x local, para PMV são apresentados na tabela 8.

Entre os 19 híbridos topcrosses avaliados, 5 foram classificados na mesma classe de agrupamento durante os dois anos de avaliação.

Tabela 8- Teste de agrupamento de Scott-Knott para PMV em híbridos de milho para silagem, desdobramento da interação Genótipo × Local. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015

				Mé	dias (das C	aracterísti	cas				
	A1L1			A1L2			A2L1			A2L2		
Genótipos	PMV			PMV			PMV			PMV		
UENF 2194	43.230	а	Α	26.333	b	В	50.492	а	Α	45.664	b	Α
UENF 2195	32.114	b	В	29.943	а	В	46.179	b	Α	44.058	b	Α
UENF 2199	35.710	а	В	34.889	а	В	43.696	b	Α	45.313	b	Α
UENF 2205	40.326	а	В	33.715	а	В	53.942	а	Α	55.776	а	Α
UENF 2198	32.793	b	В	23.836	b	В	50.691	а	Α	49.691	b	Α
UENF 2203	28.753	b	В	25.697	b	В	38.932	b	Α	47.000	b	Α
UENF 2192	28.190	b	В	23.077	b	В	39.967	b	Α	37.941	b	Α
UENF 2206	33.593	b	В	31.239	а	В	45.703	b	Α	45.361	b	Α
UENF 2207	35.890	а	В	29.733	а	В	47.740	а	Α	52.367	а	Α
UENF 2208	42.453	а	В	33.628	а	В	56.753	а	Α	58.558	а	Α
UENF 2209	44.096	а	В	35.082	а	В	57.733	а	Α	54.966	а	Α
UENF 2210	37.523	а	С	31.570	а	С	53.086	а	В	63.200	а	Α
UENF 2200	29.780	b	В	31.799	а	В	50.171	а	Α	54.206	а	Α
UENF 2202	30.793	b	В	35.078	а	В	44.786	b	Α	47.506	b	Α
UENF 2201	29.976	b	В	35.038	а	В	49.702	а	Α	57.863	а	Α
UENF 2204	41.480	а	В	25.531	b	С	51.668	а	Α	53.873	а	Α
UENF 2193	25.780	b	В	23.386	b	В	34.236	b	Α	42.268	b	Α
UENF 2191	31.866	b	В	29.138	b	В	50.851	а	Α	46.814	b	Α
Piranão 13	37.786	а	В	30.368	а	В	47.286	а	Α	48.742	b	Α
AG 1051	27.910	b	В	27.991	b	В	50.579	а	Α	45.828	b	Α
UENF 2197	30.390	b	В	36.939	а	В	54.909	а	Α	48.576	b	Α
UENF 2196	31.096	b	В	28.921	b	В	46.955	а	Α	52.230	а	Α
Br 106	36.230	а	В	27.962	b	В	40.796	b	Α	46.440	b	Α
UENF 506-11	22.153	b	В	24.372	b	В	50.706	а	Α	49.609	b	Α

PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹); *A1L1: Ano 1 local 1, A1L2: Ano 1 local 2, A2L1: Ano 2 local 1, A2L2: Ano 2 local 2. Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si, maiúscula na horizontal e minúscula na vertical, pelo agrupamento de Scott-Knott P≤0,05

Os híbridos topcrosses que apresentaram o melhor desempenho foram: UENF 2205, UENF 2207, UENF 2208, UENF 2209 e UENF 2210.

Ressalta-se ainda, que os híbridos topcrosses UENF 2205, UENF 2207, UENF 2208, UENF 2209 e UENF 2210 apresentaram diferença significativa (P≤0,05). Nota-se que no local 1 e 2 no ano 2 os híbridos topcrosses

apresentaram melhor desempenho do que no ano 1. Isso pode ser explicado pela variação ambiental ocorrida durante a condução dos ensaios.

Com base no teste de agrupamento de médias, verificou-se que os híbridos topcrosses UENF 2205, UENF 2207, UENF 2208, UENF 2209 e UENF 2210 apresentaram médias superiores as testemunhas UENF 506-11 e AG 1051 durante os dois anos de avaliação com exceção apenas no A_2L_1 em que as testemunhas foram classificadas na mesma classe de agrupamento.

Diante disso, observou-se que os híbridos obtiveram bom desempenho agronômico e são eventualmente, indicados para produção de silagem na Região Norte/Noroeste Fluminense.

De acordo com Borém (1999), o progresso do milho híbrido, aliado à melhoria das práticas culturais, contribuiu e contribui cada vez mais para o aumento da produtividade.

Nota-se que as combinações híbridas intragrupo heterótico do tipo dentado foram eficientes, possibilitando a identificação de híbridos *topcrosses* com desempenho agronômico superior às testemunhas comerciais utilizadas.

5.1.4 Seleção baseada no índice de Mulamba & Mock

A Tabela 9 contém as estimativas dos ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de Mulamba & Mock (1978), utilizando como pesos econômicos coeficiente de variação genético (CV_g), índice de variação (I_v), herdabilidade (h²) e pesos atribuídos por tentativas (PA) para as oito características avaliadas, sendo a seleção praticada para 10 genótipos.

Avaliando os pesos econômicos utilizados no índice de seleção de Mulamba & Mock (1978), verificou-se que os pesos econômicos atribuídos por tentativas foram os que proporcionaram as maiores estimativas de ganhos para as características avaliadas.

Os ganhos preditos mais expressivos para produtividade de grãos no ponto de silagem (6,13%) e produtividade de massa verde (4,46%) foram obtidos empregando pesos econômicos atribuídos por tentativas (PA). O uso de pesos econômicos atribuídos por tentativas permitiu não apenas ganhos satisfatórios para PG e PMV, mas também para as demais características avaliadas, quais sejam: altura de plantas (AP), com magnitude de 2,15%; altura de espiga (AE),

Tabela 9- Estimativa dos ganhos percentuais com base no diferencial de seleção, por seleção simultânea, em oito características em híbridos de milho para silagem. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, anos agrícolas 2013/2014 e 2014/2015

		Mulamba	& Mock	
Características	CVg	l _v	h ²	PA
AP	1,69	-4,30	-0,82	2,15
AE	1,56	-5,34	-0,54	3,17
DM	0,03	2,98	1,09	0,21
PG	5,95	0,51	4,19	6,13
PECP	2,91	0,05	2,49	3,52
PESP	5,00	-0,67	3,20	4,56
PMV	2,86	-0,73	2,57	4,46
GMV	3,84	1,42	1,97	2,07

Pesos econômicos utilizados nos índices de seleção: CV_g: coeficiente de variação genético; I_v: índice de variação; h²: herdabilidade e PA: pesos atribuídos por tentativas (50, 50, 50, 100, 50, 50, 100 e 100); ¹/AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹) e GMV: proporção de grãos na massa verde (%)

com 3,17%; diâmetro do colmo (DM), com 0,21%; produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (PECP), com 3,52%; produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (PESP), com magnitude de 4,56%; e proporção de grãos na massa verde (GMV), com 2,07% (Tabela 9).

Portanto, ao utilizar o índice de seleção de Mulamba & Mock na seleção de genótipos, é possível obter ganhos nas médias para todas as características avaliadas. Tal ganho é ideal, uma vez que, para silagem, os híbridos de milho devem apresentar maiores médias possíveis para as características avaliadas no presente estudo. Segundo Rangel et al. (2011), o índice de Mulamba e Mock resultou em ganhos proporcionais mais adequados para rendimento de grãos, com valores de 8,53%, na utilização de pesos econômicos arbitrários na seleção de progênies superiores de milho pipoca. De acordo com Santos et al. (2007), o índice de Mulamba & Mock também proporcionou as magnitudes mais elevadas de ganhos preditos para a maioria das características, na utilização de pesos

arbitrários atribuídos por tentativas em milho pipoca. Para Candido et al. (2011), os ganhos proporcionais mais adequados para o conjunto de caracteres avaliados foram obtido pelos pesos econômicos atribuídos por tentativas ao utilizar o índice de Mulamba e Mock em milho.

Embora o índice de Mulamba & Mock, usando pesos econômicos atribuídos por tentativas, tenha permitido a obtenção de ganhos satisfatórios para as características estudadas, com base na premissa de Cruz (1990), no melhoramento de plantas há dificuldade em estabelecer pesos econômicos. Conforme propôs Cruz (1990), os pesos econômicos poderiam ser estimados pelas estatísticas dos próprios dados experimentais. Assim, o coeficiente de variação genético (CV_g) se constituiria em um bom referencial, pelo fato de ser um parâmetro adimensional, diretamente proporcional à variância genética.

Embora o uso do coeficiente de variação genético tenha favorecido a obtenção de ganhos positivos para PG e PMV, respectivamente, 5,95 e 2,86%, eles foram menores quando comparados aos obtidos pelo uso dos pesos econômicos atribuídos por tentativas. Contudo, ganhos percentuais favoráveis com boas magnitudes foram identificados para PECP, PESP e GMV (Tabela 9).

O emprego do índice de variação como peso econômico proporcionou menores ganhos percentuais para produtividade de grãos no ponto de silagem (0,51%). No que se refere a DM, PECP e GMV, os ganhos percentuais foram de apenas 2,98; 0,05 e 1,42%, respectivamente. As estimativas dos ganhos para as características AP, AE, PESP e PMV foram negativas, o que não é interessante na obtenção de híbridos para silagem (Tabela 9).

O uso das herdabilidades como pesos econômicos também não foi uma alternativa conveniente para o uso do índice de Mulamba & Mock. Os ganhos percentuais previstos para PG, PMV e GMV foram inferiores aos previstos usando os pesos econômicos atribuídos por tentativas (Tabela 9). Os ganhos foram de 4,19; 2,57 e 1,97% para PG, PMV e GMV, respectivamente. Além disso, foram registrados ganhos negativos para AP e AE.

Como o objetivo deste trabalho foi a melhoria simultânea das características AP, AE, DM, PG, PECP, PESP, PMV e GMV não é interessante o uso de pesos econômicos que resultem em baixos ganhos na média de uma dessas características. Pode-se inferir que o índice de variação genético e a

herdabilidade como pesos econômicos não foram boas alternativas para a seleção de híbridos superiores.

A qualidade do grão e da fração fibrosa (caule, folhas, sabugo e palhas) é determinante no valor nutricional do material ensilado (Demarquilly, 1994). Segundo Beleze et al. (2003), a seleção de híbridos de milho para produção de silagem deverá ser baseada na produção de grãos, de matéria seca e de outros componentes da planta como sabugo, colmo, folhas e palhas. Conforme Costa et al. (2000), maiores proporções de espigas no material a ser ensilado contribuem para melhor qualidade da forragem.

Na tabela 10, estão dispostos o Ranking e as médias dos 10 melhores híbridos que permitiram as maiores estimativas de ganhos pelo índice de Mulamba e Mock. Constata-se que os híbridos 12, 4, 21, 20, 14, 18, 9, 15, 16 e 10 foram os mais promissores, com valores expressivos, constituindo os dez melhores híbridos classificados para as características AP, AE, DM, PG, PECP, PESP, PMV e GMV.

Tabela 10- Ranking e médias de oito características, avaliadas em 10 híbridos de milho para silagem, selecionadas pelo índice de Mulamba & Mock. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, anos agrícolas de 2013/2014 e 2014/2015

				Me	édias da	s caracte	rísticas		
Ranking	Híbridos	AP	AE	DM	PG	PECP	PESP	PMV	GMV
1	UENF 2210	2,54	1,62	24,00	8.810	15.156	11.220	46.345	19,34
2	UENF 2205	2,23	1,32	26,33	7.802	14.354	9.433	45.940	17,22
3	UENF 2197	2,16	1,54	25,51	7.890	13.651	9.553	42.704	18,52
4	AG 1051	2,25	1,41	23,42	8.064	13.234	10.300	38.077	21,48
5	UENF 2202	2,41	1,59	22,76	8.415	13.176	10.411	39.541	21,54
6	UENF 2191	2,25	1,39	25,23	7.852	12.862	9.430	39.667	20,15
7	UENF 2207	2,16	1,35	26,57	7.449	13.087	9.074	41.432	18,67
8	UENF 2201	2,43	1,57	23,32	7.975	13.880	10.326	43.145	18,75
9	UENF 2204	2,36	1,53	22,63	7.924	13.691	10.199	43.138	18,83
10	UENF 2208	2,58	1,80	24,13	8.209	14.659	9.739	47.848	17,30

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹); e GMV: proporção de grãos na massa verde (%)

Oliveira (2004) avaliou cultivares de milho para silagem nas localidades de Alfenas e Valença no ano agrícola 2002/2003 e obteve, em média, 37,8 t ha^{-1.} Mendes et al. (2008) verificaram que a produção de grãos e de matéria verde foi, em média, de 6.140 kg ha⁻¹ e de 31.370 kg ha⁻¹, respectivamente. Nota-se que os híbridos *topcrosses* selecionados apresentaram média superior aos obtidos nos trabalhos em questão.

Com base nos resultados, os híbridos 12, 14 e 10 apresentaram, em média, PG superior às testemunhas. Já para PMV, os híbridos 12, 4, 15,16 e 10 também foram superiores às testemunhas. Assim sendo, é possível concluir que as combinações UENF 2202 (14), UENF 2205 (4), UENF 2208 (10) e UENF 2210 (12) apresentaram alta performance para produtividade de grãos no ponto de silagem, aliadas à produtividade de massa verde, fator primordial para uma silagem de qualidade.

5.2 Avaliação dos híbridos topcrosses selecionados: Ano agrícola 2015/2016

5.2.1 Análise de variância e parâmetros genéticos

A Tabela 11 mostra as estimativas dos valores e as significâncias dos quadrados médios, bem como as médias, os coeficientes percentuais da variação experimental, do coeficiente de variação genético, do índice de variação, do coeficiente de determinação genotípico e da acurácia seletiva em híbridos de milho para silagem em dois ambientes - Campos dos Goytacazes e Itaocara.

Efeitos significativos (P<0,01) foram observados para todas as características estudadas, indicando existência de variabilidade genética entre os genótipos. Os efeitos da interação genótipo x ambiente foram significativos apenas para GMV e PMV. A interação significativa indica que a resposta dos genótipos não foi coincidente nos diferentes ambientes (Tabela 11).

A média geral dos híbridos avaliados apresentou resultados satisfatórios, ou seja, esses híbridos mostraram elevado potencial produtivo para a região Norte e Noroeste Fluminense. Verificou-se que, em média, a produtividade de grãos no ponto de silagem e a produtividade da massa verde foram de 6.232 e 37.034 kg ha⁻¹, respectivamente (Tabela 11).

Tabela 11- Resumo da análise de variância conjunta de nove características avaliadas em híbridos de milho para silagem. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, ano agrícola 2015/2016

						Quadra	ados Médios			
FV	GL	AP	AE	DM	NE	PECP	PESP	PG	GMV	PMV
Blocos/Ambientes	10	0,127	0,032	15,794	44,232	12704427,18	5124740,55	6174884,58	49,417	218208646,97
Genótipos (G)	14	0,872**	0,534**	28,096**	227,160**	58630438,74**	41075268,75**	45741692,89**	253,888**	694328908,77**
Ambientes (A)	1	1,210**	0,500**	0,103 ^{ns}	849,338**	520829190,13**	75886288,2**	32281711,02**	27,323 ^{ns}	1717854693,88**
GXA	14	0,018 ^{ns}	0,010 ^{ns}	5,057 ^{ns}	29,731 ^{ns}	6361321,04 ^{ns}	3220131,2 ^{ns}	4602091,02 ^{ns}	43,031*	57082567,51*
Resíduo	140	0,014	0,008	3,859	18,786	3795018,77	2145899,7	2757549,21	19,601	25944711,63
Média Geral	-	2,31	1,53	22,70	28,66	11.439	7.709	6.232	16,96	37.034
CV _e (%)	-	5,12	5,84	8,65	15,12	17,03	19,00	26,64	26,10	13,75
CV _g (%)	-	11,57	13,67	6,26	14,53	18,68	23,36	30,36	26,05	20,15
$I_{\mathbf{v}}$	-	2,26	2,34	0,72	0,96	1,09	1,22	1,13	0,99	1,46
H^2	-	98,39	98,50	86,26	91,73	93,52	94,77	93,97	92,27	96,26
r̂gg	-	0,99	0,99	0,92	0,95	0,96	0,97	0,96	0,96	0,98

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); NE: número total de espigas colhidas; PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); GMV: proporção de grãos na massa verde (%) e PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹); ^{ns}: Não Significativo pelo teste F; **: Significativo (P<0,01) pelo teste F; *: Significativo (P<0,05) pelo teste F; CV_e: coeficiente de variação experimental; CV_g: coeficiente de variação genético; I_v: índice de variação; H²: coeficiente de determinação genotípico e r̂gg: acurácia

Paziani et al. (2009) avaliaram características agronômicas em híbridos de milho para silagem e obtiveram, em média, 6.916 e 50.470 kg ha⁻¹ de produtividade de grãos no ponto de silagem e produtividade de matéria verde, respectivamente. Mendes et al. (2008) verificaram que, em média, a PG foi de 6.140 kg ha⁻¹, e o PMV foi de 31.370 kg ha⁻¹. Resultados semelhantes foram obtidos neste trabalho.

Pode-se inferir que a precisão experimental está dentro da normalidade, com coeficientes de variação oscilando entre 5,12% para AP, e 26,64% para PG, de acordo com a classificação proposta por Scapin et al. (1995) (Tabela 11). O valor de CVe alto observado para PG evidencia a natureza complexa desta característica, que, além de ser governada por muitos genes, é muito influenciada pelo ambiente.

Estes coeficientes de variação mostram aceitável precisão experimental para todas as características avaliadas, contribuindo para aumentar a confiabilidade das estimativas e dos resultados obtidos neste trabalho.O coeficiente de variação genético (CV_g) expressa a quantidade de variação genética existente e possibilita ao melhorista ter uma noção das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção em um programa de melhoramento.

Pode-se observar na Tabela 11 que, de maneira geral, as características apresentaram valores de CV_g relativamente altos, destacando-se para a característica PG, com 30,36%.

É de fundamental importância para o melhoramento conhecer a relação CV_g/CV_e das características avaliadas. Todas as características apresentaram índice de variação I_v igual ou maior que 0,72 (Tabela 11).

Observou-se que o coeficiente de determinação genotípico oscilou entre 86,26% (DM) e 98,50% (AE) (Tabela 11). Este parâmetro é uma medida da importância relativa da hereditariedade. Estimativas altas como as encontradas neste trabalho permitem inferir que a maior parte da variação dos genótipos é devida a causas genéticas.

De acordo com Ramalho et al. (2012), quanto maior a magnitude da acurácia (mais próxima de 100%) melhor é a qualidade do experimento e maior a confiabilidade das informações experimentais. No presente trabalho, nota-se que a acurácia seletiva variou de 0,92 para DM a 0,99 para AP e AE, indicando a possibilidade de sucesso ao selecionar híbridos *topcrosses* (Tabela 11).

5.2.2 Estimativas das correlações

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) entre nove características agronômicas avaliadas em híbridos de milho para silagem são apresentadas na Tabela 12.

Dos 36 pares de combinações entre as nove características avaliadas, 17 apresentaram r_g positivas e significativas ao nível de 1 ou 5% de probabilidade. Correlações genotípicas positivas indicam que a seleção objetivando ganho em uma característica provocará o mesmo efeito na outra.

Entre as 17 r_g significativas, 10 apresentaram magnitude superior às r_f , mostrando que a associação linear entre esses pares de características é mais influenciada pelos componentes genéticos do que pelos ambientais (Tabela 12).

Segundo Hallauer et al. (2010) e Cruz e Carneiro (2006), é de fundamental importância quantificar e distinguir o grau de associação entre as características avaliadas, uma vez que as causas genéticas de correlação apresentam natureza herdável, podendo desta forma auxiliar na orientação de programas de melhoramento genético vegetal.

As maiores estimativas de correlações fenotípicas positivas e significativas foram estimadas para as combinações entre as variáveis AP e AE (0.87^{**}) , PECP e PESP (0.92^{**}) , PESP e PG (0.94^{**}) , PECP e PG (0.84^{**}) e entre PECP e PMV (0.90^{**}) (Tabela 12). As maiores magnitudes de correlação genotípica foram verificadas entre AP e AE, PECP e PESP, PESP e PG, PECP e PG e entre PECP e PMV com r_g de 0.87^{**} , 0.92^{**} , 0.96^{**} , 0.82^{**} e 0.91^{**} , respectivamente, sendo todas positivas e significativas a 1% de probabilidade (Tabela 12).

Essas estimativas mostram uma associação de natureza herdável entre os caracteres, podendo ser utilizadas para a seleção indireta em programas de melhoramento. Segundo Oliveira et al. (2010), as correlações significativas indicam a possibilidade de seleção indireta de características importantes pelo uso de características agronômicas de fácil mensuração.

A produtividade de massa verde apresentou correlações fenotípicas e genotípicas significativas e positivas com seis das oito variáveis explicativas observadas. As r_f foram de 0,77** AP; 0,68** AE; 0,59* DM; 0,90** PECP; 0,72** PESP; e 0,68** PG. As estimativas de r_g foram de 0,77** AP; 0,66** AE; 0,69** DM; 0,91** PECP; 0,72** PESP; e 0,64** PG.

Tabela 12– Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) entre nove características em híbridos de milho para silagem. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, ano agrícola 2015/2016

Características	AP	AE	DM	NE	PECP	PESP	PG	GMV	PMV
AP	1	r _f 0,87**	r _f 0,47 ^{ns}	r _f 0,23 ^{ns}	r _f 0,58*	r _f 0,45 ^{ns}	r _f 0,51*	r _f 0,07 ^{ns}	r _f 0,77**
		r _g 0,87**	$ m r_g$ 0,50 $^{ m ns}$	$r_{\rm g}$ 0,26 $^{\rm ns}$	r _g 0,61**	$ m r_g$ 0,48 $^{ m ns}$	$r_g 0,55$ *	r_g 0,11 ns	r _g 0,77**
AE		1	r _f 0,46 ^{ns}	r _f 0,50 ^{ns}	r _f 0,43 ^{ns}	r _f 0,23 ^{ns}	r _f 0,27 ^{ns}	r _f -0,17 ^{ns}	r _f 0,68**
			$r_{\rm g}$ 0,42 $^{\rm ns}$	r _g 0,55*	$ m r_g$ 0,44 $^{ m ns}$	$r_{\rm g}$ 0,23 $^{\rm ns}$	r_g 0,32 ns	$ m r_g$ -0,11 $^{ m ns}$	r _g 0,66**
DM			1	r _f 0,45 ^{ns}	r _f 0,56*	r _f 0,48 ^{ns}	r _f 0,46 ^{ns}	r _f 0,11 ^{ns}	r _f 0,59*
				$r_{\rm g}$ 0,45 $^{\rm ns}$	r _g 0,67**	r _g 0,57*	$ m r_g$ 0,50 $^{ m ns}$	$ m r_g$ 0,11 $^{ m ns}$	r _g 0,69**
NE				1	r _f 0,39 ^{ns}	r _f 0,24 ^{ns}	r _f 0,19 ^{ns}	r _f 0,01 ^{ns}	r _f 0,36 ^{ns}
					$ m r_g$ 0,33 $^{ m ns}$	$r_{\rm g}$ 0,20 $^{\rm ns}$	$ m r_g$ 0,17 $^{ m ns}$	$r_{\rm g}$ 0,02 $^{\rm ns}$	r _g 0,31 ^{ns}
PECP					1	r _f 0,92**	r _f 0,84**	r _f 0,44 ^{ns}	r _f 0,90**
						r _g 0,92**	r _g 0,82**	$r_{\rm g}$ 0,42 $^{\rm ns}$	r _g 0,91**
PESP						1	r _f 0,94**	r _f 0,71**	r _f 0,72**
							r _g 0,96**	r _g 0,74**	r _g 0,72**
PG							1	r _f 0,81**	r _f 0,68**
								r _g 0,84**	r _g 0,64**
GMV								1	r _f 0,15 ^{ns}
									$r_{\rm g}0,12^{\rm ns}$
PMV									1

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); NE: número total de espigas colhidas; PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); GMV: proporção de grãos na massa verde (%) e PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹); ^{ns}: Não Significativo (P<0,01); *: Significativo (P<0,05) pelo teste t

Pode-se inferir, ainda, que as variáveis se correlacionam positivamente entre si, mostrando a complexidade da relação entre as características que influenciam PMV. Esses resultados indicam que é possível selecionar, indiretamente, plantas com maiores AP, AE, DM, PECP, PESP e PG quando se deseja maior PMV (Tabela 12).

Mendes (2012) obteve coeficientes de correlação de (r_f=0,42) entre produtividade de massa verde e altura de planta em híbridos de milho para produção de silagem; enquanto Paziani et al. (2009) observaram correlação positiva (r=0,25) entre altura de plantas e produção de massa verde.

Verificou-se também alta correlação fenotípica e genotípica entre AP e AE, com estimativa de (r=0,87**). É comum correlação positiva entre AP e AE, pela associação da proporcionalidade estrutural da planta, fato que já foi constatado por outros autores em milho comum (Magalhães et al., 2002; Souza et al., 2008).

5.2.3 Teste de agrupamento de médias

Com a tendência de sistemas de produção mais exigentes e eficientes, é extremamente importante maximizar a produtividade das lavouras e o valor nutritivo do milho ensilado. No melhoramento de plantas, a hibridação de linhagens é um ponto fundamental, pois possibilita a combinação de alelos favoráveis que resultam no pronunciado efeito heterótico.

Em geral, o principal efeito esperado com a heterose é um aumento substancial da produtividade e de outros caracteres agronômicos economicamente importantes (Allard, 1971).

Na Tabela 13 consta o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott para as sete características avaliadas em 8 híbridos *topcrosses* e sete testemunhas de milho para silagem.

Entre os tratamentos avaliados, a superioridade dos híbridos *topcrosses* em relação às testemunhas do grupo heterótico "Flint" foi observada para a maioria das características avaliadas, com destaque para PG e PMV, que tiveram seus híbridos incluídos nos grupos mais produtivos em relação a estas testemunhas. Esse fato já era esperado, uma vez que as testemunhas do grupo heterótico "Flint" são variedades e populações que apresentam conhecidamente desempenho inferior aos híbridos. Contudo, esse fato pode ser explicado quando

se entende que a heterose explorada entre híbridos é superior à explorada entre variedades e populações.

Observando o teste de agrupamento de médias, nota-se que para PG os híbridos *topcrosses* apresentaram médias aproximadas da testemunha comercial AG 1051 (8.988 kg ha⁻¹) e superior à testemunha UENF 506-11 (7.007 kg ha⁻¹), com destaque para os híbridos *topcrosses* UENF 2202, UENF 2210 e UENF 2209, que apresentaram, em média, 8.417, 8.283 e 8.135 kg ha⁻¹, respectivamente (Tabela13). Ressalta-se ainda que híbridos *topcrosses* UENF 2202, UENF 2210, e UENF 2209 estão agrupados na mesma classe de agrupamento da testemunha AG 1051.

