

Análise dialélica e depressão endogâmica de híbridos forrageiros de milho para características agronômicas e de qualidade bromatológica

Israel Leite de Souza Neto (1*); Ronald José Barth Pinto (2); Carlos Alberto Scapim (3); Cloves Cabreira Jobim (4); Alex Sandro Torre Figueiredo (2); Lucas Souto Bignotto (3)

(1) Sakata Seed Sudamerica, Av. Dr. Plínio Salgado, 4320, 12906-840 Bragança Paulista (SP), Brasil.

(2) Universidade Estadual de Maringá (UEM), Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Av. Colombo, 5790, 87020-900 Maringá (PR), Brasil.

(3) UEM, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, 87020-900 Maringá (PR), Brasil.

(4) UEM, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Zootecnia, 87020-900 Maringá (PR), Brasil.

(*) Autor correspondente: israel.leite@sakata.com.br

Recebido: 13/set./2014; Aceito: 11/nov./2014

Resumo

Este trabalho teve como objetivo estimar a capacidade combinatória e a depressão endogâmica de híbridos de milho para caracteres agronômicos e qualidade de forragem. Foram avaliados nove híbridos de milho, 36 combinações F_1 oriundas de um dialelo, nove populações S_1 e duas testemunhas, em dois experimentos delineados em blocos completos ao acaso com três repetições, nas safras 2009/2010 e 2010/2011. Os genitores Impacto, CD304 e DKB390 são recomendados para a formação de um composto a ser submetido a um programa de seleção recorrente visando à melhoria na produção de forragem. Os cruzamentos entre o genitor Impacto e os parentais DKB390, P30P34 e P30B39 são promissores à melhoria da qualidade da forragem por meio da redução nos teores de fibra e aumento de proteína, sendo recomendados para extração de linhagens ou melhoramento interpopulacional. Foi detectada uma alta depressão endogâmica para rendimento de grãos, indicando que efeitos não aditivos contribuíram para a herança do caráter.

Palavras-chave: *Zea mays*, análise dialélica, melhoramento genético.

Diallel analysis and inbreeding depression of hybrid forage corn for agronomic traits and chemical quality

Abstract

This study aimed to estimate the combining ability and inbreeding depression of corn hybrids for agronomic traits and forage quality. Nine corn hybrids, 36 F_1 combinations from a diallel, 9 S_1 populations and two checks were evaluated in two experiments in a randomized complete block design with three replications, in the 2009/2010 and 2010/2011 growing seasons. The parents Impacto, CD304 and DKB390 are recommended to form a composite to be subjected to a recurrent selection program aiming to improve forage production. Crosses between Impacto and parents DKB390, P30P34 and P30B39 are promising to increase forage quality by reducing the fiber content and also by increasing the protein content, being recommended for extracting inbred lines and interpopulation improvement. High inbreeding depression for grain yield was detected, indicating that non-additive effects contributed to the inheritance of the trait.

Key words: *Zea mays*, diallelic analysis, breeding.

1. INTRODUÇÃO

O milho é considerado uma espécie de referência na produção de forragem devido às vantagens que oferece em decorrência da alta produção de matéria seca, alta digestibilidade e excelente aceitação pelos animais (Oliveira et al., 2007). No mundo e também no Brasil,

cerca 70% da produção de milho é destinada à alimentação animal (Marcondes et al., 2012).

Grande parte dos programas de melhoramento de milho no Brasil negligencia os objetivos do melhoramento para milho forrageiro em virtude do menor volume de

sementes comercializadas para essa finalidade. Os híbridos recomendados para a produção de silagem são geralmente os mesmos utilizados na produção de grãos, contribuindo para a baixa qualidade da forragem brasileira (Marcondes et al., 2012).

A escolha das populações base representa uma das etapas cruciais de um programa de melhoramento de milho, