

VRF e %NDT da forragem de híbridos *topcrosses* de milho em dois espaçamentos

André Gabriel⁽¹⁾; Diego Fernando De Marck⁽²⁾; Carlos Augusto da Silva⁽²⁾; Mikael Neumann⁽³⁾; Marcelo Cruz Mendes⁽⁴⁾; Marcos Ventura Faria⁽⁴⁾

⁽¹⁾ Doutorando em Produção Vegetal; Universidade Estadual do Centro Oeste; Guarapuava; Paraná; E-mail: andre.gb85@hotmail.com; ⁽²⁾ Mestrando em Produção Vegetal; Universidade Estadual do Centro Oeste; ⁽³⁾ Professor Titular Departamento de Medicina Veterinária; Universidade Estadual do Centro Oeste; ⁽⁴⁾ Professor Associado Departamento de Agronomia; Universidade Estadual do Centro Oeste.

RESUMO: O método de *topcross* permite a avaliação de um grande número de linhagens parcialmente endogâmicas a partir de combinações com testadores. Neste contexto, o presente trabalho teve por objetivo avaliar o desempenho do bromatológico da forragem de híbridos *topcrosses* como forma de inferir sobre o mérito relativo de linhagens S₃ de milho em combinação com o testador, em Guarapuava-PR. Foram conduzidos dois experimentos variando o espaçamento entre linhas (0,4 e 0,7m) avaliados no delineamento blocos ao acaso. A população final foi de 70.000 plantas ha⁻¹ em ambos os experimentos. Foram avaliados 31 tratamentos: 25 híbridos *topcrosses* de linhagem S₃ cruzadas com testador (híbrido simples DKB245) e mais seis híbridos comerciais utilizados como testemunhas. Foram avaliados o Valor Relativo de Forragem (VRF), e Nutrientes Digestíveis totais (%NDT) da forragem no ponto de ensilagem de plantas inteiras de milho colhidas no ponto ¾ da linha do leite. O HTC103-15 se destacou frente aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas quanto ao VRF e %NDT em ambos os espaçamentos entre linhas. Não ocorreram diferenças significativas entre os espaçamentos entre linhas para os valores de VRF e %NDT.

Termos de indexação: *Zea mays*; digestibilidade de forragem; melhoramento de milho forrageiro

INTRODUÇÃO

A escolha de híbridos adequados para silagem é fundamental para que o produtor obtenha altas produtividades no desenvolvimento da atividade pecuária. Neste contexto, o melhoramento genético de milho é fundamental para o fornecimento de novos híbridos que apresentem alta produtividade de massa verde e massa seca da forragem, associado à digestibilidade e qualidade bromatológica de silagem.

A utilização de híbridos comerciais para extração de linhagens de segundo ciclo é uma estratégia que vem sendo utilizada com frequência nos programas de melhoramento de milho no Brasil (OLIBONI et al., 2013; GRALAK et al., 2014; FARIA et al., 2015; MARCONDES et al., 2015a; MARCONDES et al., 2015b; GRALAK et al., 2015; SOUZA NETO et al., 2015) e em outros países (TROYER, 1999). No entanto, a avaliação da capacidade combinatória de linhagens em dialelos tem como fator limitante o número de linhagens a serem cruzadas e o número de combinações híbridas a serem avaliadas. Para reduzir essa limitação, os melhoristas optam pelo método de *topcross* (ANDRADE, 1995).

O método *topcross* proposto por Davis (1927) permite a identificação precoce das linhagens superiores, já nas primeiras gerações de autofecundações, de forma que as linhagens que apresentarem as melhores capacidades de combinação com o testador serão selecionadas para continuar no programa de melhoramento.

O objetivo deste trabalho foi avaliar o mérito relativo de linhagens S₃ de milho, cruzadas com um testador (o híbrido simples DKB245) quanto ao valor relativo (VRF) e a porcentagem de nutrientes digestíveis totais (%NDT) da forragem no ponto de ensilagem, em dois espaçamentos entre linhas em Guarapuava-PR.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no campo experimental do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro-Oeste, no *campus* CEDETEG, em Guarapuava-PR.