Tabela 13- Teste de agrupamento de Scott-Knott para sete características avaliadas em híbridos de milho para silagem. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, ano agrícola 2015/2016

					M	édia	as das C	ara	cterísticas	3				
Genótipos	AP		AE		DM		NE		PECP		PESP		PG	
UENF 2205	2,28	d	1,40	С	24,09	а	27,58	b	12.663	b	8.081	b	5.315	С
UENF 2198	2,54	С	1,62	е	23,35	b	30,25	а	10.960	С	8.317	b	7.007	b
UENF 2207	2,29	d	1,42	С	25,55	а	27,17	b	11.944	b	7.962	b	6.340	b
UENF 2208	2,81	а	1,98	а	22,87	b	33,92	а	13.189	а	7.377	b	6.140	b
UENF 2209	2,65	b	1,77	b	24,20	а	28,58	b	14.297	а	9.745	а	8.135	а
UENF 2210	2,68	b	1,66	е	22,86	b	28,67	b	14.489	а	9.963	а	8.283	а
UENF 2202	2,49	С	1,63	е	21,64	С	28,33	b	11.671	b	8.969	а	8.417	а
UENF 2191	2,29	d	1,51	d	23,65	b	33,17	а	11.228	b	7.797	b	7.309	b
AG 1051	2,28	d	1,42	С	22,41	С	22,00	С	12.245	b	9.462	а	8.988	а
UENF 506-11	2,19	d	1,63	е	24,25	а	35,17	а	13.484	а	9.208	а	7.007	b
C. Flint Normal	2,01	е	1,43	С	22,00	С	32,00	а	9.994	С	6.677	С	4.310	С
Sol da Manhã	1,90	f	1,11	g	20,00	d	21,42	С	8.346	d	5.321	d	3.690	d
Saracura	2,05	е	1,31	f	20,27	d	24,08	С	10.692	С	7.340	b	5.131	С
C. Sete Lagoas	2,33	d	1,70	b	21,85	С	24,33	С	6.237	е	2.950	е	2.001	е
Cimmyt 12	2,00	е	1,42	С	21,64	С	33,25	а	10.144	С	6.462	С	5.407	С
Local														
1	2,24	b	1,48	b	22,73	а	30,83	а	13.140	а	8.358	а	6.656	а
2	2,40	а	1,59	а	22,68	а	26,49	b	9.738	b	7.059	b	5.809	b

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); NE: número total de espigas colhidas; PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹) e PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹). Médias seguidas de mesma letra, na mesma coluna, não diferem estatisticamente entre si pelo teste de agrupamento de Scott-Knott P≤0,05.

Os valores médios e respectivos agrupamentos com base no teste de Scott-Knott e no desdobramento da interação genótipo x local para PMV são apresentados na Tabela 14.

Nota-se que foram formados quatro e três grupos de genótipos, pelo teste de médias de Scott-Knott para o local 1 e 2, respectivamente (Tabela 14). Ressalta-se que para o local 2 os híbridos *topcrosses* UENF 2205, UENF 2208, UENF 2209, UENF 2210 e UENF 506-11 não se diferenciaram pelo teste de médias, apresentando os maiores índices de produtividade de massa verde entre os 15 genótipos avaliados. Os genótipos mais produtivos apresentaram variação

Tabela 14 - Teste de agrupamento de Scott-Knott para GMV e PMV em híbridos de milho para silagem, desdobramento da interação Genótipo × Local. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, ano agrícola 2015/2016

				Média	as da	as C	aracteríst	icas				
	Local 1			Local 2			Local 1			Local 2		
Genótipos	GMV			GMV			PMV			PMV		
UENF 2205	13,67	b	Α	10,81	С	Α	44.791	b	Α	42.249	а	Α
UENF 2198	21,88	а	Α	21,28	а	Α	38.430	b	Α	26.839	С	В
UENF 2207	17,45	а	Α	14,69	b	Α	45.065	b	Α	32.937	b	В
UENF 2208	12,65	b	Α	11,77	С	Α	54.580	а	Α	43.433	а	В
UENF 2209	16,22	а	Α	16,24	b	Α	53.751	а	Α	46.416	а	В
UENF 2210	16,91	а	Α	20,79	а	Α	46.224	b	Α	42.736	а	Α
UENF 2202	20,67	а	В	27,11	d	Α	43.290	b	Α	31.173	b	В
UENF 2191	16,64	а	В	24,24	а	Α	42.131	b	Α	31.715	b	В
AG 1051	21,22	а	В	28,43	d	Α	39.885	b	Α	34.376	b	Α
UENF 506-11	17,56	а	Α	17,40	b	Α	41.357	b	Α	39.932	а	Α
Composto Flint Normal	16,33	а	Α	12,12	С	Α	31.579	С	Α	27.857	С	Α
Sol da Manhã	16,27	а	Α	13,80	b	Α	24.798	d	Α	26.350	С	Α
Saracura	14,97	а	Α	16,46	b	Α	34.782	С	Α	31.724	b	Α
Cateto Sete Lagoas	7,83	С	Α	7,24	С	Α	28.935	d	Α	23.980	С	Α
Cimmyt 12	18,36	а	Α	17,92	b	Α	32.249	С	Α	27.452	С	Α

GMV: proporção de grãos na massa verde (%) e PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹). Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si, maiúscula na horizontal e minúscula na vertical pelo teste de agrupamento de Scott-Knott P≤0,05

de produtividade de massa verde de 39.932 kg ha⁻¹ a 46.416 kg ha⁻¹, mostrandose promissores, visto que a produtividade média de PMV citada por Mendes (2012) foi de 41.960 kg ha⁻¹ no ano agrícola 2010/2011 em Lavras – MG. Em relação ao local 1, verificou-se que os híbridos *topcrosses* UENF 2208 e UENF

2209 também foram os que apresentaram os melhores desempenhos, com PMV de 54.580 e 53.751 kg ha⁻¹, respectivamente.

As testemunhas pertencentes ao grupo heterótico "Flint" (Composto Flint Normal, Sol da Manhã, Saracura, Cateto Sete Lagoas e Cimmyt 12) foram diferentes estatisticamente pelo teste de Scott-Knott, formando o grupo dos genótipos com menores índices de produtividade de massa verde (Tabela 14).

Com base nos resultados, é possível identificar híbridos *topcrosses* com desempenho igual ou superior aos das testemunhas testadas tanto no que diz respeito à produtividade de grãos no ponto de silagem quanto à produtividade de massa verde.

5.2.4 Seleção baseada nos índices de seleção

A Tabela 15 contém as estimativas dos ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de Pesek & Baker, Smith & Hazel, Mulamba & Mock e Willians, utilizando pesos atribuídos por tentativas, sendo a seleção praticada nas características AP, AE, DM, NE, PECP, PESP, PG, GMV e PMV, com intensidade de seleção de 33,33%.

As estimativas dos ganhos preditos utilizando índices de seleção revelaram que o índice de Mulamba & Mock foi o que proporcionou as melhores estimativas de ganhos, já que foi possível obter ganhos nas médias para todas as características avaliadas. Tal ganho é de fundamental importância, uma vez que no presente estudo buscou-se a melhoria simultânea de todas as características avaliadas. Desta forma, é o índice mais adequado para a seleção de híbridos no presente trabalho.

Os ganhos preditos mais expressivos para produtividade de grãos no ponto de silagem (24,09%), produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (17,55%) e proporção de grãos na massa verde (13,12%) foram obtidos empregando o índice de Mulamba & Mock. Este índice permitiu ainda ganhos satisfatórios para as demais características avaliadas, quais sejam: altura de plantas, com magnitude de 5,99%; altura de espiga, com 6,69%; diâmetro do colmo, com 2,32%; número de espiga, com 6,79%; produtividade de espiga com palha no ponto de silagem, com 13,03%; e produção de massa verde, com 12,58% (Tabela 15).

Berilli et al. (2013) utilizaram diferentes índices de seleção na seleção de famílias superiores no décimo primeiro ciclo de seleção recorrente recíproca e verificaram que o índice de Mulamba & Mock permitiu as melhores estimativas de ganho para produção (12,90%) ao utilizar pesos atribuídos por tentativa. Cunha et al. (2012) também constataram que o índice de Mulamba & Mock proporcionou as maiores estimativas de ganho para produção (9,58%) ao utilizar pesos atribuídos por tentativa na seleção das famílias superiores do 12° ciclo de seleção recorrente recíproca. Santos et al. (2008) trabalharam com seleção recorrente de meios - irmãos em milho pipoca e constataram ganhos preditos de 10% para a característica produtividade ao utilizar o índice de Mulamba & Mock.

Tabela 15- Estimativa dos ganhos percentuais com base no diferencial de seleção, por seleção simultânea, em nove características em genótipos de milho para silagem, Campos dos Goytacazes e Itaocara – RJ, ano agrícola de 2015/2016

	Índice de seleção						
Características ¹	Pesek & Baker	Smith & Hazel	Mulamba & Mock	Willians			
AP	-1,01	8,53	5,99	8,53			
AE	-1,67	9,87	6,69	9,87			
DM	-1,02	3,59	2,32	3,59			
NE	-1,74	6,79	6,79	6,79			
PECP	3,47	17,87	13,04	17,87			
PESP	5,58	14,34	17,55	14,34			
PG	0,45	11,22	24,09	11,22			
GMV	-2,75	-8,51	13,12	-8,51			
PMV	4,49	22,13	12,58	22,13			

AP¹: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); NE: número total de espigas colhidas; PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); GMV: proporção de grãos na massa verde (%) e PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹)

Freitas Júnior et al. (2009), Rangel et al. (2011) e Freitas Júnior et al. (2013) também verificaram que o índice de Mulamba & Mock proporcionou maiores magnitudes de ganhos preditos para a maioria das características avaliadas ao utilizar pesos arbitrários atribuídos por tentativas em diferentes ciclos de seleção recorrente de milho pipoca na UENF.

