UNIVERSIDADE ESTADUAL DO CENTRO-OESTE, UNICENTRO-PR

CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E BROMATOLÓGICA DA FORRAGEM DE *TOPCROSSES* DE LINHAGENS S_3 DE MILHO EM DIFERENTES ESPAÇAMENTOS

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

ANDRÉ GABRIEL

GUARAPUAVA-PR

2015

ANDRÉ GABRIEL

CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E BROMATOLÓGICA DA FORRAGEM DE *TOPCROSSES* DE LINHAGENS S_3 DE MILHO EM DIFERENTES ESPAÇAMENTOS

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Centro-Oeste, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. Marcos Ventura Faria

Orientador

Prof. Dr. Marcelo Cruz Mendes

Coorientador

GUARAPUAVA-PR

2015

ANDRÉ GABRIEL

CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E BROMATOLÓGICA DA FORRAGEM DE *TOPCROSSES* DE LINHAGENS S_3 DE MILHO EM DIFERENTES ESPAÇAMENTOS

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Centro-Oeste, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Mestre.

Prof[a] Dr[a] Sandra Galbeiro - UEL

Prof. Dr. Mikael Neumann - UNICENTRO

Prof. Dr. Marcelo Cruz Mendes - UNICENTRO

Coorientador

Prof. Dr. Marcos Ventura Faria - UNICENTRO

Orientador

GUARAPUAVA-PR

2015

Catalogação na Publicação
Biblioteca Central da Unicentro, Campus Cedeteg

Gabriel, André
G118c Caracterização agronômica e bromatológica da forragem de topcrosses de linhagens S3 de milho em diferentes espaçamentos / André Gabriel. – – Guarapuava, 2015
xi, 77 f. : il. ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual do Centro-Oeste, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, 2015

Orientador: Marcos Ventura Faria
Coorientador: Marcelo Cruz Mendes
Banca examinadora: Sandra Galbeiro, Mikael Neumann

Bibliografia

1. Agronomia. 2. Produção vegetal. 3. Produtividade de forragem. 4. *Topcross*. 5. *Zea mays*. I. Título. II. Programa de Pós-Graduação em Agronomia.

CDD 633.17

André Gabriel

CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E BROMATOLÓGICAS DA FORRAGEM DE TOPCROSSES DE LINHAGENS S_3 DE MILHO EM DIFERENTES ESPAÇAMENTOS

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Centro-Oeste, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Mestre.

Aprovada em 31 de julho de 2015.

Prof. Dr. Marcos Ventura Faria
(UNICENTRO)

Prof. Dr. Mikael Neumann
(UNICENTRO)

Profª. Drª. Sandra Galbeiro
(UEL)

Prof. Dr. Marcelo Cruz Mendes
(UNICENTRO)

GUARAPUAVA-PR
2015

Aos meus pais Wilson e Rosmeri

Ao Grupo do Milho

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus por me conceder inteligência, sabedoria perseverança nos momentos difíceis.

Aos meus pais e minha família pelo apoio em todas as etapas da minha vida.

À Universidade Estadual do Centro-Oeste pela oportunidade concedida.

À CAPES pela concessão da Bolsa de Estudos e viabilizar o projeto.

Ao professor Dr. Marcos Ventura Faria pelos ensinamentos, amizade, confiança e exemplo de profissionalismo, pela orientação durante os anos de graduação e mestrado.

Ao professor Dr. Marcelo Cruz Mendes pela amizade, ensinamentos e inúmeras contribuições nos últimos anos.

Ao professor Dr. Mikael Neumann por ceder o laboratório para realização das análises bromatológicas.

Ao professor Clóves C. Jobim, do departamento de Zootecnia da UEM, por ceder o laboratório para realização das análises de digestibilidade da forragem.

Aos professores da Universidade Estadual do Centro Oeste por todos os ensinamentos adquiridos e aos funcionários pela amizade.

Agradecer a minha irmã Fernanda e ao meu cunhado Fernando pelo exemplo de amizade e apoio durante o mestrado.

Aos colegas do grupo do milho Evandrei S. Rossi, Omar P. Junior, Diego A. Rizzardi, Carlos A. da Silva, Victor L. Vaskoski, Emanuel Gava, Murilo V. Del Conte, Welton L. Zaluski, Jonatan M. Andrade, João P. da Silva, Alessandro Zuanazzi, Reginaldo Calixto, Tcharles N. Klock, André C. Dranca, Thomas Basso, Larissa K. Cescon, Cecília A. Spada, Mariana M. Marcondes, Greice D. R. G. Redivo, Diego F. D. Marck, José A. Baqueti e que foram essenciais para a realização deste trabalho. Também pela amizade e inúmeros momentos de divertimento proporcionados.

Aos colegas do mestrado André R. Zeist, Luis Granados, Vanessa Moreira, Julio Nonato, Elizandro R. Kluge, Marcelo Vicensi e demais colegas pela amizade e carinho durante o mestrado. Agradecer ao Eduardo R. Thomaz, como grande amigo e companheiro de todas as horas.

Aos colegas de outros cursos da Unicentro, Veronica Olmos, Angela C. Magatão, Camila K. Andrade e principalmente a Jucimara K. Andrade, pelo carinho e atenção. Enfim, a todos que participaram de forma direta e indireta para que este trabalho pudesse ser realizado e concluído.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS ..... **ii**

LISTA DE FIGURAS ..... **iv**

RESUMO ..... **iv**

1. INTRODUÇÃO **1**

2. OBJETIVOS **3**
2.1 Geral 3
2.2 Específicos 3

3. REFERENCIAL TEÓRICO **4**
3.1. Importância da cultura do milho 4
3.2 Caracterização de híbridos de milho para produção de grãos e de forragem 5
3.3 Modelo *Topcross* 6
3.4 Manejo do milho forrageiro 8
3.5 Características bromatológicas do milho destinado à forragem 10
3.6 Espaçamento entre linhas na cultura do milho 11

4. MATERIAL E MÉTODOS **15**
4.1 Local de condução dos experimentos 15
4.2. Material genético 15
4.3 Implantação e condução dos experimentos 17
4.4 Avaliações dos caracteres produtivos e bromatológicos da forragem 18
4.5 Caracteres agronômicas 19
4.6 Caracteres bromatológicas da forragem 20

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO **23**
5.1 Características agronômicas 23
5.2 Características quantitativas da forragem 41
5.3 Caracteristicas qualitativas da forragem no ponto de ensilagem 52
5.4 Contrastes entre os grupos de híbridos *topcrosses* de acordo com as populações de origem das linhagens S_3 e testemunhas 63

6. CONCLUSÕES **69**

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS **70**

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Caracterização dos híbridos comerciais utilizados como parentais na obtenção das linhagens S_3, testador e testemunhas. Guarapuava: UNICENTRO, 2015. 16

Tabela 2. Linhagens S_3 utilizadas na obtenção dos híbridos *topcrosses*.....17

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta da altura de plantas (AP) e altura de inserção da espiga (AE), referentes a 75 híbridos *topcrosses* de milho e 6 testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14 no município de Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015. 24

Tabela 4. Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos (PG), massa de mil grãos (MMG) e prolificidade (PR), referentes a 75 híbridos *topcrosses* de milho e 6 testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14 no município de Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.....24

Tabela 5. Valores médios de altura de plantas (AP) e altura de inserção da espiga principal (AE), em metros (m), de 75 híbridos *topcrosses* de milho e 6 testemunhas avaliados nos espaçamentos entre linhas de 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.....26

Tabela 6. Valores médios de prolificidade (PR), produtividade de grãos (PG) e massa de mil grãos (MMG), de 75 híbridos *topcrosses* de milho e 6 testemunhas, avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 m e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.....31

Tabela 7. Resumo da análise conjunta do florescimento masculino (FM) e do ponto de corte das plantas para silagem após o florescimento masculino (PCS), referentes a 75 híbridos *topcrosses* de milho e seis testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14, em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015. 36

Tabela 8. Valores médios de florescimento masculino (FM) e ponto ideal de corte de silagem após o florescimento masculino (PCS), em dias, de 75 híbridos *topcrosses* de milho e seis testemunhas, avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015. 37

Tabela 9. Resumo da análise de variância conjunta do *stay green* (SG), porcentagem de massa seca da forragem (MS %), produtividade de massa verde da forragem no ponto de ensilagem (PMV) e produtividade de massa seca da forragem no ponto de ensilagem (PMS), referentes a 75 híbridos *topcrosses* de milho e 6 testemunhas, avaliados em dois espaçamentos entre linhas na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.....42

Tabela 10. Valores médios do *stay green* (SG) e porcentagem de massa seca (ms %), no ponto de silagem, de 75 híbridos *topcrosses* e 6 testemunhas, avaliados nos espaçamentos entre linhas de 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015. 43

Tabela 11. Valores médios de produtividade de massa verde da forragem no ponto de ensilagem (PMV) e produtividade de massa seca da forragem no ponto de ensilagem (PMS), em t ha^{-1}, de 75 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e

0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015. 47

Tabela 12. Resumo da análise conjunta dos teores de fibra insolúvel em detergente ácido (FDA), fibra insolúvel em detergente neutro (FDN) e valor relativo da forragem (VRF) no ponto de ensilagem, em % da matéria seca, referentes a 75 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14, em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015. 52

Tabela 13. Valores médios dos teores de fibra insolúvel em detergente ácido (FDA) e fibra insolúvel de detergente neutro (FDN), em % da massa seca da forragem no ponto de ensilagem, de 75 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas, avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015. ... 54

Tabela 14. Resumo da análise da digestilidade da forragem *in situ* (DIG) no ponto de ensilagem, em % da matéria seca, referentes a 75 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14, em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015. 58

Tabela 15. Médias do valor relativo da forragem (VRF) e da digestibilidade in situ da forragem (DIG) no ponto de ensilagem, em % da massa seca, de 75 híbridos *topcrosses* de milho e seis testemunhas, avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 m e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015. 59

Tabela 16. Estimativas dos contrastes entre as médias dos grupos de topcrosses considerando as populações de origem das respectivas linhagens S_3 de milho, para altura de plantas (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), ponto ideal de corte das plantas para ensilagem, após o florescimento masculino (PCS), *stay green* (SG), prolificidade (PR), produtividade de grãos (PG), massa de mil grãos (MMG), porcentagem de massa seca (% MS), fibra em detergente ácido (FDA), fibra em detergente neutro (FDN), valor relativo da forragem (VRF) e digestibilidade *in situ* da forragem de planta inteira (DIG) no ponto de ensilagem, de 75 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015. ... 64

Tabela 17. Estimativas dos contrastes entre as médias dos grupos de topcrosses considerando as populações de origem das respectivas linhagens S_3 de milho, para altura de plantas (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), ponto ideal de corte das plantas, após o florescimento masculino (PCS), *stay green* (SG), prolificidade (PR), produtividade de grãos (PG), massa de mil grãos (MMG), porcentagem de massa seca (MS), fibra insolúvel em detergente ácido (FDA), fibra insolúvel em detergente neutro (FDN), valor relativo da forragem (VRF) e digestibilidade *in situ* da forragem de planta inteira (DIG) de 75 híbridos *topcrosses* avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015. 67

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Dados da precipitação pluviométrica (mm) e temperatura (°C), obtidos na estação meteorológica do C*ampus* CEDETEG, GUARAPUAVA-PR. 15

RESUMO

GABRIEL, André. **Caracterização agronômica e bromatológica da forragem de *topcrosses* de linhagens S_3 de milho em diferentes espaçamentos.** 2015. 88p. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Produção Vegetal). UNICENTRO.

O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de híbridos *topcrosses* de linhagens parcialmente endogâmicas (S_3) de milho, provenientes de três populações, cruzadas com testador de base genética estreita (DKB245), quanto a caracteres agronômicos, produtividade de grãos e caracteres produtivos e bromatológicos da forragem de planta inteira de milho em dois espaçamentos entre linhas. Três híbridos comerciais de milho (P30B39, AS1572 e SG6015), foram utilizados para geração das populações, denominadas de 102, 103 e 203, respectivamente, a partir das quais foram obtidas 25 linhagens S_3 de cada população. Dois experimentos contíguos foram conduzidos no delineamento látice triplo 9 x 9. No primeiro experimento o espaçamento entre linhas foi de 0,4 m e no segundo foi de 0,7 m e obtenção da densidade final de 70.000 plantas ha^{-1} em ambos os experimentos. Houve efeito significativo para a fonte de variação 'genótipos' para todas as caracteristicas avaliadas. Houve efeito significativo para a fonte de variação 'espaçamento' para ponto de corte da silagem, *stay green*, porcentagem de matéria seca e produtividade de massa verde. A interação 'genótipos x espaçamento' foi significativa para as demais características agronômicas avaliadas. Os híbridos *topcrosses* HTC103-15 e HTC203-01 destacaram-se com as menores teores de fibra insolúvel em detergente ácido, fibra insolúvel em detergente neutro, desempenho superior para valor relativo da forragem e digestibilidade *in situ* da planta inteira. O híbrido *topcross* HTC102-21 se destacou para as características produtividade de massa seca, teores de fibra insolúvel em detergente ácido, fibra insolúvel em detergente neutro e produtividade de grãos. O híbrido DKB245 (testador) foi eficiente para discriminar o mérito relativo das linhagens S_3 de milho para as características bromatológicas da forragem de planta inteira.

Palavras-Chave: Produtividade de forragem, *Topcross*, *Zea mays.*

ABSTRACT

GABRIEL, André. **Characterization agronomic and nutritional qualitative characteristics of maize forage strains S_3 *topcrosses* at different spacings**. 2015. 88p. Dissertation (Master at Agronomy - Plant Production). UNICENTRO.

The objective of this study was to evaluate the performance of *topcrosses* hybrid of partially inbred lines (S_3) of corn from three populations crossed with narrow genetic base tester (DKB245), as the agronomic traits, grain yield and productive characters and Bromatological the whole plant forage maize in two row spacings. Three commercial corn hybrids (P30B39, AS1572 and SG6015) were used for the generation of populations, designated 102, 103 and 203, respectively, from which was obtained 25 S_3 lines of each population. Two contiguous experiments were conducted in triple lattice design 9 x 9. In the first experiment the line spacing was 0.4m in the second was 0.7 me getting the final density of 70,000 plants ha^{-1} in both experiments. Significant effects for the source of variation 'genotypes' for all evaluated characteristics. Significant effects for the source of variation 'environments' for silage cutting point, stay green, percentage of dry matter and green mass productivity. Interaction 'genotype x environment' was significant for other agronomic traits. The topcrosses hybrid HTC103-15 and HTC203-01 stood out with the lowest fiber content insoluble in acid detergent insoluble fiber in neutral detergent, for superior performance relative value of fodder and in situ digestibility of the whole plant. The hybrid topcross HTC102-21 stood out for the characteristics of dry matter yield, fiber content insoluble in acid detergent insoluble neutral detergent fiber and grain yield. The hybrid DKB245 (tester) was useful for distinguishing the relative merit of S_3 lines of maize to the qualitative characteristics of the whole plant for forage.

Keywords: Forage yield, T*opcross*, *Zea mays*.

1. INTRODUÇÃO

O milho é consagrado como uma das melhores forrageiras para obtenção de silagem, por ser uma cultura disseminada em todo o território brasileiro, e com técnicas de cultivo bem desenvolvidas. A forragem de milho possui, boa capacidade de fermentação, elevado valor nutricional e teor energético, alta produtividade de matéria seca e aceitabilidade por várias espécies de ruminantes (DEMINICIS et al., 2009; SALAZAR et al., 2010).

Os programas de melhoramento genético de milho de empresas multinacionais não acompanharam esta mudança na utilização da cultura do milho para obtenção de cultivares de milho forrageiros, e os mesmos híbridos de milho empregados para produção de grãos são recomendados para produção de silagem, embora algumas características almejadas não sejam as mesmas para a finalidade forrageira. Esta tendência tem limitado a elevação nos ganhos em sistemas de produção de carne e leite, que tem como base a silagem para alimentação animal.

Em silagens de milho, além da participação de grãos, a digestibilidade da matéria seca e a composição de fibras são os principais fatores que limitam o valor nutricional do alimento, não sendo foco nos programas de melhoramento da atualidade e que diferenciam um híbrido convencional de um com potencial forrageiro.

Nos programas de melhoramento genético de milho é comum a utilização de híbridos comerciais para servir de base na formação de novas populações para extração de linhagens, pois possuem a vantagem de terem sido avaliados em diversos ambientes, associados à alta produtividade de grãos e características agronômicas desejáveis, com muitos alelos favoráveis já fixados.

O método de *topcrosses* permite a avaliação do mérito relativo de um grande número de linhagens em nível intermediário de endogamia, com base no comportamento destas em combinações híbridas, com um ou mais testador, permitindo a eliminação de linhagens de desempenho inferior, tornando mais racional e eficiente o programa de melhoramento para desenvolvimento de híbridos.

As sementes de milho obtidas dos cruzamentos *topcrosses* devem ser semeadas nas recomendações técnicas de cada região, em Guarapuava no estado do Paraná os agricultores buscam a maximização do uso de seus implementos agrícolas, empregando a mesma semeadora e mesmo espaçamento para as culturas do milho e da soja.

A semeadura no espaçamento reduzido minimiza a competição entre plantas na linha de semeadura, portanto, as plantas de milho ficam espaçadas de forma equidistantes a fim de que haja menor competição pelos recursos naturais, aumento na interceptação de luz e melhor

aproveitamento de água e nutrientes disponíveis (SANGOI et al., 2004, FORNASIERI FILHO 2007).

Diante dos bons resultados obtidos com espaçamentos reduzidos de milho, as empresas de melhoramento fazem lançamento de novas cultivares com a tendência de ciclo cada vez mais curto, plantas com folhas mais eretas e adaptadas com altas população de plantas por hectare e espaçamentos reduzidos, estas cultivares normalmente apresentam elevada produtividade de grãos de milho (ALMEIDA et al., 2000). Mas faltam pesquisas relacionadas ao espaçamento reduzido com a produtividade e a qualidade bromatológica de forragem.

2. OBJETIVOS

2.1 Geral

Avaliar o desempenho de híbridos *topcrosses* de linhagens parcialmente endogâmicas (S_3) de milho, provenientes de três populações, cruzadas com testador de base genética estreita, quanto a caracteres agronômicos, produtividade de grãos e caracteres produtivos e bromatológicos da forragem em diferentes espaçamentos entre linhas.

2.2 Específicos

Avaliar o desempenho de linhagens S_3 derivadas dos hibridos P30B39, AS1572 e SG6015 em cruzamentos *topcrosses* com o híbrido simples testador DKB245 quanto a características agronômicas e bromatológicas da forragem em dois espaçamentos entre linhas.

Comparar o desempenho dos híbridos comerciais, híbridos parentais e testador na avaliação das suas respectivas populações para características agronômicas e bromatológicas da forragem em dois espaçamentos entre linhas.

Selecionar, por meio da avaliação de *topcrosses*, as linhagens S_3 com potencial para avançarem no o programa de melhoramento de milho da Universidade Estadual do Centro Oeste, visando a produção de grãos e/ou forragem de valor nutritivo.

Selecionar as linhagens de milho que se destacam com melhor desempenho para forragem, para prosseguir no processo de endogamia no programa de melhoramento genético de milho da Universidade Estadual do Centro Oeste.

Comparar as populações de origem das linhagens de milho *versus* híbridos comerciais, para selecionar população mais promissora para obtenção de novas linhagens de milho, que se destacam para a produtividade de forragem e de grãos.

3. REFERENCIAL TEÓRICO

3.1. Importância da cultura do milho

A importância indiscutível do milho, no Brasil e no mundo, se deve à gama de utilizações deste cereal, que compreende a alimentação humana e animal, além de processos e produtos industriais (EMBRAPA, 2011).

O Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) prevê em seu 9° levantamento da safra mundial de milho 2014/2015, que a produção global atinja 988,1 milhões de toneladas, com o Brasil em 3º lugar na produção mundial, sendo o segundo país em volume de exportação, com 19,5 milhões de toneladas (CONAB 2015).

No Brasil, na safra 2014/2015, a estimativa é que seja cultivada área total de 15,36 milhões de hectares, somando-se a primeira e segunda safra, com produtividade média esperada de 5.146 kg ha^{-1}, resultando na produção estimada de 79,05 milhões de toneladas (CONAB 2015).

A produtividade do milho no Brasil é considerada baixa quando comparada a outros países produtores, e várias causas contribuem para esse cenário, destacando-se o uso de cultivares com potencial produtivo limitado, deficiência de nutrientes, utilização de época, densidade e espaçamento inadequados para a cultura e entre outros fatores (CRUZ et al., 2008).

De acordo com a SEAB (2015), no estado do Paraná na safra 2014/2015, estimou-se que foram cultivados 2,4 milhões de hectares com milho, com produtividade média esperada de 6.925 kg ha^{-1}, resultando na produção de 14,49 milhões de toneladas do cereal.

No núcleo de Guarapuava, segundo a divisão da SEAB (2015), na safra 2014/2015 a área total cultivada foi estimada em 78.300 hectares, com produtividade média de 9.000 kg ha^{-1}, resultando numa estimativa de produção de 704.700 toneladas de milho.

A região de Guarapuava se destaca com elevada produtividade de milho que se deve à compilação de condições edafoclimáticas favoráveis para o cultivo, associada ao uso de alta tecnologia empregada pelos agricultores (OLIBONI, 2009).

No mercado brasileiro, para a safra agrícola 2014/2015, foram disponibilizadas 478 cultivares de milho, sendo 292 cultivares transgênicas e 186 cultivares convencionais, sendo que 320 cultivares são, de fato, geneticamente diferentes e os demais 158 são variações de eventos transgênicos no mesmo híbrido. Desses 320 genótipos diferentes, apenas 186 híbridos tem opção de serem comercializados como convencionais, e as outros 134 híbridos são comercializados apenas nas versões transgênicas (CRUZ et al., 2014).

No mercado brasileiro de sementes de milho há forte predomínio de híbridos simples (59,06%) e híbridos triplos (18,75%) de maior potencial genético. Os híbridos duplos representam 11,25% e as variedades e híbridos intervarietais 10,94%. Há predomínio de cultivares precoce (66,25%), seguidas pelos hiper e superprecoce (24,37%), que têm ciclo mais curto para semeadura da segunda safra (CRUZ et al., 2014).

No Brasil existem estimativas de que a área de milho destinada à produção de silagem vem aumentando a cada ano e figura entre 1,2 a 1,5 milhões de hectares, representando aproximadamente 10% da produção nacional, evidenciando a importância estratégia do uso de silagem para o sistema e produção animal (OLIVEIRA et al., 2007).

A silagem possui papel importante no desenvolvimento da pecuária no Sul do Brasil. O uso de silagens de boa qualidade é um dos principais responsáveis pelos frequentes ganhos em produtividade de carne e leite, resultando em maior lucratividade do sistema (NEUMANN et al., 2009). O uso da silagem é difundido por todo o país, mas são raros os resultados de pesquisa fornecidos pelos obtentores de sementes de milho referentes à qualidade de silagem de cada híbrido (OLIVEIRA et al., 2007).

O milho é uma cultura largamente estudada e avaliada no Brasil, possuindo excelentes atributos para exploração na forma de silagem, porém os grandes programas de melhoramento ainda não priorizam o desenvolvimento de híbridos forrageiros, uma vez que os genótipos utilizados para silagem são provenientes de programas de melhoramento para rendimento de grãos (BARRIÈRE et al., 2005).

No Brasil há carência de híbridos de milho exclusivamente recomendados para silagem de planta inteira, pois dos 320 genótipos de milho indicados para produção de grãos, 42% tem dupla aptidão, ou seja, são sugeridos para produção de grãos e silagem de planta inteira (CRUZ et al., 2014).

3.2 Caracterização de híbridos de milho para produção de grãos e de forragem

Híbrido é o termo rotineiramente empregado para designar a progênie do cruzamento de linhagens endogâmicas, ou indivíduos ou populações contrastantes, resultando em uma combinação que manifesta heterozigose nos locos gênicos (ALLARD, 1999).

O milho é um forte exemplo do sucesso no emprego da hibridação, em virtude da exploração da heterose e da característica monóica desta planta, que a torna apta à realização autofecundações e de cruzamentos controlados, sendo uma das mais importantes culturas com grande expressividade em cultivo e pesquisas em nível mundial (BUENO et al., 2001).

O sucesso no uso de híbridos advém da manifestação de heterose, resultando em um aumento substancial vigor, sanidade e produtividade do individuo em relação a seus pais. Isso é o resultado da heterosigose nos locos gênicos da planta e não manifestação de alelos recessivos. O milho é o grande exemplo da exploração da heterose, pois as progênies manifestam elevado vigor e produtividade em relação as linhagens genitoras.

A produção de híbridos de milho foi proposta por Shull (1909), em que primeiro se deve obter linhas puras por meio de autofecundações sucessivas para posterior hibridização, constituindo uma técnica que prevalece até os dias de hoje. Os primeiros híbridos foram cultivados nos Estados Unidos em 1920 (híbridos duplos), 1930 (híbridos triplos) e em 1960 (híbridos simples), com aumentos crescentes em produtividade e melhores resultados para os híbridos simples (MACHADO, 2007).

O emprego de milho híbrido está amplamente disseminado pelo mundo, e o Brasil é um exemplo de sucesso na adoção dessa tecnologia, pois é o terceiro maior em produção mundial, e que apesar da baixa média de produtividade (CONAB, 2015), em determinadas regiões com o uso de híbridos simples e triplos são alcançadas produtividades superiores a 12.000 kg ha^{-1} (MENDES et al., 2011, OLIBONI et al., 2012).

De acordo com Miranda Filho e Viégas (1987), existem vários tipos de híbridos, sendo os mais comuns o híbrido simples e simples modificado, híbrido triplo e triplo modificado, híbridos duplos, híbrido *topcross* e híbrido intervarietal.

O híbrido simples é a progênie do cruzamento de duas linhagens endogâmicas e normalmente é o mais produtivo dos híbridos, com grande uniformidade, porém com um custo mais elevado. No entanto, o alto investido é compensado quando considera-se a produtividade (MIRANDA FILHO e VIÉGAS 1987).

Híbridos *topcrosses*, por definição, são a progênie do cruzamento de uma linhagem ou grupo de linhagens com um testador. O testador empregado é normalmente uma linhagem elite, híbridos simples e ou híbridos triplos. Estes são normalmente utilizados para avaliar o perfil de linhagens parcialmente endogâmicas no melhoramento para realizar a seleção (MIRANDA FILHO e VIÉGAS 1987).

3.3 Modelo *Topcross*

Uma das principais dificuldades enfrentadas pelos melhoristas para obter híbridos de milho é a avaliar a capacidade de combinação das linhagens genitoras. Os dialelos e cruzamentos *topcrosses* são métodos que possibilitam a expressão de heterose e permitem avaliar o desempenho das linhagens genitoras, com menores influências de erros experimentais (GUEDES

et al., 2009).

Os cruzamentos de milho em dialelos tem como fator limitante o número de linhagens a serem cruzadas, pois requerem muito esforço nas polinizações manuais para obtenção dos cruzamentos desejados. Para reduzir esse problema, os melhoristas optam pelo método de *topcross* (ANDRADE 1995).

O modelo *topcross* foi proposto por Davis (1927), sendo possível determinar a capacidade combinatória dos genótipos, sendo muito empregados com essa finalidade, uma vez que as linhagens são avaliadas a partir de cruzamentos com testadores em comum. O objetivo do *topcross* é avaliar o potencial relativo de um grande número de linhagens em cruzamentos com testadores, eliminando indivíduos inferiores e tornando mais eficiente e racional o programa de melhoramento (NURMBERG et al., 2000, FUZATTO, 2003).

O método *topcross* é utilizado pelas empresas de melhoramento de milho, mostrando-se fácil, eficiente e confiável. Segundo Hallauer e Miranda Filho (1988), o método tem dois objetivos: avaliar a capacidade geral de combinação de linhagens e avaliar o valor genético dos genótipos da população a melhorar.