Foram realizados dois experimentos simultâneos e em área contígua variando quanto ao espaçamento entre as linhas de semeadura (0,4m e 0,7m). Em ambos os experimentos foram avaliados 31 tratamentos, sendo 25 híbridos *topcrosses*, obtidos a partir do cruzamento de linhagens S₃ (originadas do híbrido AS1572) com o híbrido

simples DKB245 (testador), mais seis híbridos comerciais utilizados como testemunhas (P30F53 H, P30B39 H, DKB315 PRO, DKB245 PRO2, SG6030 PRO, AS1572). O delineamento experimental foi de blocos com os tratamentos ao acaso, com três repetições.

Os experimentos foram semeados em 18/10/2013, em sistema de plantio direto. Cada parcela foi constituída de uma linha com 5m de comprimento. O estande de plantas foi ajustado para a população de 70.000 plantas por hectare para ambos os espaçamentos entre linhas.

No ponto de ensilagem (75% da linha de leite nos grãos) foi feito o corte das plantas de cada parcela a 0,2 m do solo. Em seguida, seis plantas de cada parcela foram picadas em triturador estacionário, com tamanho médio de partículas de 2 cm.

O material picado de cada parcela foi homogeneizado, em seguida uma amostra de 0,3 kg foi levada para secagem em estufa de circulação forçada de ar a 55 °C até obtenção de peso constante. Posteriormente, cada amostra seca foi moída em moinho estacionário tipo Willey, com peneira de 1 mm de malha.

No laboratório de Análises de Alimentos e Nutrição de Ruminantes da UNICENTRO foram determinados os teores fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) na matéria seca, em solução de detergente neutro e detergente ácido, de acordo com Van Soest et al. (1991). Foram utilizados 0,5 mL de α amilase termoestável para cada amostra na determinação do FDN.

O Valor Relativo da Forragem (VRF) foi obtido pelo estimador VRS = $(DMS \cdot CMSP) / 1,29$, conforme Bolsen (1996), em que: DMS (% digestibilidade estimada da MS). $DMS = 88,9 - (0,779 \cdot FDA)$; CMSP (%PV): consumo de MS em função do peso vivo. $CMSP = 120 / FDN$, conforme Mertens (1994).

A porcentagem de nutrientes digestíveis totais da forragem (%NDT), obtido por $\%NDT = 87,84 - (0,70 \cdot x \cdot FDA)$.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas por Scott Knott a 5% de probabilidade. As análises foram feitas utilizando-se o programa estatístico GENES (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os quadrados médios foram significativos pelo teste de F a 5% de probabilidade para as fontes de variação genótipos e a interação genótipos x ambientes, evidenciando a variabilidade genética entre os híbridos *topcrosses* (HTC) e as respectivas linhagens S_3 e o comportamento diferenciado destes com relação ao espaçamento entre linhas. No entanto, vale ressaltar que o espaçamento entre

linhas não foi significativo pelo teste de F a 5% de probabilidade para o VRF e %NDT (Tabela 1).

Os valores médios de VRF e %NDT nos espaçamentos entre linhas de 0,4m e 0,7m estão descritos na Tabela 2.

No espaçamento 0,4m entre linhas ocorreu a formação de 4 grupos distintos de genótipos para o VRF, as médias oscilaram de 93,75 (HTC103-08) a 127,76 (HTC103-15) (Tabela 2).

Os híbridos *topcrosses* HTC103-22 (123,24) e HTC103-15 (127,76) se destacaram frente aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas e foram agrupados com as maiores médias no primeiro grupo para o VRF no espaçamento 0,4m (Tabela 2).

No espaçamento 0,7m as médias para o VRF oscilaram de 92,53 (HTC103-17) a 125,38 (DKB315 PRO), e ocorreu a formação de três grupos distintos de genótipos (Tabela 2).

Foram agrupados 12 híbridos *topcrosses* no primeiro grupo de genótipos e não diferiram dos híbridos testemunhas DKB245 PRO2 (117,90), SG6030 PRO (118,82) e DKB315 PRO (125,38) (Tabela 2).

As médias do %NDT no espaçamento 0,4m oscilaram de 62,98% (HTC103-08) a 69,36% (HTC103-15), e ocorreu a formação de dois grupos distintos de genótipos (Tabela 2).

No primeiro grupo foram alocados 16 híbridos *topcrosses*, que não diferiram das testemunhas DKB245 PRO2 (66,77%), DKB315 PRO (67,00%), P30F53 H (67,09%) e SG6030 PRO (68,92%) e foram superior aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas (Tabela 2).

No espaçamento 0,7m entre linhas as médias de %NDT oscilaram de 63,27% (HTC103-17) a 68,58% (DKB315 PRO) e formou dois grupos distintos de genótipos (Tabela 2).

No primeiro grupo foram alocados 16 híbridos *topcrosses* e não diferiram das testemunhas AS1572 (66,23%), DKB245 PRO (66,56%), SG6030 PRO (67,32%) e DKB315 PRO (68,58%) (Tabela 2).

O HTC103-15 destacou-se aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas por estar agrupado sempre no primeiro grupo de genótipos para os VRF e %NDT em ambos os espaçamentos entre linhas avaliado neste experimento. Entretanto deve-se ressaltar que a seleção genótipos de híbridos de milho forrageiro tem que levar em consideração as demais características bromatológicas e produtividade de massa seca da forragem por hectare.

Assim, pode-se inferir que é viável extrair linhagens a partir de híbridos simples, para obtenção genótipos superiores, já que estes apresentam muitas características de interesse agrônomo já fixadas.

CONCLUSÕES

O HTC103-15 se destacou frente aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas quanto ao VRF e %NDT, em ambos os espaçamentos entre linhas, indicando o potencial forrageiro da linhagem S₃ do respectivo *topcross*.

O espaçamento entre linhas não diferiu na média geral para o VRF e %NDT da forragem de híbridos *topcrosses*, e verificou-se a interação genótipos x ambientes.

AGRADECIMENTOS

A Fundação Araucária, Capes e CNPq.

REFERÊNCIAS

- ANDRADE, J.A.C. **Dialélico parcial circulante interpopulacional em milho (*Zea mays* L.)**. 1995. 134 f. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1995.
- BOLSEN, K.K. Silage technology. In: AUSTRALIAN MAIZE CONFERENCE, 2., 1996, Queensland. **Anais...** Queensland: Gatton College, 1996. p.1-30.
- CRUZ, C.D. Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. **Puerto Rico Agr. Exp. Sta. Ann. Rpt.**, p.14-15, 1927.
- FARIA, M.V.F.; MENDES, M.C.; ROSSI, E.S.; POSSATTO JUNIOR, O.; RIZZARDI, D.A.; GRALAK, E.; SILVA, C.A.; FARIA, C.M.D.R. Análise dialélica da produtividade e do progresso da severidade de doenças foliares em híbridos de milho em duas densidades populacionais. **Semina Ciências Agrárias**, Londrina, v.36, n.1, p.123-134, 2015.
- GRALAK, E.; FARIA, M.V.; POSSATTO JUNIOR, O.; ROSSI, E.S.; SILVA, C.A.; RIZZARDI, D.A.; MENDES, M.C.; NEUMANN, M. Capacidade combinatória de híbridos de milho para caracteres agrônomicos e bromatológicos da silagem. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete lagoas, v.13, n.2, p.187-200, 2014.
- GRALAK, E.; FARIA, M.V.; ROSSI, E.S.; POSSATTO JUNIOR, O.; GABRIEL, A.; MENDES, M.C.; SCAPIM, C.A.; NEUMANN, M. Capacidade combinatória de híbridos de milho para produção de grãos e severidade de doenças foliares em dialelo circulante. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete lagoas, v.14, n.1, p.116-129, 2015.
- MARCONDES, M.M.; FARIA, M.V.; MENDES, M.C.; OLIVEIRA, B.R.; SANTOS, J.F.; MATCHULA, P.H.; WALTER, A.L.B. Desempenho agrônomico de linhagens S₄ de milho em cruzamentos *topcrosses*. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo, Sete Lagoas**, v.14, n.1, p.145-154, 2015a.
- MARCONDES, M.M.; FARIA, M.V.; NEUMANN, M.; MARCONDES, M.M.; SILVA, C.A.; VASCOSKI, V.; RIZZARDI, D.A. Desempenho agrônomico e forrageiro de linhagens S₄ de milho em *topcrosses* com híbrido simples. **Semina Ciências Agrárias**, Londrina, v.36, n. 4, p.2395-2406, 2015b.
- MERTENS, D.R. Regulation of forage intake. In: FAHEY JR., G.C. (Ed.). **Forage quality, evaluation and utilization**. Winsconsin: American Society of Agronomy. p.450-493, 1994.
- OLIBONI, R.; FARIA, M.V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J.T.V.; BATTISTELLI, G.M.; TEGONI, R.G.; OLIBONI D.F. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. **Semina**, Londrina, v.34, n.1, p.7-18, 2013.
- SOUZA NETO, I.L.; PINTO, R.J.B.; SCAPIM, C.A.; JOBIM, C.C.; FIGUEIREDO, A.S.T.; BIGNOTTO, L.S. Análise dialélica e depressão endogâmica de híbridos forrageiros de milho para características agrônomicas e de qualidade bromatológica. **Bragantia**, Campinas, v.74, n.1, p.42-49, 2015.
- VAN SOEST, P.J.; ROBERTSON, J.B.; LEWIS, B.A. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition. **Journal of Dairy Science**. Champaign, v.74, n.10, p. 3583- 3597, 1991.