Diferenças entre os ganhos genéticos preditos para capacidade de expansão e produção ao utilizar o índice de Mulamba & Mock também foram relatadas por Santos et al. (2007), Freitas Júnior et al. (2009) e Candido et al. (2011) em milho pipoca.

No que se refere ao índice de seleção de Smith & Hazel e Willians, verificou-se que os ganhos previstos foram idênticos para todas as características avaliadas, mostrando que os valores atribuídos não foram discrepantes o suficiente para causar mudanças nos ganhos genéticos preditos (Tabela 15).

O emprego do índice de seleção de Smith & Hazel e Willians proporcionou menores ganhos percentuais para produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem e produtividade de grãos no ponto de silagem, de 14,34 e 11,22%, respectivamente, quando comparado com o índice de Mulamba & Mock (Tabela 15). Além disso, a estimativa do ganho para a característica GMV foi negativa ao utilizar esses índices, o que não é interessante na obtenção de híbridos de milho para silagem. Desta forma, a utilização de ambos os índices não foi uma boa alternativa para a seleção de híbridos superiores.

Berilli et al. (2011) também utilizaram o índice de Smith & Hazel e obtiveram ganho de 14,26% para rendimento de grãos em um programa de seleção recorrente em milho comum. Diferenças entre ganhos genéticos preditos para rendimento de grãos também foram verificadas por Tardin et al. (2007) ao utilizar este índice no 8° e 9° ciclo de seleção recorrente recíproca em uma população de milho.

Todavia, a utilização do índice de Pesek & Baker resultou em ganhos indesejáveis para AP, AE, DM, NE e GMV com estimativas de -1,01; -1,67; -1,02; -1,74 e -2,75%, respectivamente, o que indica não ser interessante para a melhoria simultânea, por potencializar menor altura de planta, menor altura de espiga e menor diâmetro do colmo, além de proporcionar redução do número de espiga por parcela e menor percentagem de grãos na massa verde (Tabela 15).

No presente trabalho, buscou-se a melhoria simultânea de todas as variáveis avaliadas. Desta forma, ganhos negativos são indesejáveis na produção de silagem, não sendo esse índice recomendado para seleção nas condições deste trabalho.

Santos et al. (2007), ao predizerem os ganhos genéticos via índice de Pesek & Baker na população de milho-pipoca, também observaram resultados desfavoráveis de ganhos para algumas características avaliadas.

De acordo com Deminicis et al. (2009), a proporção entre biomassa e grãos é fundamental para a qualidade da silagem, e esta proporção, por sua vez, afeta diretamente a eficiência na nutrição dos animais.

O que determina o valor nutritivo do material ensilado é a qualidade do grão e da fração fibrosa (caule, folhas, sabugo e palhas) (Demarquilly, 1994; Nussio, 1991).

Os coeficientes de coincidência dos 5 melhores híbridos selecionados pelos índices Pesek & Baker, Smith & Hazel, Mulamba & Mock e Willians estão apresentados na Tabela 16.

Tabela 16- Estimativa em percentagem dos coeficientes de coincidência dos 5 híbridos selecionados, utilizado índices de seleção em híbridos de milho para silagem. Campos dos Goytacazes e Itaocara - RJ, ano agrícola de 2015/2016

	Pesek & Baker	Smith & Hazel	Mulamba e Mock	Willians
Pesek & Baker	-	40	40	40
Smith & Hazel		-	60	100
Mulamba e Mock			-	60
Willians				-

Segundo Pedrozo et al. (2009), as maiores concordâncias são obtidas quando as famílias selecionadas apresentam maior coincidência entre si.

Os coeficientes de coincidência obtidos foram considerados medianos a altos, oscilando entre 40 a 100%. Entre os coeficientes, destaca-se a coincidência de 100% entre os índices de Smith & Hazel e Willians. Os coeficientes de coincidência foram semelhantes entre os índices de Mulamba & Mock e Smith & Hazel e entre os índices de Mulamba & Mock e Willians, que apresentaram 60% de coincidência, ou seja, dos cinco híbridos selecionados, três foram semelhantes (Tabela 16).

Na Tabela 17, encontram-se o Ranking e as médias dos 5 híbridos superiores selecionados pelo índice de Mulamba & Mock. Tais híbridos selecionados serão utilizados no próximo plantio com o intuito de dar sequência à

pesquisa, a fim de obter híbridos adaptados às regiões Norte/Noroeste Fluminense.

Com base na seleção que será feita nos anos agrícolas 2015/2016 e 2016/2017, serão conduzidos os ensaios de valor e cultivo e uso (VCU), com o intuito de registrar no MAPA, híbridos de milho para silagem adaptados para o Norte/Noroeste Fluminense.

Tabela 17 - Ranking e médias de nove características, avaliadas em 5 híbridos de milho para silagem, selecionadas pelo índice de Mulamba & Mock. Campos dos Goytacazes e Itaocara, RJ, ano agrícola de 2015/2016

-		Médias das características								
Ranking	Híbrido	AP	AE	DM	NE	PECP	PESP	PG	GMV	PMV
1	UENF 2210	2,68	1,66	22,86	28,67	14.489	9.963	8.283	18,85	44.480
2	UENF506-11	2,19	1,63	24,25	35,17	13.485	9.208	7.007	17,48	40.644
3	UENF 2209	2,65	1,77	24,20	28,58	14.298	9.745	8.135	16,23	50.083
4	UENF 2202	2,49	1,63	21,64	28,33	11.671	8.969	8.417	23,89	37.231
5	UENF 2191	2,29	1,51	23,65	33,17	11.228	7.797	7.309	20,44	36.923

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹) e GMV: proporção de grãos na massa verde (%)

Nota-se que os híbridos *topcrosses* apresentaram elevada média para produtividade de grãos no ponto de silagem e produtividade de massa verde, além de proporcionar alta média para AP, AE, DM, NE, PECP, PESP e GMV.

Diante disso, é possível verificar que o índice de Mulamba & Mock foi o que proporcionou os melhores resultados para a seleção de híbridos de milho para silagem, não apenas por proporcionar ganhos satisfatórios para PG e PMV, mas também por revelar ganhos positivos para as demais características desejáveis ao melhoramento do milho para silagem no Norte e Noroeste Fluminense.

6. CONCLUSÕES

- ✓ Os resultados indicam que os híbridos topcrosses em estudo apresentaram ampla variabilidade genética, dando indicativo da possibilidade de sucesso em programas de melhoramento visando à obtenção de híbridos superiores para a produção de silagem.
- ✓ O uso do índice de seleção de Mulamba & Mock permitiu a predição de ganhos simultâneos para todas as características avaliadas durante os três anos de avaliação.
- ✓ A utilização do índice de Mulamba & Mock foi mais eficiente na predição de ganhos genéticos ao utilizar como peso econômico os pesos atribuídos por tentativas.
- ✓ Entre os quatro índices de seleção testados, o de Mulamba & Mock é o mais adequado para a seleção de híbridos de milho para produção de silagem.
- ✓ A produtividade de massa verde está mais fortemente associada com AP, AE, PECP, PESP e PG.

- ✓ Os híbridos topcrosses UENF 2202 (Tripsacoide 03), UENF 2208 (Caiano alegre L 283), UENF 2209 (Maia antigo L 284) e UENF 2210 (Fortaleza) apresentaram elevado potencial para produção de silagem na região Norte e Noroeste Fluminense.
- ✓ Entre os genótipos avaliados, há híbridos topcrosses promissores com bom desempenho agronômico.
- ✓ A seleção de híbridos topcrosses superiores possibilitará avaliação de híbridos em ensaios de valor e cultivo e uso (VCU) e, consequentemente, o registro no MAPA de híbridos destinados à produção de silagem para o Norte/ Noroeste Fluminense.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Allard, R.W. (1971) *Princípios do melhoramento genético das plantas*. 2. ed. São Paulo: Edgar Blucher, 381p.
- Alvarez, C.G.D., Pinho, R.G.V., Borges, I.D. (2006) Avaliação de características agronômicas e de produção de forragem e grãos de milho em diferentes densidades de semeadura espaçamentos entre linhas. *Ciência e agrotecnologia*, Lavras, 30(3):402-408.
- Baker, R.J. (1986) Index Selection in plant breeding. *CRC Press, Boca Raton-Florida*, 218p.
- Beleze, J.R.F., Zeoula, L.M., Cecato, U., Dian, P.H.M., Martins, E.N., Facão, A.J.
 da. S. (2003) Avaliação de cinco híbridos de milho (*Zea mays*, L.) em diferentes estádios de maturação.
 1. Produtividade, características morfológicas e correlações. *Revista Brasileira de Zootecnia*, (32)3:529-537.
- Berilli, A.P.C.G., Pereira, M.G., Gonçalves, L.S.A., da Cunha, K.S. (2011) Use of molecular markers in reciprocal recurrent selection of maize increases heterosis effects. *Genetics and Molecular Research*. 10:2589-2596.