Uma dificuldade do *topcross* é a escolha de qual testador demonstra a melhor discriminação entre linhagens. A seleção do testador dependerá do objetivo de cada programa, apoiando-se na alta ou baixa concentração de alelos desejáveis, base genética ampla ou estreita, capacidade geral ou especifica de combinação, número de testadores e divergência genética com a população testada (SANTOS et al., 2001).

Um bom testador, para ser utilizado num programa de melhoramento de milho, deve oferecer praticidade no uso, coincidir a produção de pólen com o florescimento feminino das linhagens, alta capacidade de produzir grãos de pólen, boas características agronômicas e principalmente deve gerar informação que classifique corretamente o potencial relativo das linhagens. Além disso, de acordo com Li et al. (2007) para otimizar a eficiência de um programa de melhoramento é recomendo ao melhorista utilizar poucos testadores e estes devem ser de origem divergentes para a discriminação correta das novas linhagens em *topcrosses.*

O métodos *topcross* é utilizado para avaliar linhagens, entretanto o problema maior da técnica relatado pela maioria dos pesquisadores está na escolha do testador. Há evidências de que nos programas de melhoramento as grandes empresas fazem uso de linhagens elites ou híbridos simples como testadores em populações de linhagens (FUZATTO, 2003). Para alguns autores o emprego de um testador com potencial genético mais baixo pode ser mais eficiente na diferenciação entre genótipos (MIRANDA FILHO e GORGULHO, 2001).

Nos programas de melhoramento há um direcionamento para produção de híbridos de

alto desempenho, sendo empregados em grande proporção testadores representados por linhagens elites, possibilitando verificar combinações potenciais para o mercado além da possibilidade da predição do comportamento de híbridos simples e duplos (DUARTE et al., 2003). Esses autores utilizaram três linhagens elites para avaliar linhagens parcialmente endogâmicas de milho e verificaram melhor desempenho em produtividade de grãos de híbridos *topcrosses* frente as testemunhas mais plantadas na região de estudo.

Ferreira (2008) utilizou testador elite de base genética estreita na avaliação de linhagens de milho e obteve híbridos *topcrosses* com desempenho igual e superior as testemunhas comerciais, revelando a possibilidade de formarem híbridos comerciais de elevado potencial para rendimento de grãos. Resultados semelhantes foram observados por Paterniani et al. (2010), que utilizaram testador elite de base genética ampla na avaliação de linhagens de milho e obtiveram híbridos *topcrosses* com produtividade de grãos superiores ou semelhantes às testemunhas, comprovando seu potencial produtivo.

Ferreira et al. (2010) avaliaram o potencial de híbridos comerciais de milho para extração de linhagens visando a produtividade de grãos. Para isso realizaram cruzamentos, em esquemas *topcrosses*, de 49 linhagens parcialmente endogâmicas (S_3) com um testador comum. Encontraram híbridos com maior potencial para extração de linhagens superiores com base no testador comum, porém concluíram que não se pode inferir que linhagens provenientes de um determinado híbrido comercial tenham comportamento superior, em combinações híbridas.

Há relatos de trabalhos atuais na literatura, de seleção de linhagens de milho para tolerância ao uso de baixas doses de nitrogênio por meio de cruzamentos *topcrosses* com dois testadores no programa de melhoramento (GUEDES et al., 2011, GUEDES et al., 2015).

3.4 Manejo do milho forrageiro

Para a obtenção de silagem de milho de boa qualidade, o ponto de colheita é um dos fatores cruciais, pois o ideal é que se espere até o momento em que se tenha maior proporção de açúcar convertido em amido nos grãos, associado à boa degradabilidade dos demais componentes estruturais da planta. O ideal para colher milho para silagem é que as plantas apresentem de 30 a 37% de matéria seca (OLIVEIRA et al., 2007; OLIVEIRA, 2010, MENDES et al., 2015), que corresponde ao estádio de grãos farináceos (R4) a farináceos duros (R5). Com a evolução das plantas dos estádios R1 para R5 há elevação no teor de matéria seca de todos os componentes, bem como na planta inteira.

Com o avanço no estádio de maturidade da planta há redução na participação de folhas,

colmos, brácteas e sabugos com elevação na participação de grãos na forragem de 0% (R1) para mais de 30% (R5). Também há redução na produção de massa verde com significativo aumento na produção de massa seca, sendo R5 considerado o estádio ideal para ensilar plantas de milho para obter maiores rendimentos em animais confinados (OLIVEIRA, 2010, MENDES et al., 2015).

Com teores de massa seca abaixo de 30% há muita umidade nas plantas, resultando na formação de efluentes, podendo implicar em elevadas perdas de nutrientes, fermentações indesejáveis com perdas de massa seca e redução no consumo voluntário de silagem pela presença de níveis acentuados de ácido butírico (FANCELLI e DOURADO NETO, 2004).

A produtividade de leite por hectare é uma característica importante na escolha de híbridos de milho para silagem. Oliveira et al. (2011) constataram diferenças entre híbridos quanto ao valor nutritivo e que o efeito de híbrido tem maior importância do que a altura de colheita. Segundo esses pesquisadores os híbridos de menor valor nutritivo, mesmo com a elevação da altura de colheita, foram inferiores aos híbridos de maior valor nutritivo para todas as alturas. Portanto, o mais importante que o manejo de altura de colheita é a escolha do material genético para confecção da silagem.

Os híbridos de milho desenvolvidos para produção de grãos tem a característica de rápida secagem dos grãos, mantendo folhas e colmos verdes por um maior período, característica denominada de *stay green*, não havendo benefícios neste comportamento para produção de silagem, porque durante a maturação há sempre uma grande diferença na umidade entre grãos e as porções vegetativas (MELLO et al., 2005).

A relação de participação dos componentes da planta também assume importância para produção de silagem de qualidade. O recomendável é que a participação de grãos seja acima de 40% e de sabugos+brácteas inferior a 25% (ROSA et al., 2004). Segundo Nussio (1991) a planta ideal deve possuir 44% de grãos, 20% de colmos e brácteas 14% de folhas e 22% de colmos. Para Neumann (2011), a composição da planta de milho, na percentagem de MS, deve ser de menos de 25% de colmo, acima de 15% de folhas, menos que 25% de brácteas mais sabugo e mais que 35% de grãos.

Quanto às características agronômicas e produtivas, a planta de milho para silagem deve apresentar menos de 5 folhas secas no ponto de corte, altura de espiga de 0,8 a 1,2 m, altura de planta de 1,9 a 2,6 m, produção de massa verde acima de 55.000 kg ha^{-1} e de massa seca superior a 18.000 kg ha^{-1}, produção de grãos superior a 7.000 kg ha^{-1}, taxa de secagem menor que 0,5% ao dia e mais de 10 dias de janela de corte (NEUMANN, 2011).

Os parâmetros acima descritos somente serão úteis quando na análise bromatológica das

plantas for comprovada que há elevada degradabilidade da porção fibrosa. Entre os caracteres avaliados em análise bromatológica estão fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), nutrientes digestíveis totais (NDT), lignina em detergente neutro (LDN) e digestibilidade *in vitro* da massa seca (DIVMS) e todos, em conjunto, revelam a digestibilidade da parede celular, que é o fator limitante no valor nutricional de silagens, estando associada à energia real que será disponibilizada para os animais (BARRIÈRE et al., 2005). Estes fatores são os que mais preocupam os melhoristas que buscam qualidade de forragem.

3.5 Características bromatológicas do milho destinado à forragem

Nos últimos anos os programas de melhoramento promoveram melhorias nas características de resistência e sanidade de colmos com a elevação na produtividade de massa verde. Em contrapartida, houve redução no valor nutricional devido à menor digestibilidade da parede celular de híbridos de alto desempenho (BARRIÈRE et al., 2005).

No Brasil, grande parte dos programas de melhoramento de milho de empresas privadas não dá ênfase ao desenvolvimento de cultivares específicas para produção de silagem, pois representam aproximadamente 10% da área semeada com o cereal no país e, geralmente, utilizam-se os mesmos híbridos recomendados para produção de grãos, ou seja, os mais produtivos (GOMES et al., 2004).

O milho pode participar na dieta de animais ruminantes, como volumoso ou concentrado. Como volumoso, é utilizado como forragem conservada na forma de silagem, tanto em épocas de escassez de pastagens quanto em sistemas intensivos de produção. A planta ideal para ensilagem é aquela que apresenta elevada participação de grãos na massa ensilada, possui fibras e parede celular de melhor digestibilidade, proporciona alta produtividade de massa e compatível com sistemas de produção eficientes (NUSSIO et al., 2001).

Para proporcionar uma silagem de alta qualidade, os parâmetros químico-bromatológicos adequados que uma planta de milho deve apresentar representam de 30 a 35% de matéria seca (MS), 7 a 10% de proteína bruta (PB) na MS, mais de 30% de amido na MS, mais de 70% de NDT na MS; menos que 30% e 42% para FDA e FDN na MS, respectivamente e 2 a 5% de extrato etéreo (EE) na MS (NEUMANN, 2011).

A digestibilidade é um fator que afeta diretamente o desempenho e a produtividade animal, pelo maior consumo voluntário e maior aporte de nutrientes quando utilizada silagem de milho. Com incrementos na digestibilidade da silagem há maior aporte de nutrientes digestíveis totais e maior consumo voluntário de matéria seca por porcentagem de peso vivo, resultado

evidenciado por menores teores de FDA e FDN, impactando em maior rendimento animal (OLIVEIRA, 2010).

Gralak (2011) verificou correlação negativa entre DIVMS e teores de FDA e FDN, evidenciando que quanto menor a participação de componentes de parede celular maior será a digestibilidade da silagem. Esta mesma autora verificou que existe potencial para selecionar cultivares com baixas proporções de FDA e FDN associado à alta digestibilidade, quando avaliou germoplasma comercial de milho em esquema dialélico.

Vale ressaltar que na literatura nacional existem dados de trabalhos evidenciando grande variabilidade para a digestibilidade da forragem em populações de milho selecionadas a partir de germoplasma comercial objetivando o melhoramento forrageiro (CHAVES, 2009; GRALAK, 2011). Uma grande vantagem é que o germoplasma comercial já sofreu processos de seleção e inúmeros testes em locais para os quais está sendo recomendado e certamente suas progênies possuirão vantagens adaptativas.

Para a obtenção de híbridos de milho com elevado potencial é recomendável utilizar populações melhoradas nos ambientes para os quais se destinarão os cultivos, pois é aconselhável que o material genético exiba boa adaptabilidade e estabilidade por possuir alelos desejáveis que confiram tolerância às adversidades do ambiente e, proporcionem melhoria na qualidade e produtivida, com maiores possibilidade de sucesso no melhoramento (FERREIRA, 2008).

3.6 Espaçamento entre linhas na cultura do milho

Um dos fatores que deve ser mais bem estudado é a resposta da cultura do milho a diferentes arranjos das plantas na área. Tradicionalmente a cultura do milho no Brasil era implantada com espaçamentos entre 0,8 a 1,0 metro de espaçamento entre linhas, mas a redução do espaçamento entre fileiras tem crescido nos últimos anos, com o desenvolvimento de híbridos tolerantes a altas densidades, desenvolvimento de agroquímicos mais eficientes para o controle de plantas daninhas e pragas e o desenvolvimento de implementos agrícolas adaptados para esta nova tendência, são alguns dos fatores que favorecem o incremento da adoção desta pratica cultural (SILVA, 2005).

A semeadura em espaçamento reduzido na cultura do milho é uma técnica bastante difundida pelos agricultores brasileiros. Cruz et al. (2010) avaliaram 345 lavouras comerciais de milho safrinha nos estados de São Paulo, Paraná e região Centro Oeste do Brasil e constataram que 37% dos agricultores estavam utilizando técnica.

As plantas podem ser distribuídas na área de várias maneiras, sendo a variação do espaçamento entre linhas e entre plantas na linha responsáveis pelos diferentes arranjos de plantas. O arranjo ideal é aquele que proporciona distribuição mais uniforme das plantas na área, possibilitando melhor utilização de luz, água e nutrientes (ARGENTA et al. 2001; DEMÉTRIO et al., 2008).

Com o desenvolvimento de novos híbridos de milho de ciclo mais curto, estatura reduzida, folhas mais eretas e em menor número, houve aumento do potencial de resposta da cultura a maiores densidades e menores espaçamentos entre linhas. Segundo Alvarez et al. (2006) a adoção desta prática proporciona aumento da produtividade de milho.

Mantendo a densidade de plantas constante e alterando apenas o espaçamento entre linhas têm-se várias vantagens potenciais, dentre elas se destacam a distância das plantas na linha, propiciando melhor arranjo e distribuição das plantas na área, e redução na competição entre plantas por água, nutrientes e luz, e assim incrementando o rendimento de grãos (SANGOI, 2004; BALBINOT JÚNIOR et al., 2005; PIANA et al., 2007).

A redução do espaçamento entre linhas pode ser considerado como um método cultural no controle de plantas daninhas, pois proporciona o fechamento mais rápido dos espaços entre linhas e redução na incidência luminosa nos extratos inferiores do dossel, limitando o desenvolvimento de plantas daninhas. O sombreamento mais rápido pode reduzir a perda de água por evaporação e aumentar a eficiência e uso da água pelas plantas de milho (FORNASIERI FILHO, 2007).

Na região de Guarapuava-PR os agricultores cultivam o milho em sistema de rotação de culturas com a soja e com a utilização do mesmo espaçamento entre linhas de ambas as culturas. Vazquez e Silva (2002) relatam a maior operacionalidade nas semeadoras, por não necessitarem de alteração na mudança da cultura. Outra vantagem é a melhor distribuição das plantas na linha de semeadura, devido à menor velocidade do trabalho do sistema de distribuição de sementes (FORNASIERI FILHO, 2007).

Silva et al. (2008) avaliaram o comportamento do híbrido de milho P30K75 em diferentes espaçamentos entre linhas (0,50 m, 0,60 m e 0,80 m), combinados com cinco populações de plantas (40.000, 50.000, 60.000, 70.000 e 80.000 pl ha^{-1}), no município de Rio Verde-GO, e verificaram que os maiores rendimentos de grãos foram obtidos com o aumento da população de plantas no espaçamento de 0,6 m. Os mesmos pesquisadores constataram que nos espaçamentos de 0,5 e 0,6 m houve maior severidade de doenças foliares nas plantas.

Incrementos significativos na produtividade do milho têm sido alcançados com emprego de híbridos de melhor desempenho, alterações em espaçamento e densidade de semeadura,

quando aliados ao manejo da adubação nitrogenada em Guarapuava-PR (MENDES et al. 2013).

Mendes et al. (2013) avaliaram dois híbridos comerciais (DBK 240Y e P1630H), com três níveis de adubação nitrogenada em duas densidades populacionais (75.000 e 90.000 plantas ha^{-1}) no espaçamento de 0,45m entre linhas em Guarapuava-PR. Foi constatada resposta diferenciada ao adensamento populacional, sendo que o híbrido DBK240Y apresentou maior produtividade na população de 75.000 pl ha^{-1}, enquanto o P1630H foi mais produtivo em 90.000 pl ha^{-1}.

Deve-se ressaltar que muitos híbridos comercias não toleram densidade de plantas por hectare muito elevadas, pois, de acordo com Foloni et al. (2014), os híbridos Maximus e Impacto apresentaram maiores índices de acamento com o incremento de populacional.

De acordo com Foloni et al. (2014), o híbrido AG9010 respondeu significativamente ao aumento da população de plantas, atingindo a produtividade máxima na população de 70.000 a 80.000 plantas por hectare no espaçamento entre linhas de 0,45 m, entretanto o híbrido DKB979 apresentou a maior produtividade na população de 70.000 a 75.000 plantas por hectare. Os híbridos DKB 350, Maximus e Impacto não toleram aumento populacional de plantas, necessitando manter a recomendação tradicional de 45 a 55 mil plantas por hectare (FOLONI et al., 2014).

Pode-se inferir que, alguns híbridos de milho têm incremento significativo na produtividade de grãos com o aumento de população de plantas, entretanto há genótipos que não toleram maior densidade populacional, com reflexo na redução da produtividade e/ou aumento do acamamento de plantas.

De acordo com Porto (2010) houve redução na produtividade de grãos à medida que se aumentou o espaçamento entre linhas, e a maior produtividade foi obtida no espaçamento de 0,4 m, sendo superior aos espaçamentos 0,6 m, 0,8 m e 1,0 m em 10,2%, 10,42% e 22,38%, respectivamente. Almeida et al. (2000), também obtiveram rendimento de grãos 20% superior, utilizando menores espaçamentos em relação aos espaçamentos maiores.

Pesquisas recentes confirmam que a redução do espaçamento de 0,9 para 0,45 m ocasiona incremento significativo de 12,2% no rendimento de grãos (Ribas et al., 2013), quando a população de plantas passa a ser manejada em espaçamentos reduzidos, há melhor interceptação da radiação fotossintética, menor competição intraespecífica, melhor distribuição do sistema radicular e mais eficiência no aproveitamento de água, resultando em maior produtividade de grãos (SANGOI et al., 2002).

No entanto, Gilo et al. (2011), relatam não ocorrer diferença para a produtividade, número de fileira por espiga, número de grãos por fileira e massa de cem grãos, quando

avaliaram seis híbridos em dois espaçamento entre linhas.

No maior espaçamento entre linhas Ribas et al. (2013) constataram que as plantas de milho são mais altas. Resultados semelhantes foram observados por Porto (2010) em que à medida que se aumentou o espaçamento entre linhas, aumentou-se a altura de inserção da espiga, constando um acréscimo de 0,49 m na altura de inserção da espiga para cada aumento de 0,1 m no espaçamento. Os autores atribuíram o aumento da altura de plantas ao efeito combinado da competição intraespecífica por luz e estímulo da dominância apical.

Gilo et al. (2011) e Kappes et al. (2011) não encontraram interação e diferenças significativas para altura de plantas, diâmetro do colmo e altura de inserção da primeira espiga, ao comparar espaçamentos entre linhas, e apenas constataram diferenças entre híbridos devido a variabilidade genética. Resultados semelhantes foram observados por Demétrio et al. (2008), que verificaram que o espaçamento entre linhas não interferiu na altura de plantas.

Segundo Almeida et al. (2000) a menor altura de planta é desejável por permitir cultivos em maiores densidades e maior eficiência na colheita mecânica pela redução de problemas relacionados ao acamamento e quebramento de plantas antes da colheita dos grãos.

A arquitetura foliar do híbrido é um fator importante que deve ser considerado no momento da escolha do espaçamento entre linhas. A arquitetura foliar pode ser classificada conforme o ângulo da folha com o colmo em aberta, semi ereta e ereta (FANCELLIE e DOURADO NETO, 2004).

Dourado Neto et al. (2003) avaliaram híbridos com diferentes arquiteturas foliares, aberta (AG1051), semi ereta (AG7575) e ereta (DKB911) em espaçamentos entre linhas de 0,4 e 0,8 m e com população de 30.000, 60.000 e 90.000 plantas ha^{-1} e constataram que houve efeito significativo do espaçamento sobre a produtividade de grãos, para o híbrido AG1051. De acordo com os autores, houve diferença entre a produtividade na população mais elevada, devido a otimização de interceptação de luz e redução do espaçamento entre fileiras. O efeito positivo na produtividade de grãos em alta população obedece a seguinte ordem: a) genótipo de arquitetura foliar ereta; b) arquitetura foliar semi ereta e c) arquitetura foliar aberta, desde que não haja limitação de água e nutrientes.

Com o surgimento no mercado de novas cultivares de milho com arquitetura foliar mais ereta, dossel mais compacto, ciclo mais curto e com o uso de maiores populações de plantas por hectare em espaçamentos reduzidos entre linhas, torna-se evidente a importância de novos estudos para seleção de genótipos que apresentam elevada produtividade de grãos e massa de forragem para ensilagem em associação a qualidade bromatológica para a região Centro-sul do Paraná.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Local de condução dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos no campo experimental do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro Oeste, UNICENTRO, localizado no *campus* CEDETEG, no município de Guarapuava, na região Centro Sul do Paraná, cujas coordenadas geográficas são 25º23'36'' de latitude sul e 51°27'19'' de longitude oeste e 1.100 metros de altitude. O clima, segundo a classificação de Köppen, é Cfb subtropical, sem estação seca definida, com temperatura média do mês mais quente inferior a 22 °C e com precipitação anual média de 1.800 mm (SANTOS et al., 2006).

Os dados da precipitação pluviométrica durante o período do experimento, de 18 de outubro de 2013 a 05 de maio de 2014, foram obtidos na estação meteorológica do *Campus* CEDETEG (Figura 1).

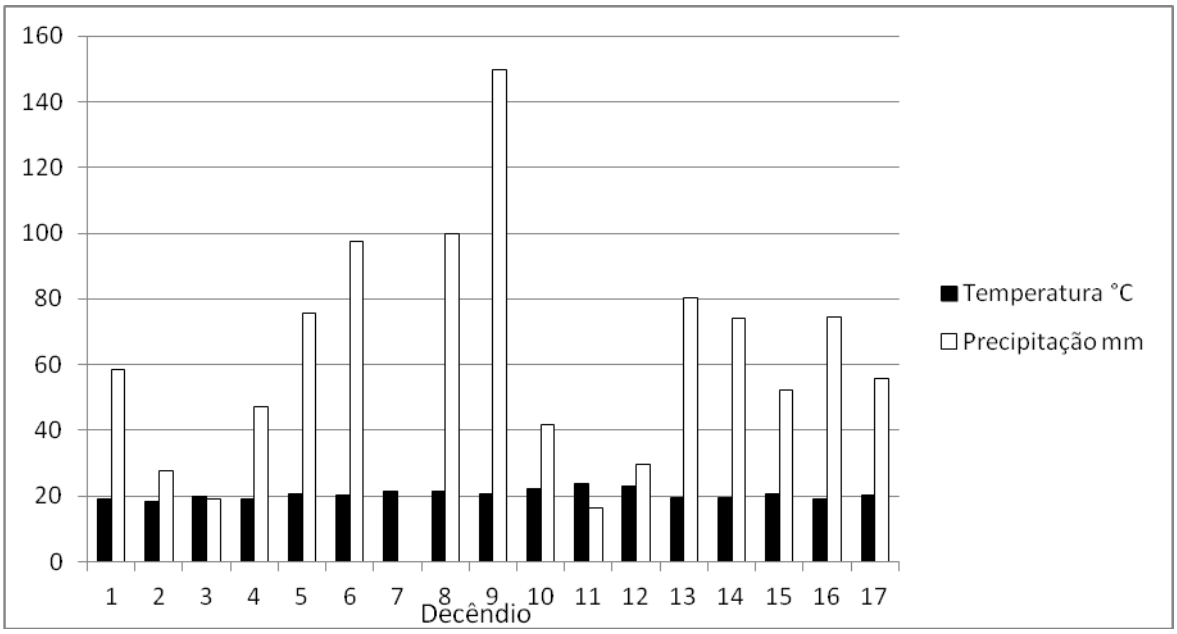

Figura 1. Dados da precipitação pluviométrica (mm) e temperatura (°C), obtidos na estação meteorológica do *Campus* CEDETEG, Guarapuava-PR.

4.2. Material genético

Três híbridos comerciais de milho, nas suas versões convencionais (P30B39, AS1572 e SG6015), que se destacaram em experimentos na região de Guarapuava quanto à produtividade de grãos e/ou silagem, foram utilizados para geração de três populações, denominadas de pop 102, pop 103 e pop 203, respectivamente, a partir das quais foram obtidas linhagens S_3.

No ano de 2012, foram semeadas em campo isolado 25 linhagens S_3 de cada população, que foram cruzadas em esquema de *topcross* com um testador, o híbrido simples DKB245.

No ano de 2013 foram avaliados os 75 híbridos *topcrosses*, juntamente com os híbridos comerciais P30B39 H, AS1572, SG6030 PRO, DKB315 PRO, P30F53 H e DKB245 (testador), utilizados como testemunhas, totalizando 81 genótipos. Na Tabela 1 encontra-se a caracterização dos híbridos comerciais utilizados na geração das populações, bem como das testemunhas e do testador, que foram selecionados por comporem grande área de cultivo na região de Guarapuava.

Tabela 1. Caracterização dos híbridos comerciais utilizados como parentais na obtenção das linhagens S_3, testador e testemunhas. Guarapuava: UNICENTRO, 2015.

Híbrido	Tipo[1]	Textura do grão	Ciclo[2]	Uso[3]	Empresa
P30B39 H	HS	Semiduro	SP	G/SPI	Pioneer
AS1572	HS	Semidentado	P	G	Agroeste
SG6015	HSm	Duro	P	G/SGU	LG Sementes
DKB245 PRO2	HS	Semidentado	P	G	Dekalb
SG6030 PRO	HS	Semidentado	P	G/SPI/SGU	LG Sementes
DKB315 PRO	HSm	Semidentado	SP	G	Dekalb
P30F53 H	HS	Semidentado	P	G	Pioneer

[1]HS: híbrido simples; HSm: híbrido simples modificado; [2]P: precoce; SP: superprecoce; [3]G: grãos; SPI: silagem de planta inteira; SGU: silagem de grãos úmidos.

Na Tabela 2 encontra-se a descrição das linhagens parcialmente endogamicas que originaram os híbridos *topcrosses.*

Tabela 2. Linhagens S_3 utilizadas na obtenção dos híbridos *topcrosses*.

Topcross[(1)]	Linhagem[(2)]	População[(3)]	*Topcross*[(1)]	Linhagem[(2)]	População[(3)]
HTC102-01	L15.1	102	HTC103-14	L57.2	103
HTC102-02	L30.1	102	HTC103-15	L61.1	103
HTC102-03	L41.1	102	HTC103-16	L61.2	103
HTC102-04	L47.3	102	HTC103-17	L61.3	103
HTC102-05	L54.1	102	HTC103-18	L74.3	103
HTC102-06	L64.1	102	HTC103-19	L78.1	103
HTC102-07	L69.2	102	HTC103-20	L79.2	103
HTC102-08	L78.1	102	HTC103-21	L81.1	103
HTC102-09	L81.1	102	HTC103-22	L81.2	103
HTC102-10	L85.4	102	HTC103-23	L82.1	103
HTC102-11	L98.4	102	HTC103-24	L82.2	103
HTC102-12	L106.1	102	HTC103-25	L88.1	103
HTC102-13	L113.1	102	HTC203-01	L10.2	203
HTC102-14	L114.1	102	HTC203-02	L25.1	203
HTC102-15	L143.2	102	HTC203-03	L29.6	203
HTC102-16	L147.2	102	HTC203-04	L36.1	203
HTC102-17	L148.1	102	HTC203-05	L43.1	203
HTC102-18	L189.1	102	HTC203-06	L64.1	203
HTC102-19	L190.3	102	HTC203-07	L65.1	203
HTC102-20	L192.1	102	HTC203-08	L66.1	203
HTC102-21	L223.1	102	HTC203-09	L103.1	203
HTC102-22	L226.2	102	HTC203-10	L131.1	203
HTC102-23	L227.4	102	HTC203-11	L142.1	203
HTC102-24	L235.1	102	HTC203-12	L159.6	203
HTC102-25	L260.1	102	HTC203-13	L166.2	203
HTC103-01	L01.1	103	HTC203-14	L173.1	203
HTC103-02	L12.2	103	HTC203-15	L180.1	203
HTC103-03	L15.3	103	HTC203-16	L184.2	203
HTC103-04	L17.1	103	HTC203-17	L200.1	203
HTC103-05	L17.2	103	HTC203-18	L201.1	203
HTC103-06	L22.1	103	HTC203-19	L206.1	203
HTC103-07	L36.1	103	HTC203-20	L207.1	203
HTC103-08	L45.1	103	HTC203-21	L218.3	203
HTC103-09	L48.1	103	HTC203-22	L222.1	203
HTC103-10	L51.1	103	HTC203-23	L237.1	203
HTC103-11	L52.2	103	HTC203-24	L238.1	203
HTC103-12	L52.3	103	HTC203-25	L243.2	203
HTC103-13	L54.1	103			

(1)HTC: Híbrido *topcross*, **(2)**L: Linhagem S_3 genitora do *topcross*, **(3)**Populações 102, 103 e 203, derivadas dos híbridos P30B39, AS1572 e SG6015, respectivamente.