Tabela 1. Resumo da análise de variância conjunta do valor relativo da forragem (VRF) e nutrientes digestíveis totais (%NDT) na % da massa seca, referentes a 25 híbridos *topcrosses* de milho e seis testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14, em Guarapuava-PR.

Fonte de variação	GL	Quadrado Médio	
		VRF	%NDT
Bloco/Espaçamento	2	73,7384	1,6119
Genótipo (G)	30	132,5003*	5,2192*
Espaçamento (E)	1	155,5904	0,5542
G X E	30	94,4733*	4,2356*
Erro médio	60	20,9712	1,2139
Média Geral		109,53	66,31
CV (%)		4,18	1,66

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 2. Valores médios do valor relativo da forragem (VRF) e porcentagem de nutrientes digestíveis totais (%NDT) na massa seca, de 25 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e 0,7m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR.

Topcross	VRF		%NDT	
	Espaçamento entre linhas			
	0,4 m	0,7 m	0,4 m	0,7 m
HTC103-01	105,79 c	105,17 b	67,90 a	66,20 a
HTC103-02	110,02 b	113,92 a	65,53 b	67,36 a
HTC103-03	106,38 c B	122,80 a A	66,65 a	67,60 a
HTC103-04	110,43 b B	124,38 a A	66,79 a	67,92 a
HTC103-05	112,46 b	107,49 b	66,99 a	65,60 b
HTC103-06	104,14 c B	117,71 a A	64,53 b B	67,17 a A
HTC103-07	98,32 d B	111,92 a A	64,76 b	66,27 a
HTC103-08	93,75 d B	106,80 b A	62,98 b	65,03 b
HTC103-09	116,69 b	111,35 a	68,30 a	68,27 a
HTC103-10	97,50 d B	116,82 a A	63,37 b B	67,08 a A
HTC103-11	95,33 d	98,24 c	64,42 b	64,79 b
HTC103-12	108,07 b	107,51 b	66,40 a	66,18 a
HTC103-13	102,66 c B	113,15 a A	64,65 b	66,46 a
HTC103-14	111,12 b	109,88 b	66,84 a	67,43 a
HTC103-15	127,75 a A	117,82 a B	69,36 a A	67,04 a B
HTC103-16	110,75 b A	98,43 c B	66,31 a	64,49 b
HTC103-17	108,07 b A	92,53 c B	68,26 a A	63,27 b B
HTC103-18	105,60 c	114,26 a	66,66 a	68,42 a
HTC103-19	108,73 b	117,11 a	65,53 b	67,62 a
HTC103-20	115,92 b	113,08 a	68,22 a A	64,34 b B
HTC103-21	108,56 b	101,34 c	66,16 a	64,11 b
HTC103-22	123,23 a A	103,05 b B	67,85 a A	65,02 b B
HTC103-23	107,81 b	106,46 b	66,93 a	67,92 a
HTC103-24	110,68 b	109,71 b	66,60 a	66,90 a
HTC103-25	106,22 c	105,54 b	63,17 b B	65,59 b A
Testemunhas				
DKB245 PRO2 (T)	111,07 b	117,90 a	66,77 a	66,56 a
P30F53 H	110,75 b	105,99 b	67,95 a	65,84 b
P30B39 H	103,59 c	105,23 b	64,53 b	65,32 b
AS1572 (G)	102,02 c	110,53 b	64,32 b	66,23 a
DKB315 PRO	113,05 b B	125,38 a A	67,00 a	68,58 a
SG6030 PRO	114,39 b	118,81 a	68,92 a	67,32 a
Média Geral	108,41	110,65	66,25	66,38



(HTC) Híbrido *topcross*, (T) = Testador, (G) = Genitor. *Médias seguidas da mesma letra minúscula na coluna e letra maiúscula na linha pertencem a um mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.