- Berilli, A.P.C.G., Pereira, M.G., Tindade, R.S., da Costa F.R. (2013) Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35(4):435-441.
- Bespalhok Filho, J.C., Guerra, E.P., Oliveira, R. de. (1999) Introdução ao Melhoramento de Plantas. In: Bespalhok Filho, J.C., Guerra, E.P., Oliveira, R. Variedades híbridas: obtenção e predição. Disponível http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%2015.pdf. Acesso em 10/10/16.
- Borém, A. (1999) Melhoramento de plantas Cultivadas. Viçosa: UFV, 817p.
- Bull, L.T. (1993) *Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade.* Piracicaba: Potafos, 301p.
- Cabral, P.D.S., Amaral Júnior, A.T. do. Freitas, I.L. de. J., Ribeiro, R.M., Silva, T. R. da. C. (2016) Relação causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. *Revista Ciência Agronômica*, 47(1):108-117.
- Cancellier, L.L., Afférri, F.S., Carvalho, E.V. de. Dotto, M.A., Leão, F.F (2011) Eficiência no uso de nitrogênio e correlação fenotípica em populações tropicais de milho no Tocantins. *Revista Ciência Agronômica*, 42(1):139-148.
- Candido, L.S. Andrade, J.A. da. C., Garcia, F.Q., Gonçalves, L.S.A., Amaral Júnior, A.T. do. (2011) Seleção de progênies de meios-irmãos do composto Isanão VF-1 de milho na safra e safrinha. *Ciência Rural*, 41(6): 947-953.
- Canechio Filho, V. (1985) *Cultura do milho*. Campinas: Instituto Campineiro de Ensino Agrícola, 38p.
- Carpentieri-Pípolo, V., Takahashi, H.W., Endo, R.M., Petek, M.R., Seifert, A.L. (2002) Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 20(4):551-554.

- Coimbra, J.L.M., Benin, G., Vieira, E.A., Oliveira, A.C. de. Carvalho, F.I.F., Guidolin, A.F., Soares, A.P. (2005) Conseqüências da multicolinearidade sobre a análise de trilha em canola. *Ciência Rural*, 35(2):347-352.
- CONAB (2016) Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de grãos (2015/2016), v. 3, n. 12 Décimo Segundo levantamento. Brasília: 180p.
- Coors, J.G., Carter, P.R., Hunter, R.B. (1994) Silage corn. In: Hallauer, A.R. (Ed.). *Specialty corns.* Boca Raton: CRC Press, 305-340p.
- Correa, C., Shaver, R., Pereira, M., Lauer, J., Kohn, K. (2002) Relationship between corn vitreousness and ruminal in situ starch degradability. *Journal of dairy science*, 85:3008-3012.
- Costa, C., Creste, C.R. Arrigoni, M. de. B., Silveira, A.C., Rosa, G.J. de. M., Bicudo, S.J. (2000) Potencial para ensilagem, composição química e qualidade da silagem de milho com diferentes proporções de espigas. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, 22(3):835-841.
- Cunha, K.S., Pereira, M.G., Gonçalves, L.S.A., Berilli, A.P.C.G. (2012) Full-sib reciprocal recurrent selection in the maize populations Cimmyt and Piranão. *Genetics and Molecular Research*, 11:3398-3408.
- Cruz, C.D. (1990) Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. Tese (Doutorado) Piracicaba SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz ESALQ/USP, 188p.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2003) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2.ed. Viçosa: UFV, 585p.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2006) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.* 2.ed. Viçosa: UFV, 586p.

- Cruz, C.D. (2013) GENES a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*. 35(3):271-276.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., & Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos* aplicados ao melhoramento genético. Vol.2 Viçosa: UFV, 480p.
- Cruz, J.C., Ferreira, J.J., Viana, A.C., Perreira Filho, I.A. (2000) *Avaliação de cultivares de milho para a produção de silagem.* Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas MG, 4p.
- Cruz, J.C., Pereira Filho, I.A., Neto, M.M.G. (2012) *Milho para silagem*. http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONT000f.*Agência de Informação Embrapa Milho para Silagem*,7p.
- Daros, M., Amaral Júnior, A.T. do. Pereira, M.G., Santos, F.S., Scapim, C.A., Freitas Júnior, S. de. P., Daher, R.F., Ávila, M.R. (2004) Correlações entre caracteres agronômicos em dois ciclos de seleção recorrente em milhopipoca. *Ciência Rural*, 34(5):1389-1394.
- Daynard, T., Hunter, R. (1975) Relationships among whole-plant moisture, grain moisture, dry matter yield, and quality of whole-plant corn silage. *Canadian Journal of Plant Scienc*. 55:77-84.
- Demarquilly, C. (1994) Facteurs de variation de la valeur nutritive du maïs ensilage. *Production Animal*, 7(3):177-189.
- 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 agronômicas e considerações. *Revista electrónica de Veterinaria,* 10(2):1-6.
- Dias, D.C.F. dos. S. (2011) Desenvolvimento fisiológico do grão de milho. *In:* Borém, A. *Milho biofortificado*. Viçosa-MG: Sara de Almeida rios, p. 87-105.

- Duarte, I. de. A., Ferreira, J.M., Nuss, C.N. (2003) Potencial discriminatório de três testadores em "topcrosses" de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38 (3):365-372.
- Elias, H.T., Carvalho, S.P., André Moura, C.G. (2000) Comparação de testadores na avaliação de famílias s₂ de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 35(6):1135-1142.
- Falconer, D.S. (1981) Introdução à genética quantitativa. Tradução de M.A. Silva e J.C. Silva. Viçosa: UFV, Impr. Uni., 279p.
- Fancelli, A.L., Dourado Neto, D. (2000) *Produção de milho.* Ed. Guaíba: Agropecuária, 360p.
- Faria, V.R., Viana, J.M.S., Sobreira, F.M., Silva, A.C. (2008) Seleção recorrente recíproca na obtenção de híbridos interpopulacionais de milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43(12):1749-1755.
- Ferreira, E.A. (2008) Desempenho de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas de milho em top crosses, em três locais do estado de São Paulo. Dissertação (Mestre em Agricultura Tropical e Subtropical Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia) Campinas SP, Instituto Agronômico de Pós-Graduação IAC, 75p.
- Freitas Júnior, I.L., Amaral Júnior, A.T., Viana, A.P., Pena, G.P., Cabral, P.S., Vittorazzi, C., Silva, T.R.C. (2013). Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/BLUP em milho de pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 48(11):1464-1471.
- Freitas Júnior, S.P., Amaral Júnior, A.T., Rangel, R.M., Viana, A.P. (2009) Predição de ganhos genéticos na população de milho de pipoca UNB-2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. Semina: Ciências Agrárias, 30(4):803-814.

- Gabriel, A.P.C. (2006) Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos em milho (Zea mays L.) assistida por marcadores moleculares.

 Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) Campos dos Goytacazes RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro UENF, 112p.
- Garcia, J.C., Duarte, J. de. O. (2011) Produção e consumo milho. *In:* Borém, A. *Milho biofortificado*. Viçosa-MG: Sara de Almeida rios, p. 23-44.
- Gomes, M. de. S., Pinho, R.G.V., Ramalho, M.A.P., Ferreira, D.V., Brito, A.H. de. (2004) Variabilidade genética em linhagens de milho nas características relacionadas com a produtividade de silagem. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, 39(9):879-885.
- Gomes, M.S. (1999) Heterose na qualidade fisiológica de sementes de milho.

 Tese (Mestrado em produção Vegetal) Lavras MG, Universidade Federal de Lavras UFLA, 78p.
- Guimarães, L.J.M. (2011) Definição de grupos heteróticos de populações de milho por análise gráfica. Comunicado Técnico 191, Sete Lagoas MG, 7p.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B., Carena, M.J. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding*. Springer, New York, 663p.
- Hazel, L.N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28:476-490.
- Hoogerheide, E.S.S., Vencovsky, R., Farias, F.J.C., Freire, E.C., Arantes, E.M. (2007) Correlações e análise de trilha de caracteres tecnológicos e a produtividade de fibra de algodão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42(10):1401-1405.

- Li, M.S., Li, X.H., Deng, L.W., Zhang, D.G., Bai, L., Zhang, S.H. (2007)

 Comparisons of four testers in evaluating 27 cimmyt and chinese maize populations. *Maydica*, 52:173-179.
- Lopez-Cruz, M., Alvarado, G., Crossa, J., Vargas, M. (2015) *METAR: Multi Environment Trial Analysis with R.* R package. version 4.99999., 2015. Disponível em: https://github.com/MarcooLopez/METAR Acesso em: 29/09/16.
- Magalhães, P.C., Durães, F.O.M. (2002) Cultivo do milho, germinação e emergência. Comunicado Técnico 39, Ministério da Agricultura, pecuária e abastecimento, Sete lagoas MG.
- Marchezan, E., Martin, T.N., dos. Santos, F.M., CAMARGO, E.R. (2005) Análise de coeficiente de trilha para os componentes de produção em arroz. *Ciência Rural*, 35(5):1027-1033.
- Marcondes, M.M., Neumann, M., Marafon, F., Rosário, J.G. do Faria, M.V. (2012)
 Aspectos do melhoramento genético de milho para produção de silagem.

 Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada nas Ciências Agrárias, 5(2):173-192.
- Marques, M.J.B.S.G.S.M. (2000) Número mínimo de famílias de meios-irmãos de milho pipoca: critério de seleção e predição de ganhos por seleção. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Viçosa MG, Universidade Federal de Viçosa UFV, 236p.
- Melo, W.M.C., Pinho, R.G.V., Carvalho, M.L.M. de. Pinho, E.V. de. R.V. (1999)

 Avaliação de cultivares de milho para produção de silagem na região de lavras MG. *Ciência e Agrotecotecnologia*, Lavras MG, 23(1):31-39.
- Mendes, M.C., Pinho, R.G.V., Perreira, M.N., Faria Filho, E.M., Souza Filho, A.X. de. (2008) Avaliação de híbridos de milho obtidos do cruzamento entre

- linhagens com diferentes níveis de degradabilidade da matéria seca. *Bragantia*, Campinas, 67(2):285-297.
- Mendes, M.H.S. (2012) Análise dialélica de híbridos para características agronômicas e bromatológicas da forragem de milho. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Lavras MG, Universidade Federal de Lavras FLA, 67p.
- Menezes, B.R.S., Daher, R.F., Gravina, G. de. A., Amaral Júnior, A.T. do. Oliveira, A.V., Schneider, L.S.A., Silva, V.B. (2014) Correlações e análise de trilha em capim-elefante para fins energéticos. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 9 (3):465-470.
- Michalet-Doreau, B., Champion, M. (1995) Influence of maize genotype on rate of ruminal starch degradation. Annales de Zootechnie, INRA/EDP *Sciences*, 44:191-191.
- Moraes, G.J. de. Costa, C., Meirelles, P.R. de. L., Oliveira, K. de Factori, M.A., Rosales, L.A., Santos, T.A.B. dos. (2008) Produtividade e valor nutritivo das plantas de milho de textura dentada ou dura em três estádios de colheita para silagem. *Boletim de Indústria Animal*, 65(2):155-166.
- Moreira, S.O., Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R., Sudré, C.P., Amaral Júnior, A.T.
 do. Medeiros, A.M (2013) Correlações e análise de trilha sob multicolinearidade em linhas recombinadas de pimenta (*Capsicum annuum* L.). *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 8(1):5-20.
- Mulamba, N.N. & Mock, J.J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 7:40-51.
- Nussio, L.G. (1991) Cultura de milho para produção de silagem de alto valor alimentício. *In: Simpósio Sobre Nutrição de Bovinos,* 4, Piracicaba: Anais... Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", p. 59-168.

- Oliveira, E.J. de Lima, D.S. de Lucena, R.S., Motta, T.B.N., Dantas, J.L.L. (2010) Correlações genéticas e análise de trilha para número de frutos comerciais por planta em mamoeiro. Pesquisa agropecuária brasileira, 45(8):855-862.
- Oliveira, J. S. (2004) Avaliação de cultivares de milho para silagem: resultados do ano agrícola 2002/2003. Circular Técnica 78, Juiz de Fora MG.
- Oliveira, J.S. (2009) Cultivares de Milho para Silagem Resultados das safras 2003/2004, 2004/2005 e 2005/2006 nos municípios de Ijui e Lages da Região Sul do Brasil. Circular técnica 100, Juiz de Fora MG, 8p.
- Oliveira, J.P de. Chaves, L.J., Duarte, J.B., Brasil, E.M., Ribeiro, K. de. O. (2007) Qualidade física do grão em populações de milho de alta qualidade protéica e seus cruzamentos. *Pesq Agropec Trop*, Goiânia-GO, 37(4):233-241.
- Oliveira, J.S., Sobrinho, F. de. S., Pereira, R.C., Miranda, J.M. de. Banys, V.L., Ruggieri, A.C., Pereira, A.V., 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. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 2(1):62-71.
- Oliveira, J.S., Sobrinho, F. de. S., Reis, F.A., Silva, G.A. da. Rosa Filho, S.N. da. Souza, J.J.R. de. Moreira, F. da. M., Pereira, J.A., Firmino, W.G. (2007) Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho destinadas à silagem em bacias leiteiras do estado de Goiás. *Pesq Agropec Trop*, Goiânia-GO, 37(1):45-50.
- Paziani, S. de. F. (2009) Cultivares de milho para silagem. Encontro regional sobre tecnologias de produção de milho e soja. Nucleus, Edição Especial.
- Paziani, S. de. F., Duarte, A.P., Nussio, L.G., Gallo, P.B., Bittar, C.M.M., Zopollatto, M., Reco, P.C. (2009) Características agronômicas e bromatológicas de híbridos de milho para produção de silagem. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 38(3):411-417.

- Pedrozo, C.Â., Benites, F.R.G., Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V. de. Silva, F.L. da. (2009) Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia Agraria*, 10(1):31-36.
- Peres, J.R. (2001) A dureza do grão de milho pode influenciar seu aproveitamento pelo animal. http://www.milkpoint.com.br/radar tecnico/nutricao/adureza-do-grao-de-milho-pode-influenciar-seu aproveitamento-pelo-animal 15869n.aspx. Acesso em: 13/09/16.
- Pereira, J.R.A. (2016) *O mercado de silagem de milho no Brasil.* http://www.milkpoint.com.br/mypoint/253066/p_o_mercado_de_silagem_de_milho_no_brasil_cadeia_produtiva_graos_milho_silagem_mercado_5217.as px. Acesso em 10/10/16.
- Pereira, M.N. (2013) Milho e a silagem. Revista Balde Branco, 585:36-38.
- Pereira, M.N., Von Pinho, R.G., Bruno, R.G. da. S., Calestine, G.A (2004) Ruminal degradability of hard or soft texture corn grain at three maturity stages. *Scientia Agricola*, 61(4):358-363.
- Pešek, J., Baker, R.J (1969) Desired improvement in relation to selection indices. *Canadian Journal of Plant Science*, 49:803-804.
- Philippeau, C., Le Deschault de Moredon F., Michalet-Doreau, B. (1999)
 Relationship between ruminal starch degradation and the physical characteristics of corn grain. *Journal Animal Science*, 77(1):238-243.
- Philippeau, C., Michalet-Doreau, B. (1998) Influence of genotype and ensiling of corn grain on in situ degradation of starch in the rumen. *Journal of dairy science*, 81:2178-2184.
- Pinto, R.J.B. (2009) *Introdução ao melhoramento genético de plantas.* Maringá: EDUEM, 351p.

- Pioneer (2013) http://www.pioneersementes.com.br/milho/silagem/pages/escolha. Acesso em: 13/09/16.
- Ramalho, M.A.P., Ferreira, D.F., Oliveira, A.C.D (2012) *Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas*. Lavras: Editora UFLA, 305p.
- Rangel, R.M., Amaral Júnior, A.T. do., Gonçalves, L.S., Freitas Júnior, S. de. P., Candido, L.S. (2011) Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Revista Ciência Agronômica*, 42(2):473-481.
- Reichardt, K. (1993) *Controle da irrigação do milho.* Campinas: Fundação Cargill, 20p.
- Rezende, J.L. de. A. (2013) Milho e a silagem. Revista Balde Branco, 585:36-38.
- Rigon, J.P.G., Cherubin, M.R., Capuani, S., Battisti, R., Arnuti, F., Wastowski, A. D., Rosa, G.M. da. (2010) Avaliação e Correlação de Componentes de Rendimento em Cultivares de Milho na Região das Missões do Rio Grande do Sul. *XXVIII Congresso Nacional de Milho e Sorgo*, Goiânia: Associação Brasileira de Milho e Sorgo. CD-Rom.
- Rosa, J.R.P., Silva, J.H.S. da Restle, J., Pascoal, L.L., Brondani, I.L., Alves Filho, D.C., Freitas, A.k. de. (2004) Avaliação do comportamento agronômico da planta e valor nutritivo da silagem de diferentes híbridos de milho (*Zea mays, L.*). *Revista Brasileira de Zootecnia*, 33(2):302-312.
- Rodovalho, M. de. A., Scapim, C.A., Pinto, R.J.B., Barreto, R.R., Ferreira, F.R.A., Clóvis, L.R. (2012) Comparação de testadores em famílias S₂ obtidas do híbrido simples de milho-pipoca IAC-112. *Biosci. J.*, 28(2):145-154.
- Santos, I.C. dos., Miranda, G.V., Melo, A.V. de. Mattos, R.N., Oliveira, L.R., Lima, J. da. S., Galvão, J.C.C. (2005) Comportamento de cultivares de milho

- produzidos organicamente e correlações entre características das espigas colhidas no estádio verde. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 4(1):45-53.
- Santos, F.S., Amaral Júnior, A.T. do. Freitas Júnior, S. de. P., Rangel, R.M., Pereira, M.G (2007) Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. *Bragantia*, 66(3):389-396.
- Santos, F.S., Amaral Júnior, A.T., Freitas Júnior, S.P., Rangel, R.M., Scapim, C.A. (2008) Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcornpopulation. *Acta Scientiarum*, 30:651-65.
- Santos, P.G., Juliatti, F.C., Buiatti, A.L., Hamawaki, O.T. (2002) Avaliação do desempenho agronômico de híbridos de milho em Uberlândia, MG. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 37(5):597-602.
- Santos, R.D. dos. Pereira, L.G.R., Neves, A.L.A., Azevêdo, J.A.G., Moraes, S.A. de. Costa, C.T.F. (2010) Características agronômicas de variedades de milho para produção de silagem. Acta Scientiarum. Animal Sciences, 32(4):367-373.
- SAS INSTITUTE INC, SAS, 9.4. Cary-NC, USA: SAS Institute, 2013.
- Scapim, C.A., Carvalho, C.G.P. de. Cruz, C.D. (1995) Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 30(5):683-686.
- Scott, A. J., Knott, M.A (1974) cluster analysis method for grouping means in the analyses of variance. *Biometrics*, Arlington, TX, 30:507-512.
- Silva, A.J. (2015) Mulamba and Mock (1978) in SAS (Version 2.0). Jaboticabal, SP, Brazil.