4.3 Implantação e condução dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos em sistema de plantio direto consolidado, com aveia (*Avena strigosa*) como cultura antecessora. Trinta dias antes da semeadura dos experimentos, a

área foi dessecada com herbicida glifosato Nortox® (Glifosato), na dosagem de três litros por hectare.

Dois experimentos contíguos foram conduzidos simultaneamente, no delineamento látice triplo 9x9. As parcelas foram constituídas por duas linhas de cinco metros. No primeiro experimento o espaçamento entre linhas foi de 0,4 m e no segundo foi de 0,7 m.

Na semeadura utilizou-se na adubação de base 300 Kg ha^{-1} da formulação NPK 08-30-20. A semeadura foi realizada por meio de matracas, depositando as sementes nas linhas previamente sulcadas com semeadora para plantio direto, utilizada também para distribuir o adubo de base.

Trinta dias após a semeadura foi realizado o raleio das plantas em cada parcela para obtenção da densidade final de 70.000 plantas ha^{-1} em ambos os experimentos.

Em ambos os experimentos as adubações nitrogenadas de cobertura foram realizadas quando as plantas atingiram entre três e quatro folhas (estádio V3-V4) e seis a sete folhas (estádio V6-V7), com aplicação de 200 Kg ha^{-1} de uréia (46% de N) em cada, totalizando 184 Kg ha^{-1} de nitrogênio em cobertura.

As sementes foram tratadas com o inseticida Cropstar® (Imidacloprido + Tiodicarbe) na dosagem de 0,35 litros para 60.000 sementes. Para o manejo de pragas foram realizadas três aplicações dos inseticidas Nomolt® (Teflubenzurom) na dosagem de 0,08 litros ha^{-1} e Lorsban® (Clopirifós) na dosagem de 0,5 litros ha^{-1}. Para o manejo de plantas daninhas foram feitas duas aplicações em pós emergência dos herbicidas Atrazina® (Atrazine) na dosagem de 3 litros ha^{-1} + Soberan® na dosagem de 0,24 litros ha^{-1}. Não foram realizadas aplicações de fungicidas.

4.4 Avaliações dos caracteres produtivos e bromatológicos da forragem

Cada parcela foi composta de duas linhas, em que uma linha de cada parcela foi utilizada para avaliações relacionadas à produtividade e qualidade bromatológica da forragem da planta inteira no ponto de ensilagem, e na outra linha foram colhidas todas as plantas para estimar a produtividade de grãos.

O ponto de ensilagem das plantas de cada parcela foi monitorado até os grãos atingirem ¾ da linha do leite. Neste ponto foi realizado o corte manual de todas as plantas de uma linha da parcela, a 0,2 m do solo.

Após o corte as plantas foram imediatamente pesadas para a determinação da produtividade de massa verde no ponto de ensilagem (PMV), posteriormente seis plantas de cada parcela foram amostradas aleatoriamente e picadas em um triturador estacionário da marca

Nogueira®, modelo EM 6400, com tamanho médio de partícula de dois centímetros, obtendo-se então a forragem da planta inteira no ponto de ensilagem.

Posteriormente o material picado de cada parcela foi homogeneizado e uma amostra de 0,5 kg foi acondicionada em saco plástico e mantida em freezer como contra-amostra. Outras duas amostras de 0,2 kg cada foram levadas para secagem em estufa de circulação forçada de ar a 55 °C para obtenção de peso constante, para determinação de produtividade de massa seca da forragem no ponto de ensilagem (PMS). Após, cada amostra seca foi moída em moinho estacionário tipo Willey, com peneira de 1 mm de malha e acondicionada em sacos plásticos para realização de análises bromatológicas.

4.5 Caracteres agronômicas

Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos nos dois espaçamentos entre linhas 0,4 m e 0,7 m, respectivamente:

a) Florescimento Masculino (FM): número de dias decorridos para que 50% das plantas da parcela liberassem pólen, a contar da emergência das plantas;

b) Florescimento Feminino (FF): número de dias decorridos para que 50% das plantas da parcela emitissem estilo-estigma na espiga, a contar da emergência das plantas;

c) Altura da Planta (AP): medida realizada após o completo florescimento de seis plantas competitivas amostradas de cada parcela, tomada do nível do solo até a inserção da última folha (folha-bandeira), em metros;

d) Altura da Espiga (AE): medida realizada após o completo florescimento de seis plantas competitivas amostradas de cada parcela, tomada do nível do solo até a inserção da espiga principal, em metros;

e) Prolificidade (PR): razão entre o número total de espigas e o número total de plantas da parcela;

f) Produtividade de Massa Verde (PMV): foi realizado o corte de todas as plantas de uma das linhas da parcela, no ponto de ensilagem (3/4 da linha do leite), a 0,2 m do solo, com posterior pesagem e estimativa em t ha^{-1};

g) Produtividade de Massa Seca (PMS): Foram coletadas amostras da massa verde da forragem no ponto de ensilagem de forma homogênea e representativa, que foram pesadas e pré-secadas em estufa de ventilação forçada a 55ºC. Após atingir peso constante, as amostras foram pesadas novamente para determinação da produção de massa seca, com posterior estimativa para t ha^{-1}.

h) *Stay green* (SG)*:* contagem do número de folhas secas de cinco plantas competitivas de cada parcela no estádio de ponto de ensilagem;

i) Ponto ideal de corte das plantas para ensilagem, após o florescimento masculino (PCS): obtido pelo número de dias do florescimento masculino das plantas até atingirem o ponto ideal de corte para ensilagem.

j) Produtividade de grãos (PG): estimada por meio da massa de grãos, avaliada com auxilio de balança eletrônica, resultante da debulha do total de espigas de uma linha da parcela, corrigida para 13% de umidade, pelo estimador PG = PC (100-U)/87, em que:

PG: produtividade de grãos corrigida para 13% de umidade;

PC: massa de grãos no momento da colheita;

U: teor de umidade dos grãos em cada parcela no momento da pesagem

l) Massa de mil grãos (MMG): obtida pela massa de 8 sub-amostras de 100 grãos, tomados ao em cada parcela, com teor de umidade corrigidos para 13%, e então extrapolado para obtenção da massa de mil grãos.

4.6 Caracteres bromatológicas da forragem

No Laboratório Multidisciplinar de Análise de Alimentos e Nutrição de Ruminantes da UNICENTRO foram analisadas em duplicatas as seguintes características bromatológicas da forragem no ponto de ensilagem:

Teor de massa seca da planta inteira (MS%): determinado em secagem por estufa a 105 °C até peso constante (SILVA e QUEIROZ, 2002).

Componentes da parede celular: teores de fibra insolúvel em detergente neutro (FDN) e fibra insolúvel em detergente ácido (FDA), em % da massa seca da forragem da planta inteira, obtidos utilizando aparelho digestor marca Tecnal® modelo TE-149 e solução de detergente neutro e ácido de acordo com Van Soest et al. (1991). Na determinação da FDN foram utilizados 0,5 mililitros de α-amilase termoestável para cada amostra de forragem.

Os valores obtidos dos teores de FDN e FDA foram utilizados para estimar o valor relativo da silagem (VRS), obtido pelo estimador VRS = (DMS*CMSP)/1,29, conforme Bolsen (1996). DMS (%) é digestibilidade estimada da MS, ou seja, DMS = 88,9-(0,779*FDA), conforme Bolsen (1996). CMSP (%PV) é uma estimativa do consumo de MS em função do peso vivo, ou seja, CMSP = 120/FDN, conforme Mertens (1994).

As análises da digestibilidade *in situ* (DIV) da forragem da planta inteira colhida no ponto de ensilagem foram realizadas nas dependências do Departamento de Zootecnia da

Universidade Estadual de Maringá - UEM. De cada tratamento foi analisada uma amostra composta pela junção de dois espaçamentos entre linhas 0,4 m e 0,7 m, respectivamente, portanto das seis repetições do campo. Foram utilizados três bois de raça holandesa para realizar a digestibilidade da forragem em *in situ*, em que cada animal corresponde a uma repetição.

Para incubação ruminal foram utilizados saquinhos de tecido *nylon* 'poliester' de dimensões 10 x 15 cm. Cada saquinho recebeu seis gramas de forragem da planta inteira no ponto de ensilagem, secos a 55 °C.

Na avaliação da digestibilidade *in situ* foram utilizados três bois da raça Holandesa, fistulados no rúmen. Cada animal recebeu 81 pacotes, referentes aos 81 tratamentos. Os animais foram adaptados durante duas semanas antes da realização das análises com uma dieta padrão de 20% de concentrado e 80% de silagem de milho.

As amostras foram incubadas pelo período de 24h para estimar a digestibilidade *in situ* da forragem no ponto de ensilagem. Todos os saquinhos contendo amostras foram fechados com elástico contendo um anel de metal pelo qual foi passada uma corrente para fixação de todos os pacotes. Foi adicionado um peso de 0,5 kg na extremidade inferior da corrente para evitar a flutuação dos pacotes no rúmen.

Decorridas 24h de incubação, todos os saquinhos foram retirados ao mesmo tempo e mergulhados em água gelada. Em seguida, foram lavados em água corrente até a mesma escoar límpida. Os saquinhos foram levados para estufa de ventilação forçada a 55 °C até atingir peso constante, e posteriormente procedeu-se a pesagem de cada saquinho. Então, foi determinada a digestibilidade ruminal da massa seca da forragem no tempo de 24h de incubação e os resultados foram expressos em percentagem referente à massa seca inicial.

4.7 Análises estatísticas

Em ambos os experimentos, depois de constatado efeito não significativo do número de plantas por parcela, foi realizada a correção do estande pelo método da covariância (RAMALHO et al., 2000), considerando o estande ideal de 28 e 49 plantas por parcela nos espaçamentos entre linhas de 0,4 m e de 0,7 m, respectivamente, para estande final de 70.000 plantas ha^{-1}.

Os dados foram submetidos à avaliação da homogeneidade e normalidade das variâncias residuais pelos testes de Bartlett e Lilliefors, respectivamente, para todas as características agronômicas avaliadas. Em seguida foi realizada análise de variância individual e conjunta segundo o delineamento em látice Como o látice apresentou baixa eficiência para todas as características avaliadas, as análises de variância foram realizadas em delineamento em blocos casualizados, conforme o seguinte modelo estatístico:

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

Em que:

Y_{ijk}: é o valor fenotípico do caráter Y medido no genótipo i, no espaçamento j;

m: é a média geral;

G_i: é o efeito do genótipo i (i = 1, 2, ..., i);

A_j: é o efeito do espaçamento j (j = 1,2);

B/A_{jk}: é o efeito de blocos dentro de espaçamento;

GA_{ij}: é o efeito da interação do genótipo i com o espaçamento j;

e_{ijk}: é o erro médio associado à observação Y_{ijk}.

Os efeitos de G e A foram considerados fixos.

As médias dos tratamentos foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade e as análises foram realizadas com o auxílio do software estatístico Genes (CRUZ, 2013).

Foram obtidas estimativas dos contrastes de interesse entre as médias dos *top crosses* das populações de origem das linhagens S_3 de milho, bem como entre estas e a média das testemunhas (Tabela 2). Esta análise foi realizada com auxílio do software estatísco Sisvar a 5% de probabilidade pelo teste F (FERREIRA, 2011).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Características agronômicas

A precipitação pluvial total registrada durante o período experimental, de 1.096 mm (Figura 1), é considerada adequada para o desenvolvimento da cultura, desde que ocorra distribuição adequada, uma vez que na literatura há relatos de exigência média entre 350 e 500 mm de precipitação para que o milho produza satisfatoriamente, sem a necessidade de irrigação (FANCELLIE e DOURADO NETO, 2004). No entanto, não houve distribuição adequada das chuvas durante o período da cultura, fator que pode influenciar a produtividade. No período de 28/10/2013 a 16/11/2013 ocorreram baixos acumulados de chuva. Neste período as plantas estavam na fase inicial de desenvolvimento, período crucial para a definição do potencial produtivo (WEISMANN, 2008). Outro momento de estiagem foi verificado no estádio VT (florescimento masculino), período importante para a polinização e produção de grãos.

O resumo da análise de variância conjunta da altura de planta (AP) e da altura de inserção de espiga (AE) está apresentado na Tabela 3 e da produtividade de grãos (PG), massa de mil grãos (MMG) e prolificidade (PR) está apresentado na Tabela 4.

Os coeficientes de variação para as características AP, AE, PG, MMG e PR foram de 3,38%, 4,89%, 10,89%, 6,26% e 5,01%, respectivamente (Tabelas 3 e 4), e se encontram dentro dos padrões adequados de experimentação de acordo com Scapim et al. (1995), evidenciando boa precisão na condução dos experimentos, permitindo confiabilidade nas inferências realizadas. Resultados semelhantes foram observados por Takasu et al. (2014) para os coeficientes de variação das características AP (3,39%) e AE (4,59%) na avaliação da cultura do milho em função do preparo de solo e arranjo espacial de plantas. Esses dados corroboram com Silva et al. (2014), que relataram coeficiente de variação de 4,40% para altura de plantas e 5,54% para altura de inserção da espiga principal, ao avaliarem o efeito de três densidades de populações de plantas em dois espaçamento entre linhas em Alta Floresta-MT.

Gralak et al. (2014) obtiveram coeficientes de variação mais altos para AP (11,66%) e AE (12,25%) ao avaliarem a capacidade combinatória de híbridos de milho na região de Guarapuava-PR. Gilo et al. (2011) também encontraram resultados mais elevados para o coeficientes de variação de AP (5,75%) e AE (9,29%), quando avaliaram o comportamento de híbridos de milho no cerrado Sul-Matogrossense, sob diferentes espaçamentos entre linhas.

O valor mais elevado de coeficiente de variação foi observado para produtividade de grãos (10,98%), seguido massa de mil grãos (6,26%) mostrando serem os caracteres mais

influenciados pelo ambiente. Gralak et al. (2014) e Marcondes (2012) também constataram coeficientes de variação experimental mais elevados para a produtividade de grãos na região de Guarapuava-PR, no entanto, Rossi (2014) relatou para produtividade valor menor para coeficiente de variação (4,56%) na avaliação de 12 híbridos de milho nos municípios de Guarapuava e Laranjeiras do Sul, no estado do Paraná.

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta da altura de plantas (AP) e altura de inserção da espiga (AE), referentes a 75 híbridos *topcrosses* de milho e 6 testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14 no município de Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

		Quadrado Médio	
Fonte de variação	GL	AP (m)	AE (m)
Bloco/Espaçamento	4	0,03594	0,01929
Genótipo (G)	80	0,03592*	0,02850*
Espaçamento (E)	1	0,04584	0,06315
G x E	80	0,00639	0,00801*
Erro médio	320	0,00678	0,00523
Média Geral		2,43	1,47
CV (%)		3,38	4,89

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 4. Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos (PG), massa de mil grãos (MMG) e prolificidade (PR), referentes a 75 híbridos *topcrosses* de milho e 6 testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14 no município de Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

		Quadrado Médio		
Fonte de variação	GL	PG (kg ha^{-1})	MMG (g)	PR
Bloco/Espaçamento	4	13034417,89	3874,95	0,00407
Genótipo (G)	80	6152281,29*	2465,44*	0,01317*
Espaçamento (E)	1	88891252,27	9919,41	0,05227
G x E	80	3175863,64*	551,90*	0,00290
Erro médio	320	1479114,19	410,14	0,00226
Média Geral		11.157	323	0,94
CV (%)		10,89	6,26	5,01

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Na análise de variância conjunta o teste F mostrou significância a 5% de probabilidade para a fonte de variação genótipos para todas as características avaliadas (Tabelas 3 e 4).

Não houve efeito significativo do espaçamento entre linhas sobre as características AP, AE, PG, MMG e PR (Tabelas 3 e 4). Estes resultados corroboram com Demétrio et al. (2008), Calonego et al. (2011) e Gilo et al. (2011), enquanto outros trabalhos recentes discordam com os

resultados obtidos neste experimento. Silva et al. (2014) obtiveram resultados significativos para AP e AE em função de diferentes espaçamentos entre linhas e Turco (2011) relatou valores significativos para AP em Guarapuava-PR nos espaçamentos de 0,4 e 0,8 m na população de 70.000 plantas ha^{-1}. Silva et al. (2014) constataram que o espaçamento de 0,45 m, com população final de 60.000 e 80.000 plantas ha^{-1}, promoveu aumento na produtividade de grãos em 17,2% em relação ao espaçamento 0,9 m, sendo o comprimento da espiga e o números de grãos por fileiras os responsáveis pelo maior incremento na produtividade.

Vale ressaltar que em ambos os espaçamentos entre linhas os híbridos *topcrosses* foram avaliados com densidade de 70.000 plantas ha^{-1}, e na literatura foi verificado a existência de muitos trabalhos relacionando híbridos comerciais em diferentes densidades de população de plantas e com espaçamentos entre linhas. Há escassez de dados na literatura sobre avaliação de híbridos *topcross* nessas condições.

Houve efeito significativo da interação genótipos x espaçamentos, para as características AE, PG e MMG (Tabelas 3 e 4), mostrando o comportamento diferenciado dos genótipos frente as variações ambientais causadas pelos diferentes espaçamentos entre linhas e, consequentemente, do arranjo das plantas, reforçando a importância da avaliação dos genótipos em diferentes espaçamentos.

Não houve efeito significatio da interção genótipos x espaçamentos para AP (Tabela 3), portanto, foram apresentados os valores médios da análise conjunta (Tabela 5), com média geral de 2,43 m.

Para AP houve a formação de cinco grupos distintos de genótipos pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, com médias variando de 2,25 m (HTC103-07) a 2,72 m (HTC102-01) (Tabela 5). Pode-se inferir que há variabilidade genética entre as linhagens para a caracteristica AP, possibilitando a seleção daquelas com menor altura, para prosseguir no programa de melhoramento por meio de autofecundações para obtenção da homozigose.

O acamamento de plantas pode ser favorecido com o aumento da altura de plantas e de espigas e redução do diâmetro do colmo com o aumento da densidade de plantas, no entanto o fator genético é importante. Amaral Filho et al. (2005) salientam que o híbrido AG9010 tende a ser mais tolerante ao acamamento, pois além do porte menor, as características anatômicas das células e da morfologia da própria cultivar conferem maior resitencia ao acamamento.

Tabela 5. Valores médios de altura de plantas (AP) e altura de inserção da espiga principal (AE), em metros (m), de 75 híbridos *topcrosses* de milho e 6 testemunhas avaliados nos espaçamentos entre linhas de 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

	AP (m)		AE (m)					
Topcross	Média conjunta		0,4 m			0,7 m		
HTC102-01	2,72	a	1,49	b	B	1,66	a	A
HTC102-02	2,37	d	1,45	c		1,53	a	
HTC102-03	2,46	c	1,36	c	B	1,50	a	A
HTC102-04	2,38	d	1,45	c		1,45	b	
HTC102-05	2,44	d	1,37	c		1,46	b	
HTC102-06	2,52	c	1,46	c		1,54	a	
HTC102-07	2,38	d	1,42	c		1,39	b	
HTC102-08	2,46	c	1,48	b		1,56	a	
HTC102-09	2,49	c	1,65	a	A	1,49	a	B
HTC102-10	2,38	d	1,43	c		1,41	b	
HTC102-11	2,45	c	1,53	b		1,57	a	
HTC102-12	2,49	c	1,44	c	B	1,58	a	A
HTC102-13	2,35	e	1,47	b		1,49	a	
HTC102-14	2,34	e	1,31	d	B	1,43	b	A
HTC102-15	2,42	d	1,43	c		1,49	a	
HTC102-16	2,48	c	1,48	b		1,47	b	
HTC102-17	2,44	d	1,54	b		1,53	a	
HTC102-18	2,43	d	1,40	c		1,45	b	
HTC102-19	2,41	d	1,46	c		1,38	b	
HTC102-20	2,43	d	1,49	b		1,56	a	
HTC102-21	2,46	c	1,54	b		1,59	a	
HTC102-22	2,38	d	1,39	c		1,39	b	
HTC102-23	2,38	d	1,42	c		1,41	b	
HTC102-24	2,42	d	1,50	b		1,46	b	
HTC102-25	2,51	c	1,56	b		1,54	a	
HTC103-01	2,47	c	1,48	b		1,51	a	
HTC103-02	2,42	d	1,50	b		1,42	b	
HTC103-03	2,46	c	1,45	c		1,45	b	
HTC103-04	2,58	b	1,53	b		1,55	a	
HTC103-05	2,50	c	1,48	b		1,39	b	
HTC103-06	2,36	e	1,52	b		1,51	a	
HTC103-07	2,25	e	1,23	e	B	1,38	b	A
HTC103-08	2,36	e	1,46	c		1,49	a	
HTC103-09	2,31	e	1,37	c		1,43	b	
HTC103-10	2,53	c	1,44	c	B	1,60	a	A
HTC103-11	2,45	d	1,44	c		1,50	a	
HTC103-12	2,38	d	1,43	c		1,44	b	
HTC103-13	2,42	d	1,43	c	B	1,54	a	A
HTC103-14	2,38	d	1,31	d	B	1,46	b	A
HTC103-15	2,42	d	1,40	c		1,45	b	
HTC103-16	2,39	d	1,36	c	B	1,57	a	A
HTC103-17	2,43	d	1,43	c		1,49	a	
HTC103-18	2,47	c	1,58	a		1,60	a	
HTC103-19	2,38	d	1,44	c		1,42	b	

Tabela 5 continuação...

HTC103-20	2,31	e	1,21	e	B	1,37	b	A
HTC103-21	2,32	e	1,38	c		1,43	b	
HTC103-22	2,43	d	1,55	b		1,54	a	
HTC103-23	2,37	d	1,47	b		1,44	b	
HTC103-24	2,58	d	1,66	a		1,59	a	
HTC103-25	2,35	e	1,49	b		1,44	b	
HTC203-01	2,39	d	1,40	c		1,50	a	
HTC203-02	2,40	d	1,43	c		1,42	b	
HTC203-03	2,47	c	1,55	b		1,48	b	
HTC203-04	2,59	b	1,49	b		1,52	a	
HTC203-05	2,59	b	1,53	b		1,54	a	
HTC203-06	2,51	c	1,49	b		1,55	a	
HTC203-07	2,33	e	1,33	d		1,38	b	
HTC203-08	2,43	d	1,51	b		1,48	b	
HTC203-09	2,44	d	1,47	b		1,56	a	
HTC203-10	2,53	c	1,65	a		1,63	a	
HTC203-11	2,42	d	1,51	b		1,47	b	
HTC203-12	2,35	e	1,52	b	A	1,38	b	B
HTC203-13	2,45	c	1,50	b		1,56	a	
HTC203-14	2,27	e	1,39	c		1,41	b	
HTC203-15	2,45	c	1,43	c		1,50	a	
HTC203-16	2,40	d	1,39	c	B	1,52	a	A
HTC203-17	2,41	d	1,58	a		1,50	a	
HTC203-18	2,46	c	1,52	b		1,53	a	
HTC203-19	2,50	c	1,55	b		1,51	a	
HTC203-20	2,42	d	1,60	a		1,54	a	
HTC203-21	2,47	c	1,59	a		1,56	a	
HTC203-22	2,58	b	1,52	b		1,60	a	
HTC203-23	2,40	d	1,41	c		1,41	b	
HTC203-24	2,53	c	1,54	b		1,53	a	
HTC203-25	2,36	e	1,40	c		1,43	b	
Testemunhas								
DKB 245 PRO2 (T)	2,41	d	1,48	b		1,42	b	
P30F53 H	2,49	c	1,55	b		1,53	a	
P30B39 H (G)	2,41	d	1,40	c		1,32	b	
AS1572 (G)	2,43	d	1,51	b		1,53	a	
DKB315 PRO	2,51	c	1,62	a		1,59	a	
SG6030 PRO	2,41	d	1,44	c		1,48	b	
Média Geral	2,44		1,46			1,49		
Média HTC	2,43		1,50			1,48		

*****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.
(T) = Testador, (G) = Genitor, HTC = híbrido *topcross*.

Dos 75 híbridos *topcrosses* avaliados, 13 foram classificados no grupo com menor AP, com médias variando de 2,25 m (HTC103-07) a 2,36 m (HTC103-06), sendo dois *topcrosses* cujas linhagens são de origem da população 102, sete de origem da população 103 e quatro de origem da população 203 (Tabela 5).

No segundo grupo foram classificados 33 híbridos *topcrosses* (Tabela 5), com médias de AP oscilando de 2,37 m (HTC102-02) a 2,45 m (HTC103-11), os quais não diferiram significativamente do híbrido testador DKB245 PRO2 (2,41 m) e das testemunhas P30B39 H (2,41 m), SG6030 PRO (2,41 m) e AS1572 (2,43 m).

O terceiro grupo foi formado por 23 híbridos *topcrosses*, com amplitude das médias de 2,45 m (HTC102-11) a 2,53 m (HTC103-10), incluindo nove *topcrosses* cujas linhagens são provenientes da origem da população 102, cinco da população 103 e nove da população 203, os quais não diferiam significativamente das testemunhas P30F53 H (2,49 m) e DKB315 PRO (2,51 m) (Tabela 5).

O quarto grupo foi formado por cinco híbridos *topcrosses*, com médias oscilando de 2,58 (HTC203-22) a 2,59 m (HTC203-05), incluindo dois *topcrosses* cujas linhagens são provenientes da população 103 e três da população 203. No último grupo, com maior AP, foi classificado o híbrido *topcross* HTC102-01 (2,72 m) superior aos demais *topcrosses* e testemunhas (Tabela 5).

O testador, o híbrido DKB245, foi eficiente para discriminar a AP das linhagens nos dois espaçamentos entre linhas, e houve a formação de cinco grupos distintos de genótipos para esta característica pelo teste de agrupamento de médias Scott-Knot a 5% de probabilidade (Tabela 5). No programa de melhoramento de milho, um dos objetivos é a obtenção de híbridos com menor porte, o que está relacionado com o menor índice de tombamento e quebramento de plantas (ALVAREZ et al., 2006).

De acordo com Pinto et al. (2010) plantas que apresentam altura de 2,20 a 2,80 m caracterizam-se de porte médio e plantas menores que 2,20 m de porte baixo. Dessa forma, todos os genótipos avaliados nos experimentos podem ser considerados de porte médio. Genótipos com AP e AE mais baixos são desejáveis, pois são menos vulneráveis ao acamamento e o quebramento de plantas (ALVAREZ et al., 2006). Neumann (2011) recomenda híbridos com AP ideal de 1,9 a 2,6 m para confecção de silagem.

Os valores médios para AE estão descritos na Tabela 5. Houve a formação de cinco grupos distintos de genótipos pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade no espaçamento entre linhas de 0,4 m, com valores oscilando de 1,21 m a 1,66 m, relativos aos *topcrosses* das linhagens L79.2 e L82.2, respectivamente, ambas de origem da população 103. Há variabilidade genética entre as linhagens de uma mesma população para AE, possibilitando fazer seleção de genótipos promissores para prosseguir no programa de melhoramento.

No grupo de genótipos classificados com a menor AE, há dois híbridos *topcrosses* de linhagens de origem da população 103, com inserção da espiga principal próxima a 1,20 m (Tabela 5).

Foram classificados cinco híbridos *topcrosses* no grupo de genótipos com maior AE, que não diferiram significativamente do híbrido testemunha DKB315 PRO (1,62 m) (Tabela 5).

No espaçamento entre linhas de 0,7 m ocorreu a formação de apenas dois grupos de genótipos para a AE, com amplitude dos valores de 1,32 m (P30B39 H) a 1,66 m (HTC102-01) (Tabela 5). No grupo de menores AE foram selecionados 33 híbridos *topcrosses* que não diferiram significativamente do híbrido genitor P30B39 H (1,23 m), do testador DKB245 PRO2 (1,42 m) e da testemunha SG6030 PRO (1,48 m) (Tabela 5).

O grupo de genótipos com maior AE incluiu 42 híbridos *topcrosses* que não diferiram significativamente dos híbridos AS1572 (1,53 m), P30F53 H (1,53 m) e DKB245 PRO (1,59 m).

Foi observada interação genótipos x espaçamentos significativa da AE para 12 híbridos *topcrosses*, sendo de 4, 6 e 2 linhagens S_3 de origem das populações 102, 103 e 203 respectivamente, mostrando o comportamento diferenciado dos genótipos com relação à AE quando avaliados em diferentes espaçamento entre linhas (Tabela 5).

Dentre os híbridos *topcrosses* que tiveram comportamento diferenciado em relação aos espaçamentos entre linhas avaliados nos experimentos, se destacaram 10 genótipos que tiveram valores menores para AE no espaçamento reduzido e apenas dois genótipos tiveram valores reduzidos para esse caráter no espaçamento de 0,7 m (Tabela 4).

O testador mostrou maior eficiência na discriminação de linhagens S_3 para AE no espaçamento reduzido, e houve a formação de cinco grupos distintos de genótipos nos espaçamento entre linhas de 0,4 m e dois grupos no espaçamento de 0,7 m (Tabela 5).

Para a prolificidade (PR), a anava não acusou interação genótipos x espaçamentos significativa (Tabela 4), portanto foram apresentados e discutidos os dados médios envolvendo os dois experimentos. Como foi utilizada população de 70.000 plantas por hectare em ambos os espaçamentos entre linhas, pode-se inferir que não ocorreu competição intraespecífica para esse caráter provavelmente devido a utilização de população de plantas recomendado para a região. Há trabalhos na literatura que relatam redução linear do número de espigas por planta com o aumento da densidade de plantas, e isso é atribuído ao aumento de plantas dominadas na lavoura, resultando em plantas que não produzem espigas (SANGOI et al., 2002, FOLONI et al., 2014).

Segundo Vieira Júnior et al. (2006), a prolificidade é reduzida pelo excesso de plantas e pela heterogeneidade da distribuição espacial na área. De acordo com Fornasiere Filho (2007) a redução do número médio de espigas por plantas ocorre devido a alterações morfológicas e fisiológicas que as plantas de milho podem sofrer em altas densidades populacionais.

Houve a formação de quatro grupos de genótipos quanto à prolificidade (Tabela 6), com variação de médias de 0,76 (HTC203-22) a 1,04 (HTC103-22) e média geral de 0,94 espigas por

planta, confirmando que há variabilidade entre os genótipos e que é possível fazer seleção de linhagens promissoras para esta característica para prosseguir no programa de melhoramento.

No grupo de genótipos que apresentaram maior razão de espigas por plantas (Tabela 6), se classificaram 25 híbridos *topcrosses*, com valores oscilando de 0,97 (HTC102-06) a 1,04 (HTC103-22) que não diferiram significativamente do híbrido genitor P30B39 H (1,00), com valor superior aos demais genótipos. Isso pode ser atribuído à constituição genética das linhagens para esta característica associada à capacidade de combinação com o híbrido testador.

No segundo grupo foram classificados 40 híbridos *topcrosses*, com amplitude de médias de 0,92 (HTC102-15) a 0,97 (HTC102-16), não diferindo dos híbridos testemunhas SG6030 PRO (0,96), P30F53 H (0,95) e DKB315 (0,95), testador (0,95) e genitor AS1572 (0,96) (Tabela 6).

No terceiro grupo foram classificados oito híbridos *topcrosses*, com médias oscilando de 0,85 (HTC102-21) a 0,90 (HTC203-10). No grupo que apresentou o pior desempenho da PR foram incluídos dois híbridos *topcrosses* provinientes da população 203, HTC203-08 (0,80) e HTC203-08 (0,76) (Tabela 6).

No espaçamento de 0,4 m as médias de PG variaram de 7.480 kg ha^{-1} (HTC203-13) a 14.426 kg ha^{-1} (P30F53 H) (Tabela 6), comprovando a variabilidade genética e a possibilidade de seleção de linhagens superiores para este caráter. A média geral de 11.585 kg ha^{-1} (Tabela 6) foi muito superior a média nacional (5.146 kg ha^{-1}) de acordo com Conab (2015), mas em consonância com a PG obtida em experimentos na região de Guarapuava-PR (MENDES et al., 2011, OLIBONI et al., 2012; ROSSI, 2014).

Foram formados três grupos de médias da PG no espaçamento 0,4 m , em que 48 híbridos *topcrosses* foram classificados no grupo dos mais produtivos, sendo 19, 16 e 13 *topcrosses* de linhagens de origem das populações 102, 103 e 203 respectivamente, mostrando a superioridade das linhagens S_3 utilizadas na obtenção desses cruzamentos para a PG, além de não diferirem significativamente do híbrido testador DKB245 PRO2 (12.004 kg ha^{-1}), do híbrido genitor P30B39 H (12.433 kg ha^{-1}) e das testemunhas DKB315 PRO (12.189 kg ha^{-1}) e P30F53 H (14.426 kg ha^{-1}) (Tabela 6).

No grupo de híbridos com menor PG foram classificados seis *topcrosses*, sendo um de linhagem derivada da pop 102, três da pop 103 e dois da pop 203, juntamente com o híbrido AS1572, genitor da pop 103 (8.741 kg ha^{-1}).

Tabela 6. Valores médios de prolificidade (PR), produtividade de grãos (PG) e massa de mil grãos (MMG), de 75 híbridos *topcrosses* de milho e 6 testemunhas, avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 m e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

	PR	PG (kg ha^{-1})		MMG (g)	
		Espaçamento entre linhas			
Topcross	Média conjunta	0,4 m	0,7 m	0,4 m	0,7 m
HTC102-01	1,00 a	13.934 a	12.119 a	302 c	281 b
HTC102-02	0,94 b	11.427 a	11.161 a	330 b	328 a
HTC102-03	0,95 b	12.738 a A	9.924 b B	311 c	310 b A
HTC102-04	0,93 b	11.335 a	10.995 a	312 c	314 a
HTC102-05	1,03 a	12.396 a	11.552 a	312 c	328 a
HTC102-06	0,97 a	13.374 a	11.554 a	354 b	356 a
HTC102-07	0,96 b	10.254 b	10.780 a	346 b	341 a
HTC102-08	0,93 b	13.301 a A	9.550 b B	316 c	331 a
HTC102-09	0,94 b	11.933 a	9.872 b	373 a	351 a
HTC102-10	0,97 b	11.594 a	10.504 b	280 c	278 b
HTC102-11	0,92 b	8.927 c	9.524 b	283 c	304 b
HTC102-12	0,96 b	11.493 a	11.409 a	312 c	319 a
HTC102-13	0,94 b	11.096 b	11.186 a	318 c	319 a
HTC102-14	0,94 b	11.810 a	9.934 b	305 c	288 b
HTC102-15	0,92 b	13.434 a	11.560 a	332 b	320 a
HTC102-16	0,97 b	11.812 a	12.453 a	305 c	321 a
HTC102-17	0,88 c	13.851 a	12.257 a	340 b	317 a
HTC102-18	1,00 a	12.513 a A	9.891 b B	352 b A	293 b B
HTC102-19	0,98 a	11.179 b	11.093 a	314 c	324 a
HTC102-20	1,00 a	11.700 a A	9.531 b B	375 a A	330 a B
HTC102-21	0,85 c	13.652 a	11.594 a	339 b	315 a
HTC102-22	0,86 c	10.635 b	10.989 a	320 c A	251 b B
HTC102-23	1,01 a	10.535 b	9.392 b	347 b	326 a
HTC102-24	0,95 b	13.570 a	11.614 a	340 b	331 a
HTC102-25	0,95 b	12.554 a A	9.690 b B	322 c	297 b
HTC103-01	0,96 b	12.868 a	11.368 a	312 c	341 a
HTC103-02	0,98 a	12.234 a A	10.105 b B	375 a	343 a
HTC103-03	0,93 b	13.210 a A	9.722 b B	308 c	316 a
HTC103-04	0,86 c	12.370 a	11.087 a	273 c	274 b
HTC103-05	0,99 a	10.462 b	9.318 b	299 c	292 b
HTC103-06	0,94 b	9.520 c	10.406 b	311 c	300 b
HTC103-07	0,97 b	10.236 b	8.809 b	300 c	283 b
HTC103-08	0,98 a	12.129 a	10.449 b	343 b	323 a
HTC103-09	1,01 a	11.345 a	10.100 b	323 c	306 b
HTC103-10	0,95 b	11.922 a	10.190 b	308 c	289 b
HTC103-11	0,92 b	12.690 a	11.686 a	320 c	296 b
HTC103-12	0,97 a	11.438 a	10.312 b	340 b	342 a
HTC103-13	1,00 a	12.370 a A	9.507 b B	336 b	332 a
HTC103-14	0,93 b	10.491 b	11.092 a	317 c	327 a
HTC103-15	0,94 b	9.316 c	10.595 b	330 b	322 a
HTC103-16	0,95 b	11.971 a A	9.655 b B	320 c	317 a
HTC103-17	0,98 a	12.253 a	13.116 a	355 b	329 a

Tabela 6 continuação...

HTC103-18	0,93	b	11.495	a		11.477	a		339	b	350	a	
HTC103-19	0,93	b	12.569	a		11.081	a		334	b	327	a	
HTC103-20	0,97	b	7.623	c		9.550	b		318	c	330	a	
HTC103-21	0,98	a	11.333	a	A	8.189	b	B	341	b	329	a	
HTC103-22	1,04	a	10.897	b		11.664	a		368	a	350	a	
HTC103-23	0,99	a	9.513	c		10.542	b		316	c	330	a	
HTC103-24	0,89	c	12.943	a		13.342	a		365	a	348	a	
HTC103-25	1,01	a	11.094	b		9.668	b		330	b	329	a	
HTC203-01	0,92	b	10.868	b		9.581	b		323	c	325	a	
HTC203-02	0,93	b	11.492	a		10.482	b		315	c	324	a	
HTC203-03	0,93	b	10.155	b		8.991	b		325	c	A	291	b	B
HTC203-04	0,99	a	11.702	a		12.392	a		323	c		332	a	
HTC203-05	0,96	b	13.593	a	A	10.974	a	B	326	c		324	a	
HTC203-06	1,00	a	11.015	b		11.127	a		342	b		343	a	
HTC203-07	1,01	a	12.270	a		10.580	b		398	a	A	342	a	B
HTC203-08	0,80	d	13.068	a		12.174	a		351	b		355	a	
HTC203-09	0,96	b	10.487	b		11.855	a		392	a	A	341	a	B
HTC203-10	0,90	c	10.132	b		11.329	a		316	c		308	b	
HTC203-11	0,93	b	12.809	a		10.816	a		298	c		318	a	
HTC203-12	0,94	b	9.004	c		10.058	b		331	b		325	a	
HTC203-13	0,96	b	7.480	c	B	10.791	a	A	339	b		345	a	
HTC203-14	0,88	c	12.756	a		11.222	a		335	b		352	a	
HTC203-15	0,90	c	10.138	b	B	13.004	a	A	328	c		316	a	
HTC203-16	0,95	b	10.328	b		9.231	b		308	c		294	b	
HTC203-17	0,97	a	10.308	b		10.567	b		323	c		317	a	
HTC203-18	0,98	a	12.045	a		10.642	b		281	c		268	b	
HTC203-19	0,92	b	13.901	a	A	10.859	a	B	340	b		322	a	
HTC203-20	0,95	b	10.700	b		10.056	b		331	b		317	a	
HTC203-21	0,99	a	11.556	a		10.409	b		301	c		326	a	
HTC203-22	0,76	d	12.271	a		13.027	a		327	c		321	a	
HTC203-23	0,97	b	11.720	a		9.942	b		344	b		318	a	
HTC203-24	0,93	b	12.171	a		12.067	a		341	b		313	a	
HTC203-25	1,02	a	10.935	b		9.617	b		336	b		341	a	
Testemunhas														
DKB 245 PRO2 (T)	0,95	b	12.004	a		10.350	b		322	c		298	b	
P30F53 H	0,95	b	14.426	a	A	11.476	a	B	334	b	A	285	b	B
P30B39 H (G)	1,00	a	12.433	a		11.343	a		318	c		317	a	
AS1572 (G)	0,96	b	8.741	c		9.913	b		312	c		304	b	
DKB315 PRO	0,95	b	12.189	a		10.090	b		327	c		302	b	
SG6030 PRO	0,96	b	10.380	b		11.010	a		341	b		338	a	
Média Geral	0,94		11.585			10.730			327			318		
Média HTC	0,95		11.577			10.733			328			320		

*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.
(T) = Testador, (G) = Genitor, HTC = Híbridos *topcross*.

No grupo de PG intermediaria, foram selecionados 21 híbridos *topcrosses*, sendo 5, 6 e 10 envolvendo linhagens de origem das populações 102, 103 e 203 respectivamente, juntamente com o híbrido testemunha SG6030 PRO (Tabela 6).

No espaçamento entre linhas de 0,7 m a média geral da PG foi de 10.730 kg ha^{-1} (Tabela 6), muito acima da média nacional (5.146 kg ha^{-1}) de acordo com CONAB (2015). Formaram-se dois grupos distintos de genótipos pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Foram agrupados 37 híbridos *topcrosses* no grupo de maior PG no espaçamento de 0,7 m, envolvendo 15, 9 e 13 linhagens de origem das populações 102, 103 e 203 respectivamente, que não diferiram estatisticamente do híbrido P30B39 H genitor da pop 102 (11.343 kg ha^{-1}) e dos híbridos testemunhas SG6030 PRO (11.010 kg ha^{-1}) e P30F53 H (11.476 kg ha^{-1}), comprovando o potencial das linhagens genitoras desses *topcrosses* para obtenção de novos híbridos. Esses *topcrosses* atingiram médias superiores ao híbrido genitor da pop 103 (AS1572, com 9.913 kg ha^{-1}), do híbrido testemunha DKB315 PRO (10.090 kg ha^{-1}) e do híbrido testador DKB245 PRO2 (10.350 kg ha^{-1}) que formaram o grupo de menor PG, juntamente com os demais híbridos *topcrosses* (Tabela 6).

Os resultados de PG obtidos neste trabalho concordam com Gilo et al. (2011), que relatam que o espaçamento entre linhas não interferiu na produtividade de grãos no cerrado Sul-matogrossense. Por outro lado, Alvarez et al. (2006) verificaram que a redução do espaçamento entre linhas de 0,90 m para 0,70 m proporcionou incremento na produtividade de grãos, independentemente do ano e da densidade de plantas por hectare. Alvarez et al. (2006) relatam que o espaçamento 0,7 m entre linhas proporcionou incremento de 500 kg ha^{-1} de produtividade de grãos em relação ao espaçamento de 0,9 m entre linhas.

Os valores médios obtidos neste trabalho para PG estão em consonância com Ferreira et al. (2009) que encontraram híbridos *topcrosses* de linhagens parcialmente endogâmicas S_3 com produtividades semelhantes ou superiores aos híbridos comerciais.

De acordo com Ferreira et al. (2010), a utilização de híbridos comerciais para obtenção de linhagens é uma opção viável para programas de melhoramento de milho como estratégia para obtenção de linhagens superiores, sendo uma prática muito utilizada no Brasil e nos Estados Unidos. Oliboni et al. (2013) também evidenciaram a possibilidade da extração de linhagens superiores a partir híbridos comerciais, no caso, de população obtida do cruzamento entre os híbridos P30F53 e Penta. Faria et al. (2015) relataram a possibilidade de extração de linhagens do cruzamento entre os híbridos P30F53 e GNZ2004, com estimativas favoráveis para produtividade de grãos na cultura do milho. 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 agronômico já fixadas.

A produtividade média de 11.157 kg ha^{-1} foi superior à produtividade média esperada para o Estado do Paraná na safra agrícola 2014/15, de 6.054 kg ha^{-1}, de acordo com CONAB

(2015). Porém, há relatos na região de Guarapuava com produtividades acima de 12.000 kg ha^{-1} (MENDES et al., 2011, OLIBONI et al., 2012; ROSSI, 2014).

Por apresentarem produtividade de grãos acima de 12.000 kg ha^{-1} nos dois espaçamentos entre linhas, as linhagens S_3 genitoras dos híbridos *topcrosses* da população 102 (HTC102-01 e HTC102-17), população 103 (HTC103-17 e HTC103-24) e da população 203 (HTC203-08, HTC203-22 e HTC203-24) (Tabela 6) são as mais indicadas para serem avançadas no processo de endogamia para posterior obtenção de novos híbridos.

No espaçamento de 0,7 m se destacaram quatro híbridos *topcrosses* com produtividade acima de 13.000 kg ha^{-1}, enquanto no espaçamento entre fileiras de 0,4 m foram classificados 11 híbridos *topcrosses* (Tabela 6), neste contexto pode-se inferir que neste ambiente foi mais favorável para os genótipos expressarem melhor produtividade de grãos.

A interação genótipos x espaçamentos significativa foi em decorrência do desempenho de 14 híbridos *topcrosses* e do híbrido testemunha P30F53 H, que tiveram comportamento diferenciado da PG em função das variações dos espaçamentos entre linhas (Tabela 6), reforçando a importância de fazer avaliação de genótipos de milho em diferentes espaçamentos entre fileiras no desenvolvimento de cultivares mais responsivas às diferentes opções de manejo da cultura.

Dos genótipos que contribuíram para significância da interação genótipos x espaçamentos, 12 híbridos *topcrosses* tiveram produtividade mais elevada no espaçamento reduzido, junto com a testemunha P30F53 H, e apenas dois híbridos *topcrosses* (HTC203-13 e HTC203-15) tiveram a produtividade mais elevada no espaçamento 0,7 m, ambos cujas linhagens são de origem da população 203, derivada do híbrido SG6015 (Tabela 6).

Considerando que os híbridos genitores das linhagens S_3 são genótipos que foram lançados no mercado de sementes quando o plantio de milho em espaçamento reduzido não era prática muito comum, esperava-se melhor desempenho de genótipos no espaçamento entre linhas de 0,7 m, muito embora se ressalte que não houve variação na população final de plantas em ambos os espaçamentos adotados, com 70.000 plantas ha^{-1}. Há de se considerar que no espaçamento de 0,4 m entre linhas a distribuição (arranjo) das plantas na área pode ter favorecido a PG devido à menor competição entre as plantas por água, nutrientes e radiação solar, entre outros fatores.

No espaçamento de 0,4 m entre linhas as médias de massa de mil grãos (MMG) variaram de 273 g (HTC103-04) a 398 g (HTC203-07), com média geral de 327 g (Tabela 6). Houve a formação de três grupos distintos de genótipos para a MMG pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (Tabela 6). O efeio significativo de genótipos deixa evidente que há variabilidade

entre os genótipos avaliados, gerando a possibilidade de seleção dos superiores para caráter em questão. No grupo de maior MMG foram classificados sete híbridos *topcrosses* envolvendo linhagens S_3 provenientes das três populações, que superaram inclusive os híbridos testemunhas.

No grupo intermediário da MMG foram classificados 28 híbridos *topcrosses*, proporcionalmente provenientes de linhagens S_3 originadas a partir das três populações, os quais não diferiram dos híbridos testemunhas P30F53H (334 g) e SG6030 PRO (341g). Esses genótipos atingiram médias superiores aos híbridos genitores AS1572 (312 g), P30B39 H (318 g), do híbrido testador DKB245 PRO2 (322 g), do híbrido testemunha DKB315 PRO (327 g) e dos demais *topcrosses* avaliados (Tabela 6).

No espaçamento de 0,7 m entre linhas as médias da MMG grãos variaram de 251 g (HTC102-22) a 356 g (HTC102-06), com média geral de 318 g. Ocorreu a formação de dois grupos distintos de genótipos pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (Tabela 6).

No grupo de médias de MMG mais elevadas foram classificados 57 híbridos *topcrosses*, os quais não diferiram do híbrido genitor P30B39 H (317 g) e do híbrido testemunha SG6030 PRO (338 g). Estes genótipos foram superiores aos híbridos testemunhas P30F53 H (285 g), DKB315 PRO (302 g), ao híbrido testador DKB245 PRO2 (298 g), ao híbrido genitor P30B39 H (304 g) e aos demais *topcrosses* (Tabela 6).

Gilo et al. (2011) também observaram diferenças significativas entre genótipos quanto a massa de mil grãos, ao avaliaram o comportamento de genótipos, com relação a espaçamento entre linhas no estado do Mato Grosso do Sul.

Na Tabela 7 estão apresentados os dados da análise de variância conjunta relacionados ao florescimento masculino (FM) e o ponto ideal de corte das plantas no ponto de ensilagem após o florescimento masculino (PCS), ambos avaliados em dias. O teste F mostrou significância a 5% de probabilidade para a fonte de variação genótipos para ambas as características.

Houve efeito significativo de espaçamentos e da interação genótipos x espaçamentos apenas para PCS, mostrando comportamento diferenciado dos genótipos com relação ao espaçamento entre linhas (Tabela 7). A média geral do PCS foi significativamente maior no espaçamento de 0,7 m (Tabela 8).

Os coeficientes de variação para as características FM e PCS foram de 1,7% e 2,8% respectivamente (Tabela 7), evidenciando boa precisão experimental e de acordo com Scapim et al. (1995). Para as características FM e PCS, Marcondes (2012) encontrou valores do coeficiente de variação também de baixa magnitude, 1,20% e 2,10%, respectivamente.

Tabela 7. Resumo da análise conjunta do florescimento masculino (FM) e do ponto de corte das plantas para silagem após o florescimento masculino (PCS), referentes a 75 híbridos *topcrosses* de milho e seis testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14, em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

		Quadrado Médio	
Fonte de variação	GL	FM (dias)	PCS (dias)
Bloco/Espaçamento	4	6,4938	6,4938
Genótipo (G)	80	8,7583*	54,4657*
Espaçamento (E)	1	4,1666	244,9074*
G x E	80	1,9000	57,3407*
Erro médio	320	1,8021	1,8021
Média Geral		78,6	46,3
CV (%)		1,7	2,8

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Em média foram necessários 78,1 dias após a germinação para 50% das plantas da parcela emitirem os pendões (Tabela 7). Marcondes (2012) obteve valores médios para FM de 81,9 dias em conduções experimentais na região de Guarapuava-PR, e essa variação pode ser atribuída às diferenças genéticas dos tratamentos e a alguns fatores climáticos como variações nas temperaturas diurnas e noturnas e na temperatura de solo, que variam de um ano para outro (FANCELLI e DOURADO NETO, 2004).

Para o florescimento masculino (FM) não houve efeito significativo da interação genótipos x espaçamentos (Tabela 7), portanto os dados foram apresentados e discutidos considerando a média conjunta dos dois experimentos. Houve a formação de três grupos de genótipos distintos (Tabela 8), com variação de médias de 75,8 (HTC103-07) a 81,7 (HTC203-05) e média geral foi de 78,6 dias (Tabela 7).

No grupo de genótipos que apresentaram FM mais precoce (Tabela 8), se classificaram oito híbridos *topcrosses*, com valores oscilando de 75,8 dias (HTC103-07) a 77,2 dias (HTC102-08), e não difeririram significativamente do híbrido testador DBK245 PRO2 (77 dias) e genitor P30B39 H (76 dias), mais precoces que os demais genótipos.

No grupo intermedário para FM foram classificados 28 híbridos *topcrosses* (Tabela 8), com amplitude de valores de 77,3 dias (HTC102-15) a 78,5 dias (HTC203-14), os quais não diferiram dos híbridos testemunhas DKB315 PRO (77,8 dias) e P30F53 H (78,3 dias) e do genitor AS1572 (78,2 dias). No grupo dos genótipos com FM mais tardios foram classificados 39 híbridos *top crosses*, que não diferiram do híbrido SG6030 PRO (79,2 dias).

Tabela 8. Valores médios de florescimento masculino (FM) e ponto ideal de corte de silagem após o florescimento masculino (PCS), em dias, de 75 híbridos *topcrosses* de milho e seis testemunhas, avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

	FM (dias)		PCS (dias)					
Topcross	Média conjunta		0,4 m			0,7 m		
HTC102-01	80,8	a	45	e	B	54	b	A
HTC102-02	78,5	b	42	f		44	g	
HTC102-03	78,8	a	42	f		41	h	
HTC102-04	80,5	a	42	f	B	50	d	A
HTC102-05	78,0	b	45	e		45	g	
HTC102-06	77,5	b	56	a	A	46	f	B
HTC102-07	77,6	b	56	a	A	49	e	B
HTC102-08	77,1	c	47	e	B	52	c	A
HTC102-09	80,6	a	49	d	B	57	a	A
HTC102-10	78,1	b	44	e		46	f	
HTC102-11	79,5	a	39	g	B	52	c	A
HTC102-12	79,8	a	39	g	B	47	e	A
HTC102-13	78,5	b	52	c	A	41	h	B
HTC102-14	76,6	c	46	e		47	e	
HTC102-15	77,3	b	46	e		45	f	
HTC102-16	76,5	c	43	f	B	50	d	A
HTC102-17	78,5	b	47	e		48	e	
HTC102-18	78,0	b	45	e		45	f	
HTC102-19	79,0	a	50	c	A	45	f	B
HTC102-20	78,6	a	47	e	B	52	c	A
HTC102-21	78,5	b	44	e	B	52	c	A
HTC102-22	77,0	c	46	e		46	f	
HTC102-23	77,8	b	48	d	A	42	h	B
HTC102-24	77,5	b	54	b	A	41	h	B
HTC102-25	79,6	a	50	c	A	46	f	B
HTC103-01	77,3	b	43	f	B	48	e	A
HTC103-02	78,3	b	41	f	B	56	a	A
HTC103-03	77,8	b	49	d	A	42	h	B
HTC103-04	76,1	c	48	d	B	53	c	A
HTC103-05	78,6	a	52	c	A	41	h	B
HTC103-06	79,6	a	43	f		44	g	
HTC103-07	75,8	c	44	e		44	g	
HTC103-08	78,8	a	41	f		41	h	
HTC103-09	77,8	b	48	d	B	52	c	A
HTC103-10	78,1	b	49	d	A	44	g	B
HTC103-11	79,8	a	46	e		46	f	
HTC103-12	79,5	a	58	a	A	54	b	B
HTC103-13	79,8	a	50	c	A	46	f	B
HTC103-14	76,5	c	43	f		44	g	
HTC103-15	79,1	a	44	e	A	41	h	B
HTC103-16	79,5	a	46	e		44	g	

Tabela 8 continuação...

HTC103-17	79,6	a	45	e	B	55	b	A
HTC103-18	77,6	b	42	f	B	53	c	A
HTC103-19	79,8	a	40	g	B	46	f	A
HTC103-20	76,1	c	47	e	B	58	a	A
HTC103-21	79,6	a	46	e		47	e	
HTC103-22	78,8	a	58	a	A	47	e	B
HTC103-23	79,5	a	50	c	A	44	g	B
HTC103-24	79,3	a	46	e	B	52	c	A
HTC103-25	79,8	a	50	c	A	44	g	B
HTC203-01	78,8	a	45	e		46	f	
HTC203-02	78,1	b	45	e	B	48	e	A
HTC203-03	78,5	b	51	c	A	48	e	B
HTC203-04	79,5	a	40	g	B	44	g	A
HTC203-05	81,6	a	41	f	B	48	e	A
HTC203-06	77,8	b	48	d	A	42	h	B
HTC203-07	78,0	b	45	e		45	g	
HTC203-08	79,0	a	40	g		42	h	
HTC203-09	77,8	b	42	f	B	48	e	A
HTC203-10	79,3	a	41	g	B	44	g	A
HTC203-11	79,0	a	42	f	B	50	d	A
HTC203-12	78,1	b	45	e	B	48	e	A
HTC203-13	80,0	a	40	g	B	54	b	A
HTC203-14	78,5	b	42	f		41	h	
HTC203-15	78,0	b	45	e		45	g	
HTC203-16	79,1	a	45	e	B	53	c	A
HTC203-17	79,6	a	41	g	B	46	f	A
HTC203-18	78,3	b	45	e		47	e	
HTC203-19	80,5	a	39	g	B	50	d	A
HTC203-20	78,1	b	42	f		44	g	
HTC203-21	79,5	a	41	g	B	50	d	A
HTC203-22	80,0	a	45	e		44	g	
HTC203-23	79,8	a	43	f	B	47	f	A
HTC203-24	78,6	a	47	e		47	e	
HTC203-25	80,6	a	56	a	A	45	f	B
Testemunhas								
DKB 245 PRO2 (T)	77	c	46	e	A	43	g	B
P30F53 H	79	b	41	g	B	52	c	A
P30B39 H (G)	76	c	44	e		44	g	
AS1572 (G)	78	b	52	c		52	c	
DKB315 PRO	78	b	42	f		43	h	
SG6030 PRO	80	a	46	e		45	f	
Média Geral	79		45,6		B	47,1	A	
Média HTC	79		46			47		

*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.
(T) = Testador, (G) = Genitor, HTC = Híbridos *topcross*.

No espaçamento de 0,4 m os valores médios do PCS formaram sete grupos distintos pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, com variação de 39 a 58 dias para os híbridos

topcrosses HTC103-22 e HTC203-19, respectivamente, com media geral de 45,6 dias (Tabela 8).

No grupo dos híbridos mais precoces foram classificados 10 *topcrosses*, sendo dois constituídos de linhagens provenientes da população 102, um da população 103 e sete da população 203, demonstrando que 70% desses *topcrosses* mais precoces são de linhagens advindas do genitor SG6015. Todos esses não diferiram da testemunha P30F53 H (41 dias), apresentando ciclo mais curto que as demais testemunhas e híbridos *topcrosses*.

Genótipos de milho com PCS precoce pode ser um caracter importante para híbridos recomendados para produtividade de grãos, principalmente nas regiões em que os agricultores realizam a semeadura de segunda safra, no entanto, híbridos com PCS precoces devem ser vistos com ressalva para a produção de forragem, devido à taxa de secagem muito rápida que pode ocasionar a perda de ponto de corte da silagem, que pode proporcionar aumento no tamanho de partículas da forragem e dificuldades na compactação adequada da forragem no silo.

De acordo com Oliveira et al. (2013) a taxa de secagem do híbrido de milho para silagem é um fator importante no sistema de produção de silagem, em nível prático ao produtor, por determinar o tempo disponível as operações de ensilagem e a possibilidade de manutenção do valor nutritivo da planta na forma de silagem.

Marafon et al. (2015) verificaram que as plantas de milho em estádio reprodutivo R5 apresentaram os melhores tamanhos de partículas quando comparado ao estádio R3, demonstrando desta forma, que o tamanho de partícula esta diretamente relacionado ao manejo e regulagens de equipamentos de colheita. Entretanto, Oliveira (2010) avaliou silagens de milho colhidas em dois estádios reprodutivos sob os teores de matéria seca de 25,6% e 32,6%, encontrou diferença significativa quanto a porcentagem do tamanho de partículas, justificando as alterações pela resistência (maior quantidade de fibra) ao processamento apresentado pelas plantas de milho ensilada com 32,6% na matéria seca.

Ainda, no espaçamento de 0,4 m, no segundo grupo dos genótipos que atingiram mais rapidamente o PCS, foram incluídos 16 híbridos *topcrosses* que não diferiram do híbrido testemunha DKB315 PRO (42 dias). Nos grupos das médias intermediárias foram classificados os demais híbridos genitores P30B39 H (44 dias), AS1572 (52 dias), o testador DKB245 PRO2 (46 dias) e a testemunha SG6030 PRO (46 dias).

No grupo dos híbridos com ciclo mais tardio para a característica PCS, foram incluídos apenas cinco híbridos *topcrosses* (Tabela 8). Genótipos com taxa de secagem mais lenta, proporcionam janela de corte de forragem mais ampla e tamanho de partículas da forragem mais uniforme que favorecem a compactação da forragem no silo. Entretanto, para produtividade de grãos, de acordo com Cruz et al. (2014), os agricultores têm maior preferencia e tendencia para

híbridos mais precoces principalmente para regiões que há possibilidade de semeadura da segunda safra. Vale ressaltar que, o PCS foi avaliado do florescimento das plantas de milho até o ponto de corte de ensilagem e não em ralação ao ponto de colheita de grãos, entretanto híbridos de milho muito precoces sofrem mais com estresses.

Houve a formação de oito grupos distintos de genótipos para PCS no espaçamento entre linhas de 0,7 m, com média geral 47,1 dias e amplitude variando de 41 até 58 dias (HTC103-20). Foram classificados 12 *topcrosses* no grupo dos mais precoces, que não diferiram da testemunha DKB315 PRO (43 dias).

No segundo grupo de genótipos mais precoces, no espaçamento de 0,7m, foram incluídos 15 híbridos *topcrosses*, que não diferiram estatisticamente do híbrido genitor P30B39 H (44 dias) e do testador DKB245 PRO2 (43 dias) e foram mais precoces que o genitor AS1572 (52 dias), as testemunhas P30F53 H (52 dias) e SG6030 PRO (45 dias) e demais híbridos *topcrosses*.

No último grupo, três híbridos *topcrosses* se classificaram como os mais tardios, com PCS superior a 55 dias, coincidindo com o FM mais longo, e neste grupo não foram incluídos nenhum híbrido testemunha ou genitor (Tabela 8).

Dos 75 híbridos *topcrosses* avaliados, seis se destacaram como mais precoces para PCS, juntamente com o híbrido DKB315 PRO, independentemente do espaçamento entre linhas, portanto, as linhagens S_3 genitoras dos *topcrosses* HTC102-01, HTC102-03, HTC103-08, HTC203-08, HTC203-10 e HTC203-14 (Tabela 8) são as mais indicadas para serem avançadas no processo de endogamia para posterior obtenção de novos híbridos mais precoces para esta característica.

Como a interação ‘genótipos x espaçamentos’ foi significativa pode-se também selecionar híbridos *topcrosses* que tiveram melhor desempenho para cada espaçamento. No espaçamento 0,4 m se destacaram HTC103-19 e HTC203-14 para as variáveis PG, AP e PCS (Tabelas 5, 6 e 8), que apresentaram bom potencial para a produção de grãos e com ciclo mais precoce para o corte da forragem, comparativamentre aos demais híbridos *topcrosses*, podendo ser atribuído às caracteristicas genéticas das respectivas linhagens e boa capacidade de combinação com o híbrido testador. Estas linhagens são promissoras para continuar no processo de endogamia obtenção de possíveis híbridos com caracteristicas agronômicas favoráveis para produtividade de grãos.

Os HTC102-03, HTC203-05, HTC203-08, HTC203-11, HTC203-19 e a testemunha P30F53, destacaram para PG e PCS no espaçamento 0,7 m entre linhas (Tabelas 6 e 8), e isso pode ser atribuído à constituição genética das respectivas linhagens S_3 desses *topcrosses*.

Para a AP e PCS, destacaram os HTC102-02 e HTC203-14 (Tabelas 5 e 8), ambas as

variáveis constituem caracteristicas de híbridos modernos, como possibilidade de semeadura adensada em espaçamentos reduzidos, de forma que as linhagens genitoras desses *topcrosses* podem ser avaliadas em cruzamentos dialelicos pra se obter possíveis híbridos com caracteres agronômicos favoráveis.

Quanto ao ponto de corte de forragem mais tardio se destacaram os híbridos *topcrosses* HTC102-09, HTC103-09 e HTC103-12, estes genótipos se caracterizam com reduzida taxa de secagem das plantas, que possibilita o aumento da janela de corte das plantas no período de ensilagem é uma característica peculiar para híbridos destinado ao uso para forragem.

Os híbridos *topcrosses* HTC102-01, HTC102-17, HTC103-17, HTC103-24, HTC203-08, HTC203-22 e HTC203-24 destacaram para produtividade de grãos em ambos os espaçamentos entre linhas e, portanto, para essa finalidade, recomenda-se selecionar as respectivas linhagens S_3 para prosseguir no processo de endogamia.

5.2 Características quantitativas da forragem

O resumo das análises de variância conjuntas para as características produtivas e de qualidade da forragem no ponto de ensilagem está apresentado na Tabela 9. Os quadrados médios foram significativos pelo teste F a 5% de probabilidade para *stay green* (SG), porcentagem de massa seca da forragem (MS), produção de massa verde da forragem no ponto de ensilagem (PMV) e produção de massa seca da forragem no ponto de ensilagem (PMS) para as fontes de variação genótipos e interação genótipos x espaçamentos, comprovando a existência de variabilidade entre os genótipos e o comportamento diferenciados destes em relação aos espaçamentos utilizados.

Apenas para PMS não houve efeito significativo dos espaçamentos, discordando com resultados de Alvarez et al. (2006), que verificaram que a redução do espaçamento entre linhas de 0,90 m para 0,70 m proporcionou maior produção de matéria seca, independentemente do ano de plantio e da densidades de plantas.

O menor valor de coeficiente de variação foi obtido para a MS (6,98%) e maior valor foi para SG (12,68%). Marcondes (2012) constatou para SG valor de 16,38% do coeficiente de variação 50 genótipos de milho avaliados em Guarapuava e Costa et al. (2008) também constataram valor desta magnitude para o coeficiente de variação para SG (15,34%) ao avaliarem a herança de senescência retardada de 256 genótipos de milho no estado de São Paulo.

Para a PMV foi obtido coeficiente de variação de 7,8%, evidenciando boa precisão na condução do experimento, a exemplo de Rossi (2014) que relatou coeficiente variação de 4,5% na avaliação da PMV de 12 híbridos de milho conduzidos em Guarapuava e Laranjeiras do Sul,

no estado do Paraná.

Foram verificados valores relativamente altos para o SG (5,7 folhas secas por palnta) em comparação com Marcondes (2012), que constatou média 3,1 folhas secas por planta. Turco (2011) relatou valores para SG de 3,2 folhas secas por planta no espaçamento de 0,4 m e 4,5 folhas secas por planta no espaçamento de 0,8 m entre linhas.

Tabela 9. Resumo da análise de variância conjunta do *stay green* (SG), porcentagem de massa seca da forragem (MS %), produtividade de massa verde da forragem no ponto de ensilagem (PMV) e produtividade de massa seca da forragem no ponto de ensilagem (PMS), referentes a 75 híbridos *topcrosses* de milho e 6 testemunhas, avaliados em dois espaçamentos entre linhas na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

		Quadrado Médio			
Fonte de variação	GL	SG	MS (%)	PMV (t ha^{-1})	PMS (t ha^{-1})
Bloco/Espaçamento	4	1,0925	6,7340	294,2306	30,3867
Genótipo (G)	80	1,9560*	20,2020*	142,8383*	14,8456*
Espaçamento (E)	1	9,7963*	264,8475*	4611,3760*	133,3559
G x E	80	2,0171*	21,9787*	63,8339*	6,6898*
Erro médio	320	0,5384	5,2601	26,0112	4,0702
Média Geral		5,7	32,8	65,35	21,35
CV (%)		12,6	6,9	7,8	9,4

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

No espaçamento entre linhas de 0,4 m houve a formação de três grupos distintos de genótipos para SG (Tabela 10) com variação de valores de 3,6 (P30F53 H) a 8,0 folhas secas por planta (HTC103-23). No grupo de genótipos que foram classificados com menores valores de SG foram classificados 47 híbridos *topcrosses*, juntamente com as testemunhas P30F53 H (3,6 folhas) e DKB315 PRO (4,3 folhas), genitor P30B39 H (4,6 folhas) e testador DKB245 PRO2 (5,6 folhas). Esses genótipos foram superiores (menor número de folhas secas por planta) ao híbrido genitor AS1572 (6,3 folhas), à testemunha SG6030 PRO (6,0 folhas) e aos demais genótipos, o que supõe que a constituição genética de algumas linhagens combinadas com o testador proporcionou obtenção de híbridos *topcrosses* com bom desempenho para esta característica.

O grupo intermediário de médias foi constituído por 22 genótipos que não diferiram estatisticamente dos híbridos AS1572 (6,3 folhas) e SG6030 PRO (6,0 folhas). No terceiro grupo foram incluídos seis híbridos *topcrosses* que tiveram valores para SG acima de sete (Tabela 10).

Tabela 10. Valores médios do *stay green* (SG) e porcentagem de massa seca (MS %), no ponto de silagem, de 75 híbridos *topcrosses* e 6 testemunhas, avaliados nos espaçamentos entre linhas de 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

	SG (nº de folhas secas por planta)						MS (%)					
	Espaçamento entre linhas											
Topcross	0,4 m			0,7 m			0,4 m			0,7 m		
HTC102-01	5,3	c		6,3	a		32,6	b		35,4	b	
HTC102-02	5,0	c	B	6,3	a	A	30,5	c		31,7	c	
HTC102-03	5,3	c		6,3	a		28,9	d		30,4	d	
HTC102-04	6,0	b		7,0	a		32,9	b		36,3	a	
HTC102-05	5,6	c		5,6	b		33,7	b		34,6	b	
HTC102-06	6,0	b		5,6	b		37,5	a		34,0	b	
HTC102-07	6,0	b		5,3	b		34,4	b		33,1	c	
HTC102-08	4,6	c	B	7,6	a	A	29,5	d		32,8	c	
HTC102-09	6,6	b		7,0	a		29,8	d	B	37,0	a	A
HTC102-10	5,0	c		5,6	b		32,6	b		34,7	b	
HTC102-11	6,3	b		7,3	a		29,8	d	B	36,8	a	A
HTC102-12	4,6	c		5,0	b		32,4	b		34,2	b	
HTC102-13	7,3	a	A	5,6	b	B	37,2	a	A	33,0	c	B
HTC102-14	5,6	c		6,3	a		37,6	a		35,6	b	
HTC102-15	4,3	c		5,3	b		34,9	b		34,2	b	
HTC102-16	5,0	c		5,3	b		31,4	c		33,6	b	
HTC102-17	6,3	b		5,3	b		32,2	c		32,7	c	
HTC102-18	5,0	c		6,0	b		29,6	d	B	33,6	b	A
HTC102-19	5,6	c		5,6	b		33,8	b		33,9	b	
HTC102-20	5,6	c		6,3	a		31,7	c	B	36,5	a	A
HTC102-21	6,0	b		6,3	a		32,6	b		33,8	b	
HTC102-22	5,3	c		6,0	b		34,3	b		34,9	b	
HTC102-23	6,6	b		5,6	b		32,4	b		31,6	c	
HTC102-24	6,0	b		5,0	b		37,9	a	A	30,7	c	B
HTC102-25	7,0	a	A	5,6	b	B	36,5	a	A	32,4	c	B
HTC103-01	6,3	b	A	4,6	b	B	31,7	c		32,3	c	
HTC103-02	4,6	c	B	6,0	b	A	28,2	d	B	35,9	b	A
HTC103-03	5,0	c		4,6	b		32,9	b		32,3	c	
HTC103-04	4,6	c		5,0	b		31,4	c		35,2	b	
HTC103-05	6,6	b	A	5,3	b	B	33,8	b	A	28,9	d	B
HTC103-06	5,0	c	B	6,6	a	A	31,2	c		33,1	c	
HTC103-07	5,6	c		6,0	b		31,7	c		33,8	b	
HTC103-08	5,3	c		6,3	a		31,4	c		32,7	c	
HTC103-09	5,3	c		6,3	a		34,9	b		37,4	a	
HTC103-10	5,6	c		5,3	b		33,6	b		34,7	b	
HTC103-11	6,0	b		5,3	b		31,2	c		34,9	b	
HTC103-12	5,3	c		5,6	b		30,6	c		29,8	d	
HTC103-13	6,6	b		6,0	b		35,7	a		32,3	c	
HTC103-14	5,3	c	B	6,6	a	A	31,8	c		35,6	b	
HTC103-15	5,0	c		5,3	b		32,0	c		32,5	c	

Tabela 10 continuação...

HTC103-16	5,3	c		5,6	b		33,5	b		34,2	b	
HTC103-17	4,6	c		4,6	b		32,7	b	B	38,4	a	A
HTC103-18	6,0	b	B	8,0	a	A	32,0	c	B	37,8	a	A
HTC103-19	5,6	c		5,3	b		27,8	d	B	33,2	c	A
HTC103-20	4,0	c	B	6,3	a	A	31,8	c		35,4	b	
HTC103-21	6,3	b		5,6	b		33,0	b		31,8	c	
HTC103-22	6,0	b	A	3,6	b	B	39,0	a	A	27,9	d	B
HTC103-23	8,0	a	A	5,6	b	B	30,8	c		29,5	d	
HTC103-24	6,3	b		7,3	a		31,9	c	B	37,4	a	A
HTC103-25	7,3	a	A	5,6	b	B	33,2	b		33,5	b	
HTC203-01	5,0	c	B	6,3	a	A	33,9	b		33,8	b	
HTC203-02	6,3	b		5,3	b		31,1	c	A	26,2	d	B
HTC203-03	7,3	a		6,6	a		34,4	b		33,9	b	
HTC203-04	5,3	c		5,0	b		29,1	d	B	33,2	c	A
HTC203-05	5,0	c		5,6	b		32,9	b		36,6	a	
HTC203-06	6,6	b	A	5,3	b	B	31,7	c		28,8	d	
HTC203-07	5,3	c		4,3	b		31,5	c		31,4	c	
HTC203-08	5,6	c		5,3	b		26,9	d		29,2	d	
HTC203-09	5,6	c		6,3	a		27,6	d		29,1	d	
HTC203-10	4,3	c	B	7,0	a	A	28,2	d		31,2	c	
HTC203-11	5,3	c	B	6,6	a	A	28,1	d	B	33,9	b	A
HTC203-12	5,0	c		5,6	b		31,4	c		32,7	c	
HTC203-13	5,0	c	B	7,0	a	A	29,7	d	B	36,5	a	A
HTC203-14	5,3	c		5,6	b		30,8	c		28,2	d	
HTC203-15	5,6	c		5,6	b		33,2	b		34,2	b	
HTC203-16	5,6	c	B	7,0	a	A	33,4	b	B	39,0	a	A
HTC203-17	5,0	c		5,6	b		32,0	c		35,3	b	
HTC203-18	6,0	b		6,3	a		33,5	b		34,5	b	
HTC203-19	5,0	c	B	6,3	a	A	27,6	d	B	36,9	a	A
HTC203-20	5,3	c		6,3	a		27,0	d	B	32,4	c	A
HTC203-21	6,3	b		6,0	b		29,8	d	B	34,9	b	A
HTC203-22	6,6	b		7,0	a		33,6	b		31,8	c	
HTC203-23	5,3	c		6,0	b		32,5	b		32,1	c	
HTC203-24	5,6	c		6,3	a		31,3	c		33,3	c	
HTC203-25	7,3	a	A	6,0	b	B	38,7	a	A	30,9	c	B
Testemunha												
DKB 245 PRO2 (T)	5,6	c		4,6	b		32,5	b		31,3	c	
P30F53 H	3,6	c	B	7,6	a	A	29,1	d	B	41,6	a	A
P30B39 H (G)	4,6	c		4,6	b		29,7	d		33,6	b	
AS1572 (G)	6,3	b		7,0	a		32,7	b	B	36,7	a	A
DKB315 PRO	4,3	c	B	5,6	b	A	29,9	d	B	34,0	b	A
SG6030 PRO	6,0	b		6,0	b		32,0	c		34,6	b	
Média Geral	5,6	B		5,9	A		32,1		B	33,5		A
Média HTC	5,6			5,9			32,2			33,4		

*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.
(T) = Testador, (G) = Genitor, HTC = Híbridos *topcross*.

Houve a formação de dois grupos distintos de genótipos para o SG no espaçamento 0,7 m

entre linhas (Tabela 10), com amplitude de valores de 3,6 (HTC103-18) a 8,0 folhas secas por planta (HTC103-23). Formaram o grupo que apresentou menores médias de SG 46 híbridos *topcrosses*, que não diferiram estatisticamente do híbrido testador DKB245 PRO2 (4,6 folhas), do genitor P30B39 H (4,6 folhas) e das testemunhas DKB315 PRO (5,6 folhas) e SG6030 PRO (6,0 folhas). Esses genótipos foram superiores (menor valor de *stay green*) à testemunha P30F53 H (7,6 folhas), ao genitor AS1572 (7,0 folhas) e aos demais híbridos *topcrosses*.

O caráter s*tay green* vem sendo objeto de pesquisas nos programas de melhoramento de milho, por estar relacionado a maior resistência a pragas, doenças, períodos de estiagem, redução do acamamento de plantas, e tem sido relacionado ao aumento da produtividade direta ou indiretamente (COSTA et al., 2008).

De acordo com Neumann (2011), um bom híbrido silageiro deve apresentar menos de cinco folhas secas no ponto de ensilagem. Neste contexto, 21 híbridos *topcrosses* no espaçamento 0,4 m entre linhas, apresentaram média igual ou inferior a cinco folhas secas no ponto de ensilagem, juntamente com os híbridos P30F53 H, DKB245 PRO e P30B39 H.

No espaçamento 0,7 m entre linhas apenas 9 híbridos *topcrosses* tiveram cinco ou menos folhas secas, juntamente com os híbridos DKB245 PRO2 e P30B39 H. A melhor distribuição de plantas na área, menor competição por nutrientes e água com a utilização do espaçamento reduzido pode ter contribuído para os híbridos *topcrosses* apresentarem melhor SG no espaçamento 0,4 m entre linhas.

Destacaram-se com as menores médias de SG em ambos os espaçamentos entre linhas, os híbridos *topcrosses* HTC102-12, HTC103-03, HTC103-04 e HTC103-17, indicativo de que a constituição genética das respectivas linhagens S_3 em cruzamento com o hibrido testador, resultam em genótipos superiores para este caráter.

Para a porcentagem de massa seca das plantas no ponto de silagem (MS), no espaçamento de 0,4 m houve a formação de quatro grupos distintos de genótipos (Tabela 10), com amplitude de 26,9% (HTC203-08) a 39% (HTC103-22).

Dezesseis híbridos *topcrosses* apresentaram valores inferiores a 30% de MS no ponto de ensilagem e não diferiram dos híbridos testemunhas P30F53 H (29,1%) e DKB315 PRO (29,9%) e do genitor P30B39 H (29,7%). Apenas sete híbridos *topcrosses* apresentaram valores acima de 36% de MS no ponto de silagem (Tabela 10).

No espaçamento de 0,7 m entre linhas houve a formação de quatro grupos distintos para MS (Tabela 10), com amplitude de valores de 26,2% (HTC203-02) a 41,6% (P30F53 H). No grupo de genótipos que foram classificados com valores abaixo de 30,5% de MS foram incluídos 10 híbridos *topcrosses*, que foram estatisticamente inferiores ao híbrido testador DKB245 PRO2

(31,3%), aos genitores P30B39 H (33,6%) e AS1572 (36,7%) e às testemunhas DKB315 PRO (34%), SG6030 PRO (34,6%) e P30F53 H (41,6%).

Cabe ressaltar que o corte das plantas de cada parcela no ponto de ensilagem foi realizado quando os grãos atingiram ¾ da linha do leite. Portanto, a variabilidade dos valores do teor de massa seca das plantas verificada entre os híbridos *topcrosses* reflete o comportamento diferenciado dos genótipos, cuja parte vegetativa (colmos e folhas) apresentaram diferentes graus de maturação no ponto estabelecido para o corte da forragem com base na linha de leite dos grãos.

De acordo com Neumann (2011), para uma silagem de alta qualidade o híbrido forrageiro deve apresentar valores de 30 a 35% de MS no ponto de corte. Neste contexto, no espaçamento reduzido foram incluídos 51 híbridos *topcrosses* juntamente com o genitor AS1572, o testador DKB245 PRO2 e a testemunha SG6030 PRO. No espaçamento entre linhas de 0,7 m foram também classificados 51 híbridos *topcrosses*, juntamente com o híbrido genitor P30B39 H e as testemunhas DKB315 PRO e SG6030 PRO (Tabela 10).

Dentre os genótipos que foram mais estáveis para a MS% (30 a 35% de MS) nos dois espaçamentos entre linhas, se destacam 36 híbridos *topcrosses*, juntamente com o testador DKB245 PRO2 e o híbrido testemunha SG6030 PRO (Tabela 10).

Os valores médios obtidos para a produtividade de massa verde da forragem no ponto de ensilagem (PMV) no espaçamento de 0,4 m entre linhas estão na Tabela 11. Os genótipos foram classificados em quatro grupos distintos pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, com amplitude de valores de 46,76 t ha^{-1} (HTC103-23) a 84,03 t ha^{-1} (HTC203-22).

No primeiro grupo as médias da PMV oscilaram de 74,97 t ha^{-1} (HTC102-20) a 84,03 t ha^{-1} (HTC203-22) (Tabela 11) e foram incluídos 12 híbridos *topcrosses* de milho que não diferiu do híbrido DKB315 PRO (75,23 t ha^{-1}) e superior aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas.

No segundo grupo as médias da PMV oscilaram de 67,62 t ha^{-1}(HTC203-07) a 73, 76 t ha^{-1}(HTC103-11) (Tabela 11) e foram incluídos 33 híbridos *topcrosses* que não diferiram dos híbridos testemunhas SG6030 PRO (71,83 t ha^{-1}) e P30F53 H (72,20 t ha^{-1}) e dos genitores P30B39 H (70,93 t ha^{-1}) e AS1572 (72,73 t ha^{-1}).

No terceiro grupo de genótipos, no espaçamento de 0,4 m, as médias da PMV variaram de 59,53 t ha^{-1}(HTC103-02) a 66,83 t ha^{-1}(HTC203-18), e foram classificados 23 híbridos *topcrosses* e o híbrido testador DKB245 PRO (65,77 t ha^{-1}). No grupo de genótipos com menores valores para PMV foram classificados sete híbridos *topcrosses* com médias inferiores a 59,0 t ha^{-1}.

Tabela 11. Valores médios de produtividade de massa verde da forragem no ponto de ensilagem (PMV) e produtividade de massa seca da forragem no ponto de ensilagem (PMS), em t ha^{-1}, de 75 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

	PMV (t ha^{-1})						PMS (t ha^{-1})					
	Espaçamento entre linhas											
Top cross	0,4 m			0,7 m			0,4 m			0,7 m		
HTC102-01	66,57	c		65,76	a		21,71	a		23,15	a	
HTC102-02	69,17	b		67,88	a		21,06	a		21,54	a	
HTC102-03	69,97	b		67,79	a		20,24	b		20,49	b	
HTC102-04	54,79	d		52,97	b		18,04	b		19,30	b	
HTC102-05	62,47	c		58,08	b		21,07	a		20,07	b	
HTC102-06	65,10	c		61,91	a		24,34	a		21,08	a	
HTC102-07	56,14	d		59,48	b		19,36	b		19,73	b	
HTC102-08	77,50	a	A	60,84	b	B	22,83	a		19,99	b	
HTC102-09	79,06	a	A	62,81	a	B	23,55	a		23,32	a	
HTC102-10	67,87	b		60,12	b		22,10	a		20,85	b	
HTC102-11	64,27	c	A	53,01	b	B	19,12	b		19,53	b	
HTC102-12	66,60	c		64,99	a		21,56	a		22,19	a	
HTC102-13	60,60	c		64,91	a		22,46	a		21,41	a	
HTC102-14	62,76	c		58,16	b		23,51	a		20,72	b	
HTC102-15	66,12	c		66,16	a		23,11	a		22,60	a	
HTC102-16	69,07	b	A	59,07	b	B	21,69	a		19,89	b	
HTC102-17	69,67	b		60,33	b		22,45	a		19,68	b	
HTC102-18	63,45	c		60,32	b		18,79	b		20,26	b	
HTC102-19	62,67	c		64,86	a		21,04	a		21,97	a	
HTC102-20	74,97	a	A	60,21	b	B	23,79	a		21,94	a	
HTC102-21	71,57	b	A	56,37	b	B	23,38	a	A	19,03	b	B
HTC102-22	55,67	d		58,19	b		19,10	b		20,35	b	
HTC102-23	69,90	b		62,89	a		22,66	a		19,91	b	
HTC102-24	53,58	d	B	65,31	a	A	20,20	b		20,11	b	
HTC102-25	61,43	c		66,32	a		22,41	a		21,49	a	
HTC103-01	67,77	b		60,80	b		21,45	a		19,66	b	
HTC103-02	59,53	c		57,60	b		16,80	b	B	20,72	b	A
HTC103-03	71,13	b		62,23	a		23,38	a		20,10	b	
HTC103-04	77,37	a	A	66,49	a	B	24,27	a		23,41	a	
HTC103-05	72,77	b		63,89	a		24,52	a	A	18,56	b	B
HTC103-06	72,07	b		63,88	a		22,58	a		21,14	a	
HTC103-07	58,57	d		59,87	b		18,53	b		20,19	b	
HTC103-08	68,40	b		66,22	a		21,25	a		21,69	a	
HTC103-09	63,23	c		53,48	b		22,04	a		19,89	b	
HTC103-10	68,17	b		65,86	a		22,93	a		22,82	a	
HTC103-11	73,76	b		66,66	a		22,97	a		23,23	a	
HTC103-12	69,47	b		69,17	a		21,21	a		20,56	b	
HTC103-13	65,60	c		67,38	a		23,36	a		21,76	a	
HTC103-14	63,35	c		58,19	b		20,18	b		20,74	b	
HTC103-15	54,90	d		56,98	b		17,55	b		18,45	b	

Tabela 11 continuação...

HTC103-16	70,23	b		63,04	a		23,50	a		21,53	a	
HTC103-17	70,46	b		64,28	a		23,01	a		24,64	a	
HTC103-18	72,23	b	A	56,41	b	B	23,11	a		21,36	a	
HTC103-19	79,00	a	A	58,43	b	B	21,97	a		19,41	b	
HTC103-20	61,23	c		56,43	b		19,47	b		19,91	b	
HTC103-21	71,60	b	A	59,62	b	B	23,47	a	A	18,96	b	B
HTC103-22	70,56	b		70,87	a		27,44	a	A	19,84	b	B
HTC103-23	46,76	d		50,49	b		14,35	b		14,92	b	
HTC103-24	79,54	a	A	64,29	a	B	25,30	a		23,79	a	
HTC103-25	64,27	c		58,31	b		21,36	a		19,56	b	
HTC203-01	65,76	c		63,13	a		22,33	a		21,29	a	
HTC203-02	70,47	b		66,15	a		21,92	a	A	17,35	b	B
HTC203-03	69,39	b		60,10	b		23,90	a	A	20,28	b	B
HTC203-04	79,43	a	A	64,46	a	B	23,17	a		21,37	a	
HTC203-05	69,36	b		64,23	a		22,79	a		23,47	a	
HTC203-06	71,17	b		76,00	a		22,55	a		21,84	a	
HTC203-07	67,62	b		64,38	a		21,34	a		20,25	b	
HTC203-08	71,20	b		73,49	a		19,10	b		21,39	a	
HTC203-09	80,30	a	A	67,96	a	B	22,13	a		19,75	b	
HTC203-10	75,70	a	A	62,72	a	B	21,36	a		19,60	b	
HTC203-11	72,93	b	A	58,72	b	B	20,52	b		19,86	b	
HTC203-12	64,60	c		64,70	a		20,29	b		21,08	a	
HTC203-13	73,30	b	A	60,42	b	B	21,76	a		22,05	a	
HTC203-14	70,40	b		66,48	a		21,73	a		18,81	b	
HTC203-15	68,27	b		66,93	a		22,66	a		22,92	a	
HTC203-16	62,97	c		54,21	b		21,08	a		21,13	a	
HTC203-17	69,99	b		60,55	b		22,36	a		21,25	a	
HTC203-18	66,83	c		57,94	b		22,49	a		19,94	b	
HTC203-19	79,45	a	A	67,79	a	B	21,96	a		25,08	a	
HTC203-20	72,82	b		64,95	a		19,72	b		21,03	a	
HTC203-21	66,27	c	A	54,73	b	B	19,52	b		19,09	b	
HTC203-22	84,03	a	A	66,57	a	B	28,25	a	A	21,09	a	B
HTC203-23	69,40	b	A	57,36	b	B	22,54	a	A	18,44	b	B
HTC203-24	75,23	a		67,42	a		23,53	a		22,44	a	
HTC203-25	64,66	c		65,89	a		25,03	a	A	20,37	b	B
Testemunhas												
DKB 245 PRO2 (T)	65,77	c		64,30	a		21,42	a		20,09	b	
P30F53 H	72,20	b	A	54,02	b	B	21,04	a		22,48	a	
P30B39 H (G)	70,93	b	A	56,83	b	B	21,22	a		19,03	b	
AS1572 (G)	72,73	b	A	61,43	b	B	23,59	A		22,57	a	
DKB315 PRO	75,23	a		66,37	a		22,47	A		22,51	a	
SG6030 PRO	71,83	b		64,28	a		23,00	A		22,15	a	
Média Geral	68,43		A	62,27		B	21,86			20,78		
Média HTC	68,19			62,36			21,88			20,83		

*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.
(T) = Testador, (G) = Genitor, HTC = Híbridos *topcross*.

A média da PMV foi significativamente superior no espaçamento de 0,4 m (Tabela 11).

Mesmo mantendo a mesma população final em ambos os espaçamentos (70.000 plantas ha^{-1}), houve maior PMV no espaçamento de 0,4 m, provavelmente devido à melhor distribuição de plantas na área, diminuindo a competição intraespecífica e melhor absorção da radiação solar.

As médias gerais da PMS não diferiram entre os espaçamentos, discordando com Alavrez et al. (2006), que verificaram que a redução do espaçamento entre linhas de 0,90 m para 0,70 m proporcionou aumento de 16% a mais na produtividade de massa seca, independentemente do ano e da população de plantas utilizada.

No grupo de genótipos com os maiores valores para PMV foram classificados 11 híbridos *topcrosses*, juntamente com o híbrido testemunha DKB315 PRO (75,23 t ha^{-1}), todos com valores de PMV acima de 74,00 t ha^{-1}(Tabela 11).

No grupo de genótipos com os maiores valores para PMV foram classificados 11 híbridos *topcrosses*, juntamente com o híbrido testemunha DKB315 PRO (75,23 t ha^{-1}), todos com valores de PMV acima de 74,00 t ha^{-1}(Tabela 11).

Houve a formação de apenas dois grupos de genótipos distintos para PMV no espaçamento 0,7 m entre linhas (Tabela 11), com variação de 50,49 t ha^{-1} (HTC103-23) a 76,00 t ha^{-1} (HTC203-06). No grupo de genótipos com menores valores para PMV foram classificados 33 híbridos *topcrosss* que não diferiram significativamente dos híbridos genitores P30B39 H (56,83 t ha^{-1}) e AS1572 (61,43 t ha^{-1}).

No grupo de genótipos classificados com alta PMV foram incluídos 42 híbridos *topcrosses* que não diferiram significativamente das testemunhas SG6030 PRO (64,28 t ha^{-1}) e DKB315 PRO (66,37 t ha^{-1}) e do testador DKB245 PRO2 (64,30 t ha^{-1}), apresentando resultado superior aos demais híbridos testemunhas, genitores e híbridos *topcrosses* (Tabela 11).

O programa de melhoramento de milho silageiro tem como um dos objetivos a busca de genótipos com alta produtividade de massa verde e de massa seca associados à estabilidade em diferentes ambientes, representados por variações nos espaçamentos entre linhas, densidades populacionais, anos, épocas de semeadura, entre outros fatores.

Se destacaram nove híbridos *topcrosses* que obtiveram PMV superior a 67 t ha^{-1} em ambos os espaçamentos. Da população 102 se destacaram dois *topcrosses* (HTC102-02 e HTC102-03) cujas linhagens genitoras foram L30.1 e L41.1; da população 103 se destacaram dois *topcrosses* (HTC103-12, e HTC103-22) cujas linhagens genitoras são L52.3 e L81.2; e da população 203 se destacaram cinco *topcrosses* (HTC203-06, HTC203-08, HTC203-09, HTC203-19 e HTC203-24) que possuem como linhagens genitoras L64.1, L66.1, L103.1, L206.1 e L238.1 (Tabela 11). As respectivas linhagens S_3 apresentaram mérito relativo superior às demais linhagens quando cruzadas com o mesmo testador.

Ressalta-se que nenhum híbrido testemunha obteve valores de PMV acima de 67 t ha^{-1}, portanto as linhagens S_3 genitoras dos *topcrosses* de melhor desempenho têm potencial genético para seguirem no processo de endogamia para continuidade do programa de melhoramento para obtenção de novos híbridos com alta PMV.

A interação genótipos x espaçamentos foi significativa para PMV, de acordo com teste F a 5% de probabilidade (Tabela 9), ou seja, que alguns híbridos *topcrosses* tiveram desempenho relativo influenciado pelo espaçamento entre linhas.

Dentre os genótipos avaliados, 20 híbridos *topcrosses*, juntamente com os genitores P30B39 H e AS1572 e a testemunha P30F53 H, alcançaram valores mais elevados para PMV no espaçamento 0,4 m entre linhas, exceto um *topcross* de linhagem originada da população102 (HTC102-24) que apresentou maior PMV no espaçamento 0,7 m entre linhas (Tabela 11), justificando o efeito significativo da interação genótipos x espaçamentos. Contudo, 54 híbridos *topcrosses* foram mais estáveis para PMV nos dois espaçamentos, juntamente com os híbridos testemunhas DKB315 PRO e SG6030 PRO e o híbrido testador DKB245 PRO2 (Tabela 11), ou seja, mantiveram desempenho constante para PMV em ambos os espaçamentos entre linhas.

O valor médio encontrado para PMV (65,35 t ha^{-1}) é inferior aos relatados por Gralak (2011) de 68,68 t ha^{-1} e Marcondes (2012) de 71,47 t ha^{-1}, e superior aos encontrados por Turco (2011) de 46,64 t ha^{-1} e Rossi (2014) de 61,64 t ha^{-1}, todos referentes a trabalhos de avaliação de genótipos experimentais e comerciais na região de Guarapuava-PR. No entanto, Gralak (2011) e Marcondes (2012) relataram que alguns híbridos experimentais apresentaram valores de PMV superiores a híbridos comerciais, resultado também observado no presente trabalho.

A PMV da forragem de um híbrido é um caráter importante a ser considerado quando se busca informação sobre a aptidão de um genótipo para confecção de silagem, além de ser um parâmetro para dimensão do silo, também contribui para a diluição dos custos de implantação, aumentando a produtividade (FERRARI JUNIOR et al., 2005).

Os valores médios da PMS no espaçamento de 0,4 m entre linhas estão na Tabela 11. As médias foram ranqueadas em dois grupos distintos de genótipos pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, com valores variando de 14,35 t ha^{-1}(HTC103-23) a 28,25 t ha^{-1} (HTC203-22). No grupo de genótipos que tiveram os menores valores de PMS foram classificados 18 híbridos *topcrosses*, que foram estatisticamente inferiores aos híbridos comerciais e demais híbridos *topcrosses*.

No grupo de genótipos classificados com alta PMS foram classificados 57 híbridos *topcrosses*, que não diferiram estatisticamente dos híbridos testemunhas P30F53 H (21,04 t ha^{-1}), DKB315 PRO (22,47 t ha^{-1}) e SG6030 PRO (23 t ha^{-1}), dos híbridos genitores P30B39 H (21,22

t ha^{-1}) e AS1572 (23,59 t ha^{-1}) e do testador DKB245 PRO2 (21,42 t ha^{-1}) (Tabela 11).

No espaçamento entre linhas de 0,7 m houve a formação de dois grupos distintos de genótipos e os valores da PMS oscilaram de 14,92 t ha^{-1} (HTC103-23) a 25,08 t ha^{-1} (HTC203-19). Foram incluídos 41 híbridos *topcrosses* no grupo de menor PMS, que não diferiram significativamente do híbrido testador DKB245 PRO2 (20,09 t ha^{-1}) e do genitor P30B39 H (19,03 t ha^{-1}). No outro grupo foram selecionados 34 híbridos *topcrosses* com alto desempenho para PMS, que não diferiram significativamente dos híbridos comerciais SG6030 PRO (22,15 t ha^{-1}), P30F53 H (22,48 t ha^{-1}) e DKB315 PRO (22,51 t ha^{-1}) e do genitor AS1572 (22,57 t ha^{-1}) (Tabela 11).

Dez híbridos *topcrosses* e os híbridos comerciais DKB315 PRO, SG6030 PRO e AS1572.apresentaram PMS superior a 22 t ha^{-1} em ambos os espaçamentos entre linhas Dessa forma, se destacam as linhagens genitoras dos respectivos híbridos *topcrosses* L81.1 e L143.2 (HTC102-09 e HTC102-15) de origem da população 102, as linhagens L17.1, L51.1, L52.2, L61.3 e L82.2 (HTC103-04, HTC103-10, HTC103-11, HTC103-17 e HTC103-24) de origem da população 103 e as linhagens L43.1, L180.1 e L238.1 (HTC203-05, HTC203-15 e HTC203-24) de origem da população 203 (Tabela 11). Portanto, essas linhagens S_3 apresentaram desempenho relativo superior em relação às demais linhagens cruzadas com o mesmo testador, demonstrando potencial genético para prosseguir no processo de endogamia para obtenção de novos híbridos com elevada PMS em diferentes espaçamentos entre linhas.

O valor médio da PMS (21,35 t ha^{-1}) é de magnitude semelhante aos resultados obtidos na região de Guarapuava por Marcondes (2012) (20,37 t ha^{-1}) e Rossi (2014) (21,90 t ha^{-1}), no entanto, há relatos na literatura de trabalhos realizados na mesma região que obtiveram médias de produtividade de massa seca inferiores a observada neste experimento (Gralak 2011; Turco, 2011). Vieira et al. (2013) verificaram valores de produtividade média de massa seca de silagem de milho inferior aos dados obtidos neste presente estudo (15,6 t ha $^{-1}$) em Dois Vizinhos-PR.

Genótipos que se destacam com elevada produtividade de massa seca da forragem no ponto de ensilagem contribuem na amortização nos custos de produção, neste contexo destacaram os *topcrosses* HTC102-09, HTC102-15, HTC103-04, HTC103-10, HTC103-11, HTC103-17, HTC103-24, HTC203-05, HTC203-15 e HTC203-24, com maior PMS em ambos os espaçamentos entre linhas, portanto, recomenda-se prosseguir no processo de endogamia as linhagens S_3 de origem destes híbridos *topcrosses*. Estes híbridos *topcrosses* não diferiram significativamente das testemunhas DKB315 PRO, SG6030 PRO e AS1572, e foram superiores aos demais *topcrosses* e testemunhas.

5.3 Caracteristicas qualitativas da forragem no ponto de ensilagem

O resumo das análises de variância conjuntas para o teor de fibra insolúvel em detergente ácido (FDA), teor de fibra insolúvel em detregente neutro (FDN) e valor relativo da forragem (VRF) no ponto de ensilagem estão apresentados na Tabela 12. Para essas características os quadrados médios foram significativos pelo teste F a 5% de probabilidade, para as fontes de variação genótipos e interação 'genótipos x espaçamentos', comprovando a existência de variabilidade dos genótipos avaliados e o comportamento diferenciados destes em relação espaçamentos utilizados.

Tabela 12. Resumo da análise conjunta dos teores de fibra insolúvel em detergente ácido (FDA), fibra insolúvel em detergente neutro (FDN) e valor relativo da forragem (VRF) no ponto de ensilagem, em % da matéria seca, referentes a 75 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14, em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

		Quadrado Médio		
Fonte de variação	GL	FDA	FDN	VRF
Bloco/Espaçamento	2	2,5747	21,6076	96,3752
Genótipo (G)	80	12,7891*	21,6418*	156,4844*
Espaçamento (E)	1	7,8306	0,8321	37,7951
G x E	80	7,4598*	12,2887*	79,3059*
Erro médio	160	2,8780	3,4623	25,7513
Média Geral		30,80	55,03	110,16
CV (%)		5,50	3,38	4,60

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Verificou-se pelo teste F a 5% de probabilidade, que o espaçamento entre linhas não influenciou a qualidade bromatológica da forragem quanto aos teores de FDN e FDA (Tabela 12). Esse resultado está em consonância com Alavarez et al. (2006) para FDA, que relataram que o espaçamento entre linhas de 0,7 m 0,9 m e as densidades de 55.000 e 75.000 plantas por hectare não influenciaram os valores de FDA e FDN, embora os valores de FDA variaram em função das cultivares e dos anos de cultivo.

Os coeficientes de variação foram de 5,50%, 3,38% e 4,60% para FDA, FDN e VRF, respectivamente (Tabela 12), valores que corroboram com os obtidos por Marcondes (2013). No entanto, Rossi (2014) relatou coeficientes de variação de 7,1% e 7,4% para FDA e FDN da forragem de híbridos de milho na região de Gurapuava-PR.

A média geral dos teores de FDA, FDN e VRF foram de 30,80%, 55,03% e 110,16, respectivamente (Tabela 12), valores próximos aos relatados por Rossi et al (2014), cujas médias

de FDA e FDN foram 27,07% e 54,21%, respectivamente. No entanto, Marafon et al. (2015) verificaram valores de FDA e FDN inferiores ao obtidos neste presente estudo, sendo 23,36% e 41,7% na porcentagem da matéria seca, respectivamente, para o híbrido SG6418 no estádio R5, associado e não associado à quebra dos grãos na ensiladeira, em Guarapuava-PR.

A FDA é constituída na sua quase totalidade por lignina e celulose, sendo a porção menos digerível da parede celular das forrageiras (SILVA e QUEIROZ, 2002) e indica o valor energético da silagem, sedo que quanto menor seu valor, maior o valor energético da silagem (FANCELLI e DOURADO NETO, 2004).

Os valores médios obtidos para FDA no espaçamento de 0,4 m entre linhas estão na Tabela 13. Os genótipos foram classificados em três grupos distintos pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, e os valores oscilaram de 24,77% (HTC102-07) a 35,11% (HTC103-08), deixando evidente que há variabilidade entre os genótipos avaliados, gerando a possibilidade de selecionar os superiores para o caráter em questão.

No grupo de genótipos classificados com os maiores valores de FDA foram classificados 34 híbridos *topcrosses*, que não diferiram das testemunhas P30B39 (33,29%) e AS1572 (33,60%), com valores superiores aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas (Tabela 13).

No grupo intermediário de médias, foram classificados 23 híbridos *topcrosses* que não diferiram dos híbridos DKB315 (29,77%), P30F53 (29,64%) e DKB245 (30,11%) (Tabela 13).

No grupo de genótipos com os menores valores de FDA foram alocados 18 híbridos *topcrosses*, que não diferiram da testemunha comercial SG6030 (27,03%). Vale ressaltar que as linhagens genitoras dos *topcrosses* com menores valores de FDA são promissoras para continuar no programa de melhoramento. Embora seja necessário considerar as demais características bromatológicas como FDN, digestibilidade de planta inteira, produtividade de massa seca, por exemplo.

Em relação à média de FDA para o espaçamento de 0,7 m entre linhas, ocorreu a formação de três grupos distintos de genótipos, com amplitude de valores de 27,42% (HTC102-18) a 36,31% (HTC203-09) (Tabela 13). No grupo de genótipos com os valores mais altos para FDA foram classificados 29 híbridos *topcrosses*, que não diferiram significativamente das testemunhas P30F53 (31,43%) e P30B39 (32,17%), com valores superiores aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas comerciais.

Tabela 13. Valores médios dos teores de fibra insolúvel em detergente ácido (FDA) e fibra insolúvel de detergente neutro (FDN), em % da massa seca da forragem no ponto de ensilagem, de 75 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas, avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

	FDA (%)				FDN (%)			
	Espaçamento entre linhas							
Topcross	0,4 m		0,7 m		0,4 m		0,7 m	
HTC102-01	32,65 a		35,20 a		55,48 c		55,93 b	
HTC102-02	29,61 b		29,28 b		57,67 b	A	53,33 c	B
HTC102-03	33,22 a		30,04 b		54,10 c	B	57,81 a	A
HTC102-04	27,94 c	B	33,41 a	A	53,39 d	B	59,08 a	A
HTC102-05	28,66 c		29,42 b		51,62 d	B	55,14 b	A
HTC102-06	27,53 c		27,80 b		54,60 c		53,33 c	
HTC102-07	24,77 c	B	29,57 b	A	47,96 e		48,92 c	
HTC102-08	33,46 a		35,23 a		59,69 a		59,70 a	
HTC102-09	33,49 a		30,66 b		48,28 e	B	54,20 c	A
HTC102-10	31,75 a		30,63 b		55,04 c		52,91 c	
HTC102-11	31,24 a		31,96 a		57,05 b	A	53,02 c	B
HTC102-12	30,62 b		33,98 a		56,83 b		56,59 b	
HTC102-13	29,12 b		31,12 b		54,79 c		55,20 b	
HTC102-14	25,98 c	B	29,48 b	A	56,91 b		54,19 c	
HTC102-15	29,41 b		31,18 b		55,10 c		57,13 b	
HTC102-16	28,37 c		28,65 b		54,04 c		52,84 c	
HTC102-17	30,03 b	B	34,42 a	A	47,42 e	B	58,31 a	A
HTC102-18	28,36 c		27,42 b		46,61 e	B	54,69 c	A
HTC102-19	26,21 c		28,99 b		57,15 b		57,53 a	
HTC102-20	33,04 a		31,60 a		58,27 b		57,14 b	
HTC102-21	27,12 c		28,12 b		51,48 d		52,11 c	
HTC102-22	32,28 a		30,41 b		57,15 b		55,25 b	
HTC102-23	32,07 a		30,67 b		52,43 d		52,13 c	
HTC102-24	29,04 b	B	35,08 a	A	52,88 d		51,47 c	
HTC102-25	27,98 c	B	32,56 a	A	52,10 d		52,16 c	
HTC103-01	28,49 c		30,91 b		58,66 b		57,33 b	
HTC103-02	31,87 a		29,25 b		54,23 c		54,03 c	
HTC103-03	30,27 b		28,91 b		57,15 b	A	50,32 c	B
HTC103-04	30,07 b		28,46 b		55,15 c	A	50,01 c	B
HTC103-05	29,79 b		31,77 a		54,35 c		55,54 b	
HTC103-06	33,30 a	A	29,54 b	B	56,39 c	A	52,19 c	B
HTC103-07	32,96 a		30,81 b		59,84 a	A	53,96 c	B
HTC103-08	35,51 a		32,59 a		60,81 a	A	55,33 b	B
HTC103-09	27,91 c		27,96 b		53,61 d		56,11 b	
HTC103-10	34,95 a	A	29,66 b	B	58,85 b	A	52,46 c	B
HTC103-11	33,46 a		32,93 a		61,33 a		59,89 a	
HTC103-12	30,63 b		30,94 b		56,16 c		56,14 b	
HTC103-13	33,13 a		30,55 b		57,18 b	A	53,53 c	B
HTC103-14	29,99 b		29,15 b		54,86 c		56,07 b	
HTC103-15	26,40 c		29,72 b		49,76 e		51,92 c	
HTC103-16	30,76 b		33,35 a		54,55 c	B	59,61 a	A
HTC103-17	27,96 c	B	35,11 a	A	57,79 b	B	61,94 a	A

Tabela 13 continuação ...

HTC103-18	30,26	b		27,75	b		57,62	b		54,78	b	
HTC103-19	31,88	a		28,88	b		54,85	c		52,81	c	
HTC103-20	28,03	c	B	33,57	a	A	53,82	d		51,66	c	
HTC103-21	30,97	a		33,91	a		55,55	c		57,37	b	
HTC103-22	28,56	c	B	32,60	a	A	50,32	e	B	57,34	b	A
HTC103-23	29,88	b		28,46	b		56,63	b		58,33	a	
HTC103-24	30,34	b		29,92	b		55,03	c		55,74	b	
HTC103-25	35,24	a	A	31,78	a	B	53,82	d		56,61	b	
HTC203-01	28,15	c		28,42	b		52,42	d		49,04	c	
HTC203-02	31,31	a		34,01	a		57,42	b		58,78	a	
HTC203-03	26,70	c	B	30,78	b	A	51,92	d		52,52	c	
HTC203-04	31,45	a		30,15	b		56,95	b		55,93	b	
HTC203-05	29,73	b		30,84	b		53,00	d		55,28	b	
HTC203-06	29,33	b		31,71	a		54,48	c		55,16	b	
HTC203-07	32,82	a	A	28,88	b	B	51,32	d	B	56,22	b	A
HTC203-08	32,26	a		32,27	a		56,37	c		54,43	c	
HTC203-09	33,40	a		36,31	a		50,01	e	B	57,86	a	A
HTC203-10	29,96	b		29,65	b		54,98	c		53,02	c	
HTC203-11	33,12	a		32,21	a		62,62	a	A	56,74	b	B
HTC203-12	34,09	a	A	29,19	b	B	58,30	b		58,08	a	
HTC203-13	30,47	b		28,44	b		54,37	c		55,42	b	
HTC203-14	32,39	a		32,05	a		49,93	e	B	56,14	b	A
HTC203-15	31,60	a		31,64	a		55,47	c		57,21	b	
HTC203-16	29,54	b		28,96	b		51,86	d		53,79	c	
HTC203-17	31,52	a		30,29	b		57,27	b		57,88	a	
HTC203-18	32,74	a		31,47	a		57,60	b		57,84	a	
HTC203-19	33,08	a		36,05	a		57,67	b		58,96	a	
HTC203-20	32,76	a	A	29,18	b	B	54,25	c		52,27	c	
HTC203-21	30,21	b		31,27	b		58,43	b		55,53	b	
HTC203-22	33,53	a		32,79	a		53,09	d		56,13	b	
HTC203-23	30,27	b		33,61	a		54,77	c		52,88	c	
HTC203-24	33,25	a		30,08	b		51,96	d	B	56,60	b	A
HTC203-25	29,21	b		30,8	b		57,56	b		55,96	b	
Testemunhas												
DKB 245 PRO2 (T)	30,11	b		30,40	b		54,87	c		51,59	c	
P30F53 H	29,64	b		31,43	a		55,31	c		56,55	b	
P30B39 H (G)	33,29	a		32,17	a		56,55	b		56,45	b	
AS1572 (G)	33,60	a	A	30,86	b	B	57,24	b		54,60	c	
DKB315 PRO	29,77	b		27,51	b		54,07	c	A	50,07	c	B
SG6030 PRO	27,03	c		29,32	b		55,17	c	A	51,73	c	B
Média Geral	30,65			30,96			54,97			55,08		
Média HTC	30,66			31,02			54,93			55,19		

*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.
(T) = Testador, (G) = Genitor, HTC = Híbridos *topcross*.

No grupo de menores médias de FDA no espaçamento de 0,7 m foram incluídos 46 híbridos *topcrosses*, que não diferiram das testemunhas DKB315 (27,51%), SG6030 (29,32%), DKB245 (30,40%) e AS1572 (30,86%) (Tabela 13). Isso indica que a constituição genética de

algumas linhagens quando cruzadas com o híbrido testador (DKB245), resultaram em híbridos *topcrosses* com FDA de boa aceitação para a produção de forragem para fins silageiros de boa qualidade.