- Silva, S.A., Carvalho, F.I.F. de. Nedel, J.L., Cruz, P.J., Silva, J.A.G da. Caetano,
 V. da. R., Hartwig, I., Sousa, C. da. S. (2005) Análise de trilha para os componentes de rendimento de grãos em trigo. *Bragantia*, 64(2):191-196.
- Smith, H.F.A. (1936). Discriminant function for plant selection. *Annal sof Eugenics*, 7:240-250.
- Souza, A.R.R., Miranda, G.V., Pereira, M.G., Ferreira, P.L. (2008) Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. *Revista Caatinga*, 21(4):183-190.
- Tardin, F.D., Pereira, M.G., Gabriel, A.P.C., Amaral Júnior, A.T. do. Souza Filho, G.A. de. (2007). Selection index and molecular markers in reciprocal recurrent selection in maize. Crop Breeding and Applied Biotechnology 7:225-233.
- Ticiani, E., Lesso, A.C., Oliveira, D., E. de. (2011) Milho para silagem: Como fazer a escolha do cultivar. 59 ed. SB Rural, 4p.
- Tollenaar, M., Wu, J. (1999) Yield improvement in temperate maize is attributable to greater stress tolerance. *Crop Science*, 39:1597-1604.
- Vettorazi, J.C.F. (2016) Seleção recorrente recíproca em milho (Zea Mays L.) monitorada por marcadores SSR–EST's associados a produtividade.

 Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Campos dos Goytacazes RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense UENF, 90p.
- Vieira, E.A., Carvalho, F.I.F. de. Oliveira, A.C. de. Martins, L.F., Benin, G., Silva, J. A.G. da. Coimbra, J. Martins, A.F., Carvalho, M.F. de. Ribeiro, G. (2007)
 Análise de trilha entre os componentes primários e secundários do rendimento de grãos em trigo. Revista Brasileira de Agrociência, 13(2):169-174.

Villela, T.E.A. (2001) Época de semeadura e de corte de plantas de milho para silagem. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Lavras - MG, Universidade Federal de Lavras - FLA, 86p.

Willians, J.S. (1962) The evaluation of a selection index. *Biometrics*, 18:375-393.

APÊNDICES

Tabela 16- Resumo da análise individual de oito características avaliadas em híbridos de milho para silagem. Campos dos Goytacazes, RJ, no ano Agrícola 2013/2014

		Quadrados médios									
FV	GL	AP	AE	DM	PECP	PESP	PG	GMV	PMV		
Blocos	3	0,049	0,024	8,769	10109930,31	4301623,13	2912520,93	11,861	16276743,67		
Tratamentos	23	0,023**	0,080**	6,093*	12607089,07 ^{ns}	6052565,32 ^{ns}	3761394,51 ^{ns}	22,601**	134435701,21**		
Resíduo	69	0,011	0,010	2,979	7668456,83	4293201,31	2788151,61	4,397	53500301,36		
Média	-	2,06	1,28	20,55	12.899	9.411	6.815	20,36	33.746		
CV _e (%)	-	5,32	7,96	8,40	21,27	22,02	24,50	10,30	21,67		

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); GMV: proporção de grãos na massa verde (%) e PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹); ns: Não Significativo pelo teste F; **: Significativo (P<0,01) pelo teste F; *: Significativo (P<0,05) pelo teste F, CV_e: coeficiente de variação experimental

Tabela 17- Resumo da análise individual de oito características avaliadas em híbridos de milho para silagem. Itaocara, RJ, no ano agrícola 2013/2014

		Quadrados médios									
FV	GL	AP	AE	DM	PECP	PESP	PG	GMV	PMV		
Blocos	3	0,252	0,185	5,811	5296765,31	2011919,70	1741397,12	2,636	44778825,17		
Tratamentos	23	0,058**	0,069**	12,011**	6180778,41 ^{ns}	3752111,58 ^{ns}	2396886,01 ^{ns}	20,609**	70589596,34**		
Resíduo	69	0,013	0,011	2,795	4336433,98	2336917,71	1455193,49	4,383	30809381,92		
Média	-	1,98	1,25	24,45	10.616	8.047	5.782	19,53	29.803		
CV _e (%)	-	5,79	8,63	6,84	19,61	18,99	20,86	10,72	18,62		

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); GMV: proporção de grãos na massa verde (%) e PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹); ns: Não Significativo pelo teste F; **: Significativo (P<0,01) pelo teste F; *: Significativo (P<0,05) pelo teste F, CV_e: coeficiente de variação experimental

Tabela 18 - Resumo da análise individual de oito características avaliadas em híbridos de milho para silagem. Campos dos Goytacazes, RJ, no ano agrícola 2014/2015

		Quadrados médios								
FV	GL	AP	AE	DM	PECP	PESP	PG	GMV	PMV	
Blocos	4	0,266	0,087	11,468	32554798,65	26563590,96	15424826,88	67,051	298235012,95	
Tratamentos	23	0,104**	0,129**	7,092*	16602895,66**	8266248,06*	6226420,24**	18,852*	165828766,60**	
Resíduo	92	0,022	0,022	3,868	7069526,98	4309190,33	3019998,90	10,706	58855168,46	
Média	-	2,43	1,51	24,46	14.731	10.290	8.282	17,42	48.232	
CV _e (%)	-	6,15	9,99	8,04	18,05	20,17	20,98	18,79	15,91	

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); GMV: proporção de grãos na massa verde (%) e PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹); ns: Não Significativo pelo teste F; **: Significativo (P<0,01) pelo teste F; *: Significativo (P<0,05) pelo teste F, CV_e: coeficiente de variação experimental

Tabela 19- Resumo da análise individual de oito características avaliadas em híbridos de milho para silagem. Itaocara, RJ, no ano agrícola 2014/2015

			Quadrados médios									
FV	GL	AP	AE	DM	PECP	PESP	PG	GMV	PMV			
Blocos	4	0,167	0,222	5,670	8596755,44	5585339,44	2031316,40	9,813	89963614,65			
Tratamentos	23	0,158**	0,146**	9,903**	17309922,68**	11328427,80**	8220810,94**	26,726**	167634749,31**			
Resíduo	92	0,020	0,009	3,159	4583401,49	2556936,92	3453343,02	11,892	36773356,57			
Média	-	2,70	1,83	27,88	13.310	9.490	8.687	17,61	49.744			
CV _e (%)	-	5,27	5,27	6,38	16,08	16,85	21,39	19,58	12,19			

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); NE: número total de espigas colhidas; PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); GMV: proporção de grãos na massa verde (%) e PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹); ns: Não Significativo pelo teste F; **: Significativo (P<0,01) pelo teste F; *: Significativo (P<0,05) pelo teste F, CV_e: coeficiente de variação experimental

Tabela 20- Resumo da análise individual de nove características avaliadas em híbridos de milho para silagem. Campos dos Goytacazes, RJ, no ano agrícola 2015/2016

FV	GL	Quadrados médios										
		AP	AE	DM	NE	PECP	PESP	PG	GMV	PMV		
Bloco	5	0,178	0,054	11,879	32,393	10295366,15	5029598,90	3059194,14	22,377	33151364,07		
Tratamentos	14	0,415**	0,239**	18,584**	160,119**	38329844,77**	23826237,28**	21928194,13**	74,807**	437227731,84**		
Resíduo	70	0,011	0,007	2,278	17,126	4719699,01	2344675,08	2573511,07	13,643	25431630,39		
Média		2,24	1,48	22,73	30,83	13.140	8.358	6.656	16,57	40.123		
CV _e (%)		4,86	5,77	6,64	13,42	16,53	18,32	24,10	22,29	12,57		

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); NE: número total de espigas colhidas; PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); GMV: proporção de grãos na massa verde (%) e PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹); ns: Não Significativo pelo teste F; **: Significativo (P<0,01) pelo teste F; *: Significativo (P<0,05) pelo teste F, CV_e: coeficiente de variação experimental

Tabela 21- Resumo da análise individual de nove características avaliadas em híbridos de milho para silagem. Itaocara, RJ, no ano agrícola 2015/2016

			Quadrados médios										
FV	GL	AP	AE	DM	NE	PECP	PESP	PG	GMV	PMV			
Bloco	5	0,076	0,009	19,709	56,071	15113488,22	5219882,20	9290575,02	76,457	403265929,88			
Tratamentos	14	0,475**	0,305**	14,569**	96,773**	26661915,01**	20469162,67**	28415589,78**	222,11**	314183744,44**			
Resíduo	70	0,017	0,009	5,440	20,447	2870338,52	1947123,46	2941587,35	25,560	26457792,88			
Média		2,40	1,59	22,68	26,49	9.738	7.059	5.809	17,35	33.945			
CV _e (%)		5,46	6,23	10,28	17,07	17,40	19,76	29,52	29,14	15,15			

AP: altura de plantas (m); AE: altura de espiga (m); DM: diâmetro de colmo (mm); NE: número total de espigas colhidas; PECP: produtividade de espiga com palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PESP: produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem (kg ha⁻¹); PG: produtividade de grãos no ponto de silagem (kg ha⁻¹); GMV: proporção de grãos na massa verde (%) e PMV: produtividade de massa verde (kg ha⁻¹); ns: Não Significativo pelo teste F; **: Significativo (P<0,01) pelo teste F; *: Significativo (P<0,05) pelo teste F, CV_e: coeficiente de variação experimental