De acordo com Neumann (2011) a silagem de milho que apresenta valores de FDA igual ou inferior a 38% na MS é classificada como boa ou muito boa, portanto todos os híbridos *topcrosses* avaliados neste presente estudo se enquadram dentro dos padrões para a produção de forragem de boa qualidade. No entanto, para Fancelli e Dourado Neto (2000), a silagem é considerada de boa qualidade quando os teores de FDA são inferiores a 30% na matéria seca e, nesse contexto, 30 híbridos *topcrosses* se destacaram juntamente com as testemunhas SG6030, P30F53 e DKB315. Portanto, as linhagens cujos t*opcrosses* tiveram médias de FDA menor que 30%, são promissoras para continuar no programa de melhoramento. Embora seja necessário considerar as demais características bromatológicas como FDN, digestibilidade de planta inteira, produtividade de massa seca, por exemplo.

Na escolha de cultivares para a produção de silagem, deve-se dar prioridade àquelas com a menor porcentagem de FDA, o que proporciona maior digestilidade do alimento (VON PINHO et al., 2007). Souza Neto et al. (2015) recomendaram a utilização do híbrido Impacto para reduzir o teor de fibra em detergente ácido na forragem, em combinação com os híbridos DKB390, P30B34 e P30B39, sendo uma opção viável para extração de novas linhagens promissoras para esse caráter.

Destacaram–se 16 híbridos *topcrosses* com médias de FDA inferiror a 30% em ambos os espaçamentos entre linhas (Tabela 13). Isso indica que a constituição genética das linhagens genitoras dos respectivos *topcrosses*, em combinação com o testador, resultam em híbridos com FDA de boa aceitação para produção de forragem.

Para a fibra em detergente neutro (FDN), no espaçamento de 0,4 m entre linhas, houve a formação de cinco grupos distintos de genótipos, cujos valores oscilaram de 46,61% (HTC102-18) a 62,62% (HTC203-11) (Tabela 13), comprovando a variabilidade entre os genótipos e a possibilidade de selecionar linhagens promissoras para prosseguir no programa de melhoramento.

De acordo com Van Soest (1991) as médias de FDN acima de 60% correlacionam-se negativamente com o consumo de massa seca de forragem. No entanto, Neumann (2011) recomenda genótipos com valores abaixo de 53% de FDN para confecção de silagem de boa qualidade e, neste contexto, se destacaram 19 híbridos *topcrosses* (Tabela 13).

Os valores mais elevados da FDN no espaçamento de 0,4 m entre linhas foi verificado para cinco híbridos *topcrosses* que apresentaram média acima de 59% de FDN na matéria seca,

superando os demais híbridos *topcrosses* e testemunhas (Tabela 13).

Ainda, no espaçamento de 0,4 m entre linhas, no segundo grupo de genótipos com valores elevados da FDN foram alocados 22 híbridos *topcrosses*, que não diferiram significativamente dos híbridos testemunhas P30B39 (56,55%) e AS1572 (57,24%). No terceiro grupo foram classificados 25 híbridos *topcrosses*, que não diferiram das testemunhas DKB315 (54,07%), DKB245 (54,87%), P30F53 (55,31%) e SG6030 (55,17%) (Tabela 13). Nos grupos com os menores valores de FDN foram classificados 24 híbridos *topcrosses*, todos com desempenho superior às testemunhas e demais *topcrosses*. Contudo, apenas 19 híbridos *topcrosses* tiveram valores de FDN da forragem inferiores a 53% (Tabela 13).

No espaçamento 0,7 m entre linhas ocorreu a formação de três grupos distintos de genótipos, em que as médias de FDN oscilaram de 48,92% (HTC102- 07) a 61,94% (HTC103-17). No grupo com valores mais elevados da FDN foram alocados 15 híbridos *topcrosses* com valores acima de 55,5% (Tabela 13). No grupo intermediário foram alocados 30 híbridos *topcrosses*, que não diferiram significativamente dos híbridos P30B39 (56,45%) e P30F53 (56,55%).

Dos 75 híbridos *topcrosses* avaliados no espaçamento 0,7 m, 30 genótipos foram classificados no grupo de menores médias da FDN e não diferiram significativamente das testemunhas DKB315(50,07%), DKB245 (51,59%), SG6030 (51,73%) e AS1572 (54,60%).

No espaçamento 0,7 m entre linhas, se destacaram 18 híbridos *topcrosses*, juntamente com as testemunhas DKB315, DKB245 e SG6030, com valores de FDN inferiores a 53% na matéria seca (Tabela 13). Vale ressaltar que a FDN é uma carcteristica diretamente correlacionada à velocidade de passagem do alimento pelo trato digestivo e, quanto menor o teor de FDN maior é o consumo de massa seca pelo animal e melhor é o desempenho na produção animal (ALVAREZ et al., 2006).

Considerando ambos os espaçamentos entre linhas, oito híbridos *topcrosses* (HTC102-07, HTC102-21, HTC102-23, HTC102-24, HTC102-25, HTC103-15, HTC203-01 e HTC203-03) se destacaram com médias de FDN inferiores a 53% (Tabela 13).

Os híbridos *topcrosses* HTC102-07, HTC102-21, HTC103-15 e HTC203-01 se destacaram com as menores médias para FDA e FDN em ambos os espaçamentos entre linhas, com vantagem sobre os híbridos testemunhas (Tabela 13). Isso indica que a constituição genética das linhagens dos respectivos *topcrosses*, quando cruzadas com o testador (DKB245), resultou em híbridos cuja forragem apresentou teores de FDN de boa aceitação supostamente para a produção de silagem de boa qualidade. Essas linhagens são promissoras para continuarem no programa de melhoramento, para posteriormente participarem em cruzamentos dialélicos para

obtenção de híbridos promissores para estes caracteres agronômicos.

Na Tabela 14 é apresentado o resumo da análise de variância para a digestibilidade da forragem *in situ* no ponto de ensilagem, o teste F foi significativo a 5% de probabilidade para genótipos, comprovando a variabilidade genética e possibilidade de seleção de genótipos superiores para esta característica para prosseguir no processo de melhoramento.

O coeficiente de variação de 4,26% (Tabela 14) demonstra a confiabilidade nas inferências das avaliações da digestibilidade *in situ* da forragem da planta inteira. Rossi (2014) também obteve valor baixo para coeficiente de variação de 2,55% ao avaliar forragem de híbridos de milho na região de Guarapuava. A média geral da digestibilidade *in situ* da forragem de planta inteira de milho no ponto de ensilagem foi 61,34%, (Tabela 14), inferior à observada por Rossi (2014), ao avaliar híbridos de milho com diferentes textura de grãos para forragem. Cabe lembrar que de cada tratamento foi analisada uma amostra composta pela junção das seis repetições do campo, dos dois experimentos.

Tabela 14. Resumo da análise da digestilidade da forragem *in situ* (DIG) no ponto de ensilagem, em % da matéria seca, referentes a 75 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14, em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

Fonte de variação	GL	Digestibilidade (%)
		Quadrado Médio
Bloco	2	65,5336
Genótipo	80	17,4905*
Erro médio	160	6,8467
Média Geral		61,34
CV (%)		4,26

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

O valor relativo da silagem (VRF) permite estimar o valor nutricional da forragem, pois combina o consumo estimado através da FDN concomitantemente com a digestibilidade do alimento representada pela FDA. Neste sentido, passa a ser um parâmetro de grande relevância na comparação entre espécies forrageiras (RASBY, 2011).

Os valores para VRF no espaçamento entre linhas 0,4 m (Tabela 15) mostram que o híbrido HTC102-07 foi o que apresentou o maior valor nutritivo (135,00), seguido de HTC102-18 (133,36), HTC102-17 (128,53) e HTC103-15 (127,76), classificados no grupo de maior VRF.

Tabela 15. Médias do valor relativo da forragem (VRF) e da digestibilidade in situ da forragem (DIG) no ponto de ensilagem, em % da massa seca, de 75 híbridos *topcrosses* de milho e seis testemunhas, avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 m e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

	VRF							
	Espaçamento entre linhas							
Topcross	0,4 m			0,7 m			DIG (%)	
HTC102-01	106,49	c		102,37	d		62,81	a
HTC102-02	106,21	c		115,54	b		56,28	b
HTC102-03	108,38	c		105,55	c		59,72	b
HTC102-04	117,09	b	A	99,06	d	B	61,46	a
HTC102-05	119,98	b		111,35	b		61,53	a
HTC102-06	115,04	b		117,51	b		66,46	a
HTC102-07	135,00	a	A	125,30	a	B	54,72	b
HTC102-08	97,96	d		95,76	d		58,91	b
HTC102-09	121,06	b		111,73	b		64,73	a
HTC102-10	108,47	c		114,49	b		61,01	a
HTC102-11	105,56	c		112,28	b		61,43	a
HTC102-12	106,59	c		102,65	d		62,38	a
HTC102-13	112,43	c		109,22	c		59,09	b
HTC102-14	112,46	c		113,21	b		62,32	a
HTC102-15	111,44	c		105,25	c		61,44	a
HTC102-16	115,07	b		117,26	b		59,81	b
HTC102-17	128,53	a	A	99,05	d	B	63,04	a
HTC102-18	133,36	a	A	114,93	b	B	60,17	b
HTC102-19	111,47	c		107,34	c		62,98	a
HTC102-20	101,05	d		104,72	c		63,68	a
HTC102-21	122,60	b		120,00	a		59,56	b
HTC102-22	103,97	d		110,01	c		63,16	a
HTC102-23	113,45	b		116,17	b		63,54	a
HTC102-24	116,74	b		111,28	b		62,54	a
HTC102-25	119,84	b		113,32	b		53,35	b
HTC103-01	105,80	c		105,18	c		62,85	a
HTC103-02	110,02	c		113,93	b		62,06	a
HTC103-03	106,38	c	B	122,80	a	A	59,70	b
HTC103-04	110,44	c	B	124,38	a	A	57,84	b
HTC103-05	112,47	c		107,50	c		62,10	a
HTC103-06	104,15	d	B	117,71	b	A	62,90	a
HTC103-07	98,33	d	B	111,93	b	A	59,98	b
HTC103-08	93,75	d	B	106,80	c	A	60,75	a
HTC103-09	116,69	b		111,35	b		60,57	a
HTC103-10	97,50	d	B	116,83	b	A	62,29	a
HTC103-11	95,33	d		98,25	d		63,44	a
HTC103-12	108,08	c		107,51	c		60,75	a
HTC103-13	102,66	d	B	113,16	b	A	65,83	a
HTC103-14	111,13	c		109,88	c		60,20	b
HTC103-15	127,76	a	A	117,83	b	B	61,11	a
HTC103-16	110,75	c	A	98,43	d	B	62,22	a
HTC103-17	108,07	c	A	92,53	d	B	58,03	b

Tabela 15 continuação ...

HTC103-18	105,61	c		114,27	b		59,32	b
HTC103-19	108,73	c		117,11	b		58,92	b
HTC103-20	115,93	b		113,09	b		61,18	a
HTC103-21	108,56	c		101,34	d		61,21	a
HTC103-22	123,24	b	A	103,06	c	B	58,02	b
HTC103-23	107,82	c		106,46	c		63,81	a
HTC103-24	110,69	c		109,71	c		63,97	a
HTC103-25	106,23	c		105,55	c		63,74	a
HTC203-01	119,24	b		126,66	a		62,81	a
HTC203-02	104,65	d		98,78	d		63,61	a
HTC203-03	122,02	b		115,24	b		65,29	a
HTC203-04	105,20	c		109,08	c		59,70	b
HTC203-05	115,37	b		109,27	c		60,91	a
HTC203-06	112,80	c		108,34	c		60,88	a
HTC203-07	114,80	b		109,98	c		58,99	b
HTC203-08	105,25	c		109,00	c		59,27	b
HTC203-09	116,98	b	A	97,51	d	B	61,63	a
HTC203-10	111,26	c		115,47	b		59,06	b
HTC203-11	93,75	d	B	104,90	c	A	61,12	a
HTC203-12	99,51	d		105,98	c		61,63	a
HTC203-13	111,49	c		112,15	b		61,76	a
HTC203-14	118,68	b	A	106,01	c	B	62,37	a
HTC203-15	107,95	c		104,73	c		62,62	a
HTC203-16	118,19	b		115,04	b		64,30	a
HTC203-17	104,53	d		10,09	c		62,71	a
HTC203-18	102,41	d		103,55	c		64,46	a
HTC203-19	101,85	d		95,95	d		61,51	a
HTC203-20	108,81	c		118,01	b		58,75	b
HTC203-21	104,21	d		108,14	c		61,38	a
HTC203-22	110,01	c		105,03	c		65,13	a
HTC203-23	111,58	c		110,35	c		61,50	a
HTC203-24	112,81	c		108,11	c		61,45	a
HTC203-25	106,91	c		108,03	c		61,86	a
Testemunhas								
DKB 245 PRO2 (T)	111,07	c		117,90	b		55,81	b
P30F53 H	110,75	c		106,00	c		64,14	a
P30B39 H (G)	103,60	d		105,24	c		63,80	a
AS1572 (G)	102,03	d		110,53	c		62,87	a
DKB315 PRO	113,05	c	B	125,38	a	A	57,51	b
SG6030 PRO	114,40	b		118,82	b		60,95	a
Média Geral	110,51			109,82			61,34	
Média HTC	110,61			109,49			61,38	

*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.
(T) = Testador, (G) = Genitor, HTC = Híbridos *topcross*.

De acordo com os parâmetros estabelecidos por Neumann (2011), índices de VRF superiores a 115 são considerados aceitáveis para a produção de silagem de boa qualidade. Dessa

forma, destacaram-se 28% híbridos *topcrosses* com VRF acima de 115 no espaçamento 0,4 m entre linhas, com valores superiores ao demais híbridos *topcrosses* e testemunhas. Os resultados podem ser atribuídos às linhagens genitoras dos *topcrosses*, visto que o testador é um material comum a todos os genótipos, o que supõe que essas linhagens so favoráveis para essa Característica.

No espaçamento 0,7 m entre linhas (Tabela 15), o genótipo com a maior média para valor nutritivo HTC102-21 (120,00), não diferiu dos genótipos HTC103-03, HTC103-04, HTC102-07, HTC203-01 e testemunha DKB315PRO. Entretanto, 22% dos híbridos *topcrosses* apresentaram médias do VRF superiores a 115 no espaçamento entre linhas de 0,7 m, juntamente com as testemunhas DKB245 PRO2, DKB315 PRO e SG6030 PRO.

Destacaram-se oito híbridos *topcrosses* com VRF superior a 115 em ambos os espaçamentos entre linhas (Tabela 15), sendo HTC102-06, HTC102-07, HTC102-16, HTC102-21, HTC103-15, HTC203-01, HTC203-03 e HTC203-03. Isso indica que a constituição genética das linhagens genitoras dos respectivos *topcrosses*, em combinação com o testador, resultam em híbridos com índices de VRF superior a 115, são considerados aceitáveis para produção de forragem de boa qualidade.

Os híbridos *topcrosses* HTC102-07, HTC102-21, HTC103-15 e o HTC203-01 foram os genótipos que tiveram valores mais baixos para FDN e FDA (Tabela 13), e mais altos para VRF (Tabela 15) apresentando desempenho superior aos híbridos genitores e testemunhas. Os resultados podem ser atribuídos às linhagens genitoras dos *topcrosses*, visto que o testador é um material comum a todos os genótipos, o que supõe que essas linhagens são superiores.

Ocorreu a formação de dois grupos distintos de genótipos para a digestibilidade *in situ* da forragem de planta inteira (DIG) no ponto de ensilagem, pelo teste de agrupamento de médias Scott Knott a 5% (Tabela 15). Os valores da DIG variaram de 53,35% (HTC102-25) a 66,46% (HTC102-06), comprovando a variabilidade dos genótipos para este caráter e posibilidade de seleção de linhagens S_3 superiores para prosseguir no processo de endogamia.

No grupo dos genótipos que foram classificados com menores valores de DIG da forragem de planta inteira, foram incluídos 29% híbridos *topcrosses*, juntamente com o híbrido testador DKB245 (55,81%) e a testemunha DKB315 PRO (57,51%), sendo que estes genótipos apresentaram desempenho inferior aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas.

No grupo dos genótipos com valores superiores da DIG foram classificados 71% dos híbridos *topcrosses*, que não diferiram significativamente das testemunhas SG6030 PRO (60,95%), AS1572 (62,87%), P30B39 H (63,80%) e P30F53 H (64,14%) e foram superiores a DKB245 (55,81%), DKB315 PRO (57,51%) e demais híbridos *topcrosses*.

O híbrido testador DKB245 PRO foi eficiente para discriminar o mérito relativo das linhagens quanto à DIG, possibilitando inferir que os *topocrosses* com digestibilidade superior se devem às características genéticas das linhagens S_3, já que o testador foi único para todos os cruzamentos. Vale ressaltar ainda que muitos híbridos *topcrosses* foram classificados no grupo de genótipos de alta digestibilidade e não apresentaram bom desempenho para produtividade de grãos, neste caso pode-se inferir que estes genótipos apresentam melhor digestibilidade de fibras.

Há relatos na literatura de trabalhos utilizando cruzamentos de híbridos simples para obtenção de linhagens promissoras com redução de teor de fibra na forragem. Souza Neto et al. (2015) relatam incremento na qualidade de fibra de forragem no híbrido Impacto em cruzamento com DKB390, P30B39 e P30B34 e que a extração de linhagens originadas destes cruzamentos são promissoras para essas caracteristicas

Os resultados verificados nesta pesquisa estão em consonância com trabalhos recentes em que, híbridos de milho com elevadas produtividades de massa seca nem sempre possuem elevada digestibilidade, com baixa produção de material realmente aproveitável (GRIEDER et al., 2012; ZSUBORI et al., 2013). Desta forma, é importante que sejam obtidas estas informações em híbridos destinados a ensilagem para que se conheça o real potencial produtivo.

5.4 Contrastes entre os grupos de híbridos *topcrosses* de acordo com as populações de origem das linhagens S_3 e testemunhas

O emprego de contrastes é uma maneira simples de analisar dados experimentais para obtenção de resultados referentes a efeitos principais e efeitos de comparação entre grupos de tratamentos (NOGUEIRA, 2004). Foram realizados os contrastes entre as médias dos grupos de *topcrosses* considerando as populações de origem das respectivas linhagens S_3 e de cada população com as testemunhas (Tabela 16).

Para altura de planta (AP) a estimativa do contraste pop 102 *vs* pop 103 foi significativa no espaçamento 0,4 m entre linhas, sendo que, em média, os *topcrosses* da população 102 apresentaram maior altura de plantas. Já os topcrosses da pop 103 tiveram menor altura de plantas no espaçamento reduzido, em contraste com a média dos *topcrosses* cujas linhagens S3 são provenientes da população 203. As estimativas dos contrastes entre as médias das populações 102, 103 e 203 com as testemunhas não foram significativas para AP, demosntrando que a combinção das linhagens S_3 com o testador proporcionou híbridos *topcrosses* com AP semelhantes aos híbridos testemunhas.

Para altura de espiga (AE), no espaçamento reduzido, a média dos *topcrosses* da pop 102 apresentou menor valor no contrante com a média dos *topcrosses* da população 203 e com as testemunhas. Já a média da AE dos *topcrosses* da pop 103 foi inferior à média da pop 203 e das testemunhas. No espaçamento de 0,7 m as estimativas dos contrastes não foram significativas (Tabela 16).

Para o florescimento masculino (FM) no expaçamento reduzido, as estimativas dos contrastes não foram significativas, exceto para o contraste pop 203 *vs* testemnunhas.

Tabela 16. Estimativas dos contrastes entre as médias dos grupos de topcrosses considerando as populações de origem das respectivas linhagens S_3 de milho, para altura de plantas (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), ponto ideal de corte das plantas para ensilagem, após o florescimento masculino (PCS), *stay green* (SG), prolificidade (PR), produtividade de grãos (PG), massa de mil grãos (MMG), porcentagem de massa seca (%MS), fibra em detergente ácido (FDA), fibra em detergente neutro (FDN), valor relativo da forragem (VRF) e digestibilidade *in situ* da forragem de planta inteira (DIG) no ponto de ensilagem, de 75 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

	Pop102 *vs* Pop103		Pop102 *vs* Pop203		Pop103 *vs* Pop203		Pop102 *vs* Pop Test		Pop103 *vs* Test		Pop203 *vs* Test	
Variável	0,4 m	0,7 m	0,4 m	0,7 m	0,4 m	0,7 m	0,4 m	0,7 m	0,4 m	0,7 m	0,4 m	0,7 m
	---m---											
AP	0,028*	0,024	-0,004	-0,008	-0,03*	-0,03*	-0,00	-0,005	-0,02	-0,02	0,004	0,003
AE	0,018	0,012	-0.032*	-0,007	-0,05*	-0,19	-0,03*	0,014	-0,05*	0,002	-0,006	0,021
	---dias---											
FM	-0,02	-0,18	-0,36	-0,92*	-0,33	-0,73*	0,57	0,85*	0,59	1,03*	0,93*	1,77*
PCS	-0,17	-0,17	2,64*	0,60*	2,81*	0,77*	1,42*	0,83*	1,59*	1,00*	-1,21*	0,23
	---número de folhas secas---											
SG	0,01	0,26*	0,05	-0,04	0,04	-0,30	0,59*	0,05	0,58*	-0,21	0,54*	0,09
	---número de espigas por planta---											
PR	-0,003	-0,01*	0,01*	0,001	0,023*	0,018*	-0,02*	-0,02*	-0,02*	0,019	-0,04*	0,001
	---t ha^{-1}---											
PG	0,670*	0,283	0,725*	-0,660	0,550	-0,350	0,346	0,108	-0,323	-0,175	-0,379	0,174
	---g---											
MMG	-1,73	-6,19	-5,38	-8,27*	-3,65	-2,08*	0,16	7,51	1,89	13,70*	5,55	15,79*
	---t ha^{-1}---											
PMV	2,04*	-0,08	-5,62*	-2,34*	-3,58*	-2,25*	-5,80*	0,34	-3,76*	0,42	-0,18	2,68*
PMS	-0,25	0,149	-0,57	-0,02	-0,32	-0,17	-0,53	-0,64	-0,28	-0,79	0,03	-0,62
	---% na massa seca---											
MS	0,76*	0,27	1,86*	1,10*	1,10*	0,82*	2,08*	-1,38*	1,31*	-1,66*	0,21	-2,49*
FDA	-1,14*	0,33	-1,55*	-0,16	-0,41	-0,50	-0,81	0,79	0,33	0,45	0,74	0,95
FDN	-2,01*	-0,43	-1,03*	-0,78*	0,97*	-0,34	-1,61*	1,30*	0,39	1,74*	-0,57	2,08*
VRF	5,76*	0,35	4,39*	1,79	-1,36	1,44	4,86*	-3,76*	-0,90	-4,11*	0,46	-5,56*
DIG	-0,26		-0,74		-0,47		0,19		0,46		0,94	

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Não ocorreram diferenças significativas entre as médias do FM das populações 102 e 103 em ambos os espaçamentos entre linhas. Entretanto no espaçamento 0,7 m entre linhas, os topcrosses advindos da pop. 102 foram, em média, mais precoces em aproximadamente em um dia em relação à população 203 e ciclo mais longo de cerca de um dia para FM em relação as testemunhas.

Com relação ao número de dias para o corte das plantas para ensilagem após o florescimento masculino (PCS), não ocorreu significância das estimativas do contraste entre as médias dos *topocrosses* das populaçoes 102 e 103, em ambos os espaçamento entre linhas. Entretanto, os *topcrosses* da população 203 foram, em média, 2,64 dias mais precoces que os das demais populações e 1,21 dias mais precoces que as testemunhas no espaçamento reduzido (Tabela 16).

Para o *stay green* (SG), no espaçamento entre linhas reduzido, os *topcrosses* das três populações apresentaram maiores médias de folhas secas em contraste com a média das testemunhas, com estimativas. No entanto, no espaçamento de 0,7 m as estimativas dos contrastes com as testemunhas não foram significativas (Tabela 16).

Para produtividade de grãos, no espaçamento reduzido, a média dos *topcrosses* da população 102 foi superior em 670 kg ha^{-1} e 725 kg ha^{-1} em contraste com as médias dos *topcrosses* das populações 103 e 203, respectivamente, demonstrando o potencial genético promissor das linhagens de origem do híbrido P30B39 com alto potencial para produtividade de grãos. Contudo, não foram verificadas estimativas significativas dos contrastes com as testemunhas em ambos os espaçamentos entre linhas (Tabela 16). Pode-se inferir que é viável a extração de linhagens a partir de híbridos simples comerciais, devido a presença de muitos alelos já fixados, favoráveis à produtividade de grãos.

Para massa de mil grãos (MMG) destacaram-se os *topcrosses* das populações 103 e 203, que foram superiores à média dos híbridos testemunhas, apenas no espaçamento 0,7 m entre linhas (Tabela 16).

Quanto às caracteristicas da forragem de milho, produtividade de massa verde (PMV) destacou-se a população 102 no espaçamento 0,4 m entre linhas foi superior em 2,04 t ha^{-1} em relação as linhagens de origem da popualção 103, no entanto não diferiu para produtividade de massa seca.

Para produtividade de massa seca (PMS) da forragem não ocorreram estimativas sgnificativas dos contrastes entre as médias dos *topcrosses* das populações de origem das linhagens S_3, bem como não diferiram das médias das testemunhas comerciais (Tabela 16), demonstrando potencial genético dessas linhagens para o desenvolvimento de novos de híbridos promissores para este caráter.

Para as caracteristicas bromatológicas de forragem destacaram-se para FDA os *topcrosses* de linhagens da população 102, cuja média do teor de FDA foi inferior em contraste com as médias das populações 103 e 203 no espaçamento reduzido entre linhas, esse fato pode ser atribuído à maior produtividade de grãos da população 102 que pode ter diluído a proporção de fibra na forragem da planta inteira.

O teor de FDA na forragem é representado pela lignina e celulose, compostos de baixa digestibilidade ruminal, de forma que baixo teor de FDA é desejável para uma forragem de boa qualidade (SILVA e QUIROZ, 2002).

As estimativas dos contrates entre as médias de FDA dos *topcrosses* das populações 102, 103 e 203 e dos híbridos comerciais testemunhas foram não significativas, evidenciando o

potencial genético das linhagens S_3 dos *topcrosses* para gerar híbridos com teores de FDA semelhantes aos híbridos silageiros recomendados para a região de Guarapuava-PR.

No espaçamento 0,7 m entre linhas, não ocorreram diferenças significativas entre as médias de FDA dos *topcrosses* das populações 102, 103 e 203, as quais também não diferiram das médias dos híbridos testemunhas.

Quanto aos teores de fibra em detergente neutro (FDN), destacou-se no espaçamento 0,4 m entre linhas a população 102 em, contraste com a população 103, cujos *topcrosses* apresentaram, em média, redução de 2,01% no teor FDN na porcentagem de massa seca (Tabela 16).

A média dos topcrosses da população 102 se destacou na porcentagem de fibra em comparação com as testemunhas comercais, demonstrando o potencial genético das linhagens de milho de origem do híbrido P30B39 em cruzamento com o híbrido testador para gerar híbridos *topcrosses* com menores teores de fibra na composição da forragem.

Referente à digestibilidade *in situ* de planta inteira (DIG), foi verificado que o híbrido testador foi eficiente para discriminar o mérito relativo das linhagens de milho, neste contexto é possível realizar a seleção e avanço de linhagens promissoras, pois o sucesso de um programa de melhoramento de milho depende da obtenção de linhagens-elite. As avaliações precoces das linhagens de milho têm como propósito a redução de tempo e do número de linhagens a serem avançadas no programa de melhoramento.

Os *topcrosses* das populações 102, 103 e 203, no espaçamento de 0,7 m entre linhas apresentaram em média, redução de 7,68 a 9,48% no VRF em relação ao testador, entretanto para o espaçamento de 0,4 m entre linhas as estimativas dos contrastes não foram significativas (Tabela 17

Tabela 17. Estimativas dos contrastes entre as médias dos grupos de topcrosses considerando as populações de origem das respectivas linhagens S3 de milho, para altura de plantas (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), ponto ideal de corte das plantas, após o florescimento masculino (PCS), *stay green* (SG), prolificidade (PR), produtividade de grãos (PG), massa de mil grãos (MMG), porcentagem de massa seca (MS), fibra insolúvel em detergente ácido (FDA), fibra insolúvel em detergente neutro (FDN), valor relativo da forragem (VRF) e digestibilidade *in situ* da forragem de planta inteira (DIG) de 75 híbridos *topcrosses* avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR. UNICENTRO, 2015.

	HTC Pop 102 *vs* Testador		HTC Pop 103 *vs* Testador		HTCPop 203 *vs* Testador	
	Espaçamento		Espaçamento		Espaçamento	
	0,4 m	0,7 m	0,4 m	0,7 m	0,4 m	0,7 m
AP (m)	0,01	0,04	-0,01	0,02	0,02	0,05
AE (m)	-0,01	0,06	-0,03	0,05	0,01	0,07
FM (dia)	1,96*	1,24	1,98*	1,42	2,32*	2,16*
PCS (dia)	0,20	4,28*	0,37	4,45*	-2,44*	3,68*
SG	0,04	1,33*	0,02	1,06*	-0,01	1,37*
PR	-0,02	0,01	-0,01	0,03	-0,04	0,01
PG (kg ha^{-1})	38,08	455,41	-632,09	171,44	-687,46	521,97
MMG (g)	3,67	16,83	5,40	23,02*	9,05	25,10*
PMV (t ha^{-1})	-0,12	-2,75	1,91	-2,66	5,49	-0,40
PMS (t ha^{-1})	-4,81*	-0,33	-5,32*	0,51	-4,53*	-0,21
MS (%)	0,58	2,58*	-0,18	2,30	-1,28	1,47
FDA (%)	-0,34	0,67	0,79	0,33	1,20	0,83
FDN (%)	-0,95	3,21*	1,05	3,65*	0,08	3,99*
VRF (%)	2,93	-7,68*	-2,82	-8,03*	-1,46	-9,48*
DIG (%)	5,23*		5,50*		5,98*	

*Significativo a 5% de probabilidade.

Os *topcrosses* das populações 102, 103 e 203, no espaçamento de 0,7 m entre linhas apresentaram em média, redução de 7,68 a 9,48% no VRF em relação ao testador, entretanto para o espaçamento de 0,4 m entre linhas as estimativas dos contrastes não foram significativas (Tabela 17).

Quanto à digestibilidade *in situ* de forragem de planta inteira (DIG), as médias dos híbridos *topcrosses* de origem das três populações superaram em mais de 5,5% a média do híbrido testador (Tabela 17), Neste contexto, pode-se afirmar que, o híbrido testador foi eficiente para discriminar o valor relativo das linhagens, pois os híbridos *topcrosses* apresentaram média de valores superior para digestibilidade *in situ* de forragem de planta inteira em comparação com

o híbrido testador, desta maneira é possível realizar a seleção e avanço de linhagens promissoras para o programa de melhoramento.

6. CONCLUSÕES

Não ocorreram diferenças significativas para espaçamentos entre linhas para as caracteristicas agronômicas quantitativas e qualitativas da forragem e produtividade de grãos, foi verificado apenas interação ‘genótipos x espaçamentos’ para estas variáveis.

Os híbridos *topcrosses* HTC102-01, HTC102-17, HTC103-17, HTC103-24, HTC203-08, HTC203-22 e HTC203-24, destacaram com produtividade de grãos acima de 12.000 kg ha^{-1}, nos dois espaçamentos avaliados.

Para produtividade de massa seca, destacaram-se os genótipos HTC102-09, HTC102-15, HTC102-21 HTC103-04, HTC103-10, HTC103-11, HTC103-17, HTC103-24, HTC203-05, HTC203-15 e HTC203-24, juntamente com as testemunhas DKB315 PRO, SG6030 PRO e AS1572.

Para teor de fibras, os híbridos *topcrosses* HTC103-15 e HTC203-01 destacaram-se com as menores médias para fibra insolúvel em detergente ácido e fibra insolúvel em detergente neutro, desempenho superior para valor relativo da forragem e digestibilidade *in situ* da planta inteira em ambos os espaçamentos entre linhas, em que foram superiores aos híbridos testemunhas.

O híbrido *topcross* HTC102-21 se destacou para as características PMS, PG, FDN e FDA, o que pode ser atribuído ao potencial genético da linhagem S_3 em combinação com o híbrido testador, a elevada PMS é um fator de destaque para dimensão do silo e amortização dos custos de produção por área.

Os híbridos *topcrosses* HTC103-15 e HTC203-01 se destacaram para as caracteristicas bromatológicas de forragem, com os menores valores para teores de FDN e FDA no ponto de ensilagem, melhor desempenho para valor relativo da forragem e digestibilidade *in situ* da planta inteira, em ambos os espaçamentos entre linhas. Isso pode ser atribuído à constituição genética das linhagens S3 genitoras deses topcrosses.

O híbrido testador foi eficiente para discriminar o mérito relativo das linhagens S_3 de milho, principalmente para as características bromatológicas da forragem.

A extração de linhagens apartir do cruzamento de híbridos simples é uma alternativa viável para obtenção de novos híbridos de milho com bom valor nutricional da forragem associado a alta produtividade de massa seca e de grãos.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. 3 ed. New York: john Wiley, 1999. 485 p.

AMARAL FILHO, J.P.R.; FORNASIERI FILHO, D.; FARINELLI, R.; BARBOSA, J.C. Espaçamento, densidade populacional e adubação nitrogenada na cultura do milho. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v.29, n.3, p.467- 473, 2005.

ALVAREZ, C.G. D.; PINHO, R.G.; BORGES, I.D. Avaliação de características agronômicas e de produção de forragens e grãos de milho em diferentes densidades de semeadura e espaçamentos entre linhas. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.30, n.3, p.402-408, 2006.

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.

ARGENTA, G.; SILVA, P.R.F.; BORTOLINI, C.G.; FORSTHOFER, E.L.; MANJABOSCO, E.A.; BEHEREGARAY NETO, V. Resposta de híbridos simples de milho à redução do espaçamento entre linhas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n.1, p.71-78, 2001.

BALBINOT JÚNIOR, A.S.; FLECK, N.G. Competitividade de dois genótipos de milho (*Zea mays*) com plantas daninhas sob diferentes espaçamentos entre fileiras. **Planta Daninha**,Viçosa, v.23 n.3, p.415-421, 2005.

BARRIÈRE, Y.; ALBER, D.; DOLSTRA, O.; LAPIERRE, C.; MOTTO, M.; ORDAS, A.; VAN WAES, J.; VLASMINKEL, L.; WELCKER, C.; MONOD, J. P. Past and prospects of forage maize breeding in Europe. I. The grass cell wall as a basis of genetic variation and future improvements in feeding value. **Maydica**, Ames, v.50, p.259–274, 2005.

BOLSEN, K.K. Silage technology. In: AUSTRALIAN MAIZE CONFERENCE, 2., 1996, Queensland. **Anais…** Queensland: Gatton College, 1996. p.1-30.

BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento de Plantas**: princípios e procedimentos. Lavras: UFLA 2001. 282 p.

CALONEGO, J.C.; POLETO, L.C.; DOMINGUES, F.N.; TIRITAN, C.S. Produtividade e crescimento de milho em diferentes arranjos de plantas. **Agrarian**, Dourados, v.4, n.12, p.84-90, 2011.

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

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira:** 2015 /Companhia Nacional de Abastecimento. – Brasília. Disponível em: < http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_01_09_09_00_21_boletim_graos_janeiro_2015.pdf>. Acesso em: 19 jan 2015.

COSTA, E.F.N; SANTOS, M.F.; MORO, G.V.; ALVES, G.F.; SOUZA JUNIOR, C.L. de.

Herança da senescência retardada em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.43, n.2, p.207-213, 2008.

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.

CRUZ, J.C.; SILVA, G.H.; PEREIRA FILHO, I.A.; GONTIJO NETO, M.M.; MAGALHÃES, P.C. Caracterização do cultivo de milho safrinha de alta produtividade em 2008 e 2009. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.9, n.2, p.177-188, 2010.

CRUZ, J.C.; PEREIRA FILHO, I.A.; SIMEÃO, E.P. **Cultivo do milho**: cultivares, outubro 2014. Disponóvel em: <http://www.apps.agr.br/upload/ax10_2908201462542300_artigo.pdf>. Acesso em: 10 jan. 2015.

CRUZ, S.C.S.; PEREIRA, F.R.S; BICUDO, S.J.; ALBUQUERQUE, A.W.; SANTOS, J.R.; MACHADO, C.G. Nutrição do milho e da *Brachiaria decumbens* cultivado em consórcio em diferentes preparos do solo. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.30, n.05, p.733-739, 2008.

DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. **Puerto Rico Agr. Exp. Sta. Ann. Rpt.**, p.14-15, 1927.

DEMÉTRIO, C.S.; FORNASIERE FILHO, D.; CAZETTA, J.O.; CAZETTA, D.A. Desempenho de híbridos de milho submetidos a diferentes espaçamentos e densidades populacionais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.12, p.1691-1697, 2008.

DEMINICIS, B.B.; VIEIRA, H.D.; JARDIM, J.G.; ARAÚJO, S.A.C.; CHAMBELA NETO A.; OLIVEIRA, V.C.; LIMA, E.S. Silagem de milho – Características agronômicas e Considerações. **Revista eletrônica de Veterinária**, Garça, v.10, n.7, p.1-17, 2009.

DOURADO NETO, D.; PALHARES, M.; VIEIRA, P.A.; MANFRON, P.A.; MEDEIROS, S.L.P.; ROMANO, M.R. Efeito da população de plantas e do espaçamento sobre a produtividade de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.2, n.3, p.63-77, 2003.

DUARTE, I.A.; FERREIRA, J.M.; NUSS, C.N. Potencial discriminatório de três testadores em *topcrosses* de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.3, p.365-372, 2003.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Cultivo do milho**: importância econômica. Disponível em: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho/importancia.htm>. Acesso em 12 jan. 2015.

FANCELLI, A.L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. 2.ed. Guaíba: Agropecuária, 2004. 360p.

FARIA, M.V.F.; MENDES, M.C.; ROSSI, E.S.; POSSATTO JUNIOR, O.; RIZZARDI, D.A.; GRALACK, 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**, Londrina, v.36, n.1, p.123-134, 2015.

FERRARI JUNIOR, E.; POSSENTI, R.A.; LIMA, M.L.P.; NOGUEIRA, J.R.; ANDRADE, J.B. Características, composição química e qualidade de silagens de oito cultivares de milho. **Boletim de Indústria Animal**. Sete Lagoas, v.62, n.1, p.19-27, 2005.

FERREIRA, E.A. **Desempenho de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas de milho em *topcrosses*, em três locais do estado de São Paulo**, 2008. 88 p. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) – Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, SP.

FERREIRA, E.A.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; DUARTE, A.P.; GALLO, P.B.; SAWAZAKI, E.; AZEVEDO FILHO, J.A.; GUIMARAES, P.S. Desempenho de 71 híbridos *topcrosses* de linhagens S_3 de milho em três locais do Estado de São Paulo. **Bragantia**. Campinas, v.68, n.2, p.319-327, 2009.

FERREIRA, E.A.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; SANTOS, F.M.C. Potencial de híbridos comerciais de milho para obtenção de linhagens em programas de melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.40, n.3, p.304-311, 2010.

FERREIRA, D.F. Sisvar: a computer statistical analysis system. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.35, n.6, p.1039-1042, 2011.

FOLONI, J.S.S.; CALONEGO, J.C.; CATUCHI, T.A.; BELLEGGIA, N.A.; TIRITAN C.S.; BARBOSA, A.M. Cultivares de milho em diferentes populações de plantas com espaçamento reduzido na safrinha. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.13, n.3, p.312-325, 2014.

FORNASIERI FILHO, D. **Manual da cultura do milho**. 1 edi. Jaboticabal: Funep, 2007. 273 p.

FUZATTO, S.R. **Dialelo parcial circulante interpopulacional em milho (*Zea mays* L.): efeito do número (s) de cruzamentos.** Piracicaba, 2003. 154 p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, SP.

GILO, E.G.; SILVA JUNIOR, C.A.; TORRES, F.E.; NASCIMENTO, E.S. LOURENÇÃO, A.S. Comportamento de híbridos de milho no cerrado sul-matogrossense, sob diferentes espaçamentos entre linhas. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.27, n.6, p.908-914, 2011.

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

GUEDES, F.L.; FERREIRA JUNIOR, E.J.; CASTRO, C.E.C.; PEREIRA, C.H.; PRADO, P.E.R.; SOUZA, J.C. The behavior of maize hybrids generated from contrasting progênies regarding the use of nitrogen. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.37, n.1, p.45-50, 2015.

GUEDES, F.L.; SOUZA, J.C.; COSTA, E.F.N.; REIS, M.C.; CARDOSO, G.A.; EMATNÉ, H.J. Evoluation of maize *top crosses* undes two nitrogen levels. **Ciência Agrotecnologia**, Lavras, v.35, n.6, p.1115-1121, 2011.

GUEDES, F. L. **Avaliação de *topcrosses* de milho em duas doses de nitrogênio**. 2009. 66p.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG.

GRALAK, E.; FARIA, M.V. POSSATTO JÚNIOR, O.; ROSSI, E.S.; SILVA, C.A.; RIZZRADI, D.A.; MENDES, M.C.; NEUMANN, M. Capacidade combinatória de híbridos de milho para caracteres agronômicos e bromatológicos da silagem**. Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.13, n.2, p.187-200, 2014.

GRALAK, E. **Capacidade combinatória de híbridos comerciais de milho para caracteres agronômicos e bromatológicos da silagem**. 2011. 77f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual do Centro-Oeste, Guarapuava.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitativ genetics in maize breeding.** 2° ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468p.

KAPPES, C.; ANDRADE, J.A.C.; ARF, O.; OLIVEIRA, A.C.; ARF, M.V.; FERREIRA, J.P. Desempenho de híbridos de milho em diferentes arranjos espaciais de plantas. **Bragantia**, Campinas, v.70, n.2, p.334-343, 2011.

LI, M.S.; LI, X.H.; DENG, L.W.; ZHANG, D.G.; BAI, L.; ZHANG, S.H. Comparisons of four testers in evaluating 27 cimmyt and Chinese maize populations. **Maydica**, v.52, p.173-179, 2007.

MACHADO, J.C. **Estabilidade de produção e da capacidade de combinação em híbridos de milho**. Lavras, 2007. 68p. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Lavras. Lavras.

MARCONDES, M.M. **Desempenho agronômico e forrageiro de linhagens S_4 de milho em *topcrosses* com testadores de base genética restrita**. 2012. 92f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual do Centro-Oeste, Guarapuava, PR.

MARAFON, F.; NEUMANN, M.; CARLETTO, R.; WROBEL, F.L.; MENDES, E.D.; SPADA, C.A.; FARIA, M.V.F. Características nutricionais e perdas no processo fermentativo de silagens de milho, colhidas em diferentes estádios reprodutivos com diferentes processamentos de grãos. **Semina**: Ciências Agrárias, Londrina, v.36, n.2, p.917-932, 2015.

MELLO, R.; NORNBERG, J.L.; ROCHA, M.G.; DAVID, D.B. Características produtivas e qualitativas de híbridos de milho para produção de silagem. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.4, n.1, p.79-94, 2005.

MENDES, M.C.; GABRIEL, A.; FARIA, M.V.; ROSSI, E.S. POSSATO JUNIOR, O. Época de semeadura de híbridos de milho forrageiro colhidos em diferentes estádios de maturação. **Revista Agro@mbiente**, Boa Vista, v.9, n.2, p.136-142, 2015.

MENDES, M.C.; MATCHULA, P.H.; ROSSI, E.S.; OLIVEIRA, B.R.; SILVA, C.A.; SÉKULA, C.R. Adubação nitrogenada em cobertura associada com densidades populacionais de híbridos de milho em espaçamento reduzido. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.12, n.2, p.92-101, 2013.

MENDES, M.C.; ROSSI, E.S.; FARIA, M.V.; ALBUQUERQUE, C.J.B.; ROSÁRIO, J.G. Efeitos de níveis de adubação nitrogenada e densidade de semeadura na cultura do milho no Centro-sul do Paraná. **Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada nas Ciências Agrárias**,

Guarapuava, v.4, n.2, p.176–192, 2011.

MENDES, M.C.; GABRIEL, A.; FARIA, M.V.; ROSSI, E.S.; POSSATTO JUNIOR, O. Época de semeadura de híbridos de milho forrageiro colhidos em diferentes estádios de maturação. **Revista Agro@mbiente On-line**, Boa Vista, v. 9, n. 2, p.136-142, abril-junho, 2015.

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.

MIRANDA FILHO, J.B.; GORGULHO, E.P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS et al. (eds). Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis. 2001.

MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho híbrido. In: Paterniani, E.; Viégas, G.P. (Eds) **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, v.1, p.277-326, 1987.

NEUMANN, M. **Parâmetros para análise de qualidade da silagem**. 2011. Disponível em:<http://www.iepec.com/curso/listarCapituloPopUp&idCurso=58&idCapitulo=407>. Acesso em: 09 jan. 2014.

NEUMANN, M.; RESTLE, J.; MÜHLBACH, P.R.F.; NÖRNRNBERG, J.L.; ROMANO, M.A.; LUSTOSA, S.B.C. Comportamento ingestivo e de atividades de novilhos confinados com silagens de milho de diferentes tamanhos de partícula e alturas de colheita. **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v.10, n.2, p.462-473, 2009.

NOGUEIRA, M.C.S. Orthogonal contrasts: definitions and concepts. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.61, n.1, p.118-124, 2004.

NUSSIO, L.G. Cultura do milho para produção de silagem de alto valor alimentício. In: SIMPÓSIO SOBRE NUTRIÇÃO DE BOVINOS, 4. 1991, Piracicaba. **Anais...**Piracicaba: Fundação de Estudos Agrários Luiz de Queiroz, 1991. p.58-168.

NUSSIO, L.G.; SIMAS, J.E.C.; LIMA, M.L.M. Determinação do ponto de maturidade ideal para colheita do milho para silagem. In: NUSSIO, L.G.; ZOPOLLATO, M.; MOURA, J.C (Ed). **Milho para a silagem**. Piracicaba: FEALQ, 2001. p.11-26.

NURMBERG, P. L.; SOUZA, J. C.; RAMALHO, M. A. P.; RIBEIRO, P. H. E. Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em top crosses. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLATAS, 1. 2000, Goiânia. **Resumo** ... Goiânia: Embrapa, 2000.

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

OLIBONI, R.; FARIA, M.V.; NEUMANN, M.; BATTISTELLI, G.M.; TEGONI, R.G.; RESENDE, J.T.R. Genetic divergence among maize hybrids and correlations with heterosis and combining ability. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.34, n.01, p.37-44, 2012.

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**, Ciências Agrárias, v.34, n.1, p.7-18, 2013.

OLIVEIRA, J.S.; SOUZA SOBRINHO, F.S.; REIS, F.A.; SILVA, G.A; ROSA FILHO, S.N.; SOUZA, J.J.R.; MOREIRA, F.M.; PEREIRA, J.A.; FIRMINO, W.G. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho destinados à silagem em bacias leiteiras do estado de Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiania, v.37, n.1, p.45-50, 2007.

OLIVEIRA, M.R. **Efeito do estádio de maturação na qualidade da silagem de milho na resposta econômica de novilhos confinados.** 2010. 134p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual do Centro-Oeste, Guarapuava.

OLIVEIRA, F.C.; JOBIM, C.C.; SILVA, M.S.; CALIXTO JUNIOR, M.; BUMBIERIS JUNIOR, V.H.; ROMAN, J. Produtividade e valor nutricional da silagem de híbridos de milho em diferentes alturas de colheita. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Brasilia v.40, n.4, p.720-727, 2011.

OLIVEIRA, M.R.; NEUMANN, M.; JOBIM, C.C.; UENO, R.K.; MARAFON, F.; NERI, J. Composição morfológica e nutricional de plantas e silagens de milho em diferentes estádios de maturação. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.12, n.2, p.183-192, 2013.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; FERREIRA, E.A.; DUARTE, A.P.; GALLO, P.B. Potencial de híbridos *topcrosses* de milho no estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.9, n.2, p.163-176, 2010.

PIANA, A.T.; SILVA, P.R.F.; PREDEMEIRER, C.; SANGOI, L.; VIEIRA, V.M.; SERPA, M.S.; JANDREY, D.B. Densidade de plantas de milho híbrido em semeadura precoce no Rio Grande do Sul. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.38, n.9, p.2608-2612, 2008.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**.13. ed. Piracicaba: Nobel, 1990.

PINTO, A.P.; LANÇANOVA, J.A.C.; LUGÃO, S.M.B.; ROQUE, A.P.; ABRAHÃO, J.J. S.; OLIVEIRA, J.S.; LEME, M.C.J.; MIZUBUTI, I.Y. Avaliação de doze cultivares de milho (*Zea mays* L.) para silagem. **Semina.** Londrina, v.31, n.4, p.1071-1078, 2010.

PORTO, A.P.F. C**ultivares de milho submetidos a diferentes espaçamentos e manejos de capinas no Planalto da Conquista – BA.** 2010. 89p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista- BA.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326p.

RASBY, R. **Understandig feed analysis**. In: University of Nebraska-Lincoln. Lincoln, Nebraska, EUA, 2011. Disponível em: < http://www.beef.unl.edu/learning/feedanalysis.shtml>. Acesso em: 20 mar. de 2014.

RIBAS, M.R.; TAVARES, C.J.; REZENDE, B.P.M.; CUNHA, P.C.R.; JAKELAITIS, A. Competição de híbridos de milho com plantas daninhas em dois espaçamentos entrelinhas. **Global Science and Technology.** Rio Verde, v.06, n.02, p.38-47, 2013.

RITCHIE, S.; HANWAY, J.J. **How a corn plant develops**. Special Report, n.48. Iowa

University of Science and Technology. Cooperative Extension Service. Ames, Iowa. 1989.

ROSA, J. R. P.; SILVA, J. H. S.; RESTLE, J.; PASCOAL, L. L.; BRONDANI, I. L.; ALVES FILHO, D. C.; FREITAS, A. K. Avaliação do Comportamento Agronômico da Planta e Valor Nutritivo da Silagem de Diferentes Híbridos de Milho (*Zea mays,* L.). **Revista Brasileira de Zootecnia**, Brasilia v.33, n.2, p.302-312, 2004.

ROSSI, E.S. **Características bromatológicas e digestibilidade de híbridos de milho com diferentes texturas de grãos**. 2014. 78p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual do Centro-Oeste, Guarapuava.

RUSSEL, J.B. **Rumen microbiology and its role in ruminal nutrition**. Ithaca: Cormell University. 2002. 119p.

SALAZAR, D. R.; STABILE, S. S.; GUIMARÃES, P. S.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; SANTOS, M. V.; SILVA, L. F. P. Valor nutritivo do colmo de híbridos de milho colhidos em três estádios de maturidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.7, p.758-766, 2010.

SANGOI, L.; ALMEIDA, M.L.; SILVA, P.R.F.; ARGENTA, G. Bases mortfológicas para maior tolerância dos híbridos modernos de milho a altas densidades de plantas. **Bragantia**, Campinas, v.61, n.2, p.101-110, 2002.

SANGOI, L.; SILVA, P.R.F.; ARGENTA, G. Arranjo espacial de plantas de milho: como otimizá- lo para maximizar o rendimento de grãos. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 25.,2004, Cuiabá, MT. **Anais**... Cuiabá: EMBRAPA-CNPMS, 2004. CD.

SANTOS, M.X.; POLLAK, L.M.; CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.E.G.; GUIMARÃES, P.E.O.; ANDRADE, R. V. Heterotic responses of tropical elite maize accessions from Latin America with Brazilian testers. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.58, n.4, p.767-775, 2001.

SANTOS, H.G.; JACOMINE, P.K.T.; ANJOS, L.H.C.; OLIVEIRA, V.A.; OLIVEIRA, J.B.; COELHO, M.R.; LUMBRERAS, J.F.; CUNHA, T.J.F. (Ed.). **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2. ed. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2006. 306 p.

SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P. de; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p.683-686, 1995.

SECRETARIA DE ESTADO DA AGRICULTURA E DO ABASTECIMENO DO PARANÁ. **Sistema de acompanhamento de safra subjetiva**, janeiro de 2015. SEAB, 2015. Disponível em: <http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/safra1415.pdf>. Acesso em: 19 jan. 2015.

SHULL, G.H. A pure line method of corn breeding. **Report "American Breeders Association"**, Washington, v.5, p.51-59, 1909.

SILVA, A.G.; CUNHA JUNIOR,C.R; ASSIS, R.L.; IMOLESI, A.S. Influência da população de plantas e do espaçamento entre linhas nos caracteres agronômicos do híbrido de milho P30K75 em Rio Verde, Goiás. **Bioscience Journal**, Uberlandia**,** v.24, n.2, p.89-96, 2008.

SILVA, A.K. Redução do espaçamento entre linhas na cultura do milho. In: In: REUNIÃO TÉCNICA CATARINENSE DE MILHO E FEIJÃO, 2005, Chapecó, SC. **Resumos Expandidos**... Chapecó: Epagri-Cepaf, 2005. p.27-30.

SILVA, D.J.; QUEIROZ, A.C. **Análise de Alimentos: Métodos químicos e biológicos**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2002, 235p.

SILVA, A.F.; SCHONINGER, E.L.; CAIONE, G.; KUFFEL, C.; CARVALHO, M.A.C. Produtividade de híbridos de milho em função do espaçamento e da população de plantas em sistema de plantio convencional. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v.13, n.2, p.162-173, 2014.

SOUZA NETO, I.L.; PINTO, R.J.B.; SCAPIM, C.A.; JOBIM, C.C.; FIGUEIREDO, A.S.T.; BIGNOTTO, L.S. Diallel analysis and inbreeding depression of hybrid forage corn for agronomic traits and chemical quality. **Bragantia**, Campinas, v.74, n.1, p.42-49, 2015.

TAKASU, A.T.; RODRIGUES, R.A.F.; GOES, R.J.; HAGA,I.K.; ARF, O.; GITTI, D.C. Características agronômicas da cultura do milho em função do preparo de solo e arranjo espacial de plantas**. Revista Agrarian**, Dourados, v.7, n.26, p.485-495, 2014.

TURCO, G.M.S. **Produção e composição física da planta de milho para silagem, cultivado em dois níveis de adubação, dois espaçamentos entre linhas e duas densidades de plantio.** 2011. 65p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual do Centro-Oeste, Guarapuava.

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.

VAZQUEZ, G.H.; SILVA, M.R.R. Influência do espaçamento entre linhas de semeadura em híbrido simples de milho. *In*: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 24, 2002, Florianópolis. **Resumos...** Florianópolis: ABMS, 2002.

VIEIRA JÚNIOR, P.A.; DOURADO NETO, D.; BERNARDES, M.S.; MANFRON, P.A.; MARTIN, T.N. Metodologia para estimativa de área foliar de genótipos de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete lagoas, v.5, n.2, p.182-191, 2006.

VIEIRA, V.C.; MARTIN, T.N.; MENEZES, L.F.G.; ORTIZ, S.; BERTONCELLI, P.; STORCK, L. Caracterização bromatológica de silagens de milho de genótipos super precoce. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.43, n.11, p.1925-1931, nov. 2013.

VON PINHO, R.G.; VASCONCELOS, R.C.; BORGES, I.D.; RESENDE, A.V. Produtividade e qualidade da silagem de milho e sorgo em função da época de semeadura. **Bragantia**, Campinas, v.66, n.2, p.235-245, 2007.

WEISMANN, M. **Fases de desenvolvimento da cultura do milho**. Disponível: < http://www.atividaderural.com.br/artigos/4fb3e56aa8c56.pdf>. Acesso em: 15 ferv. 2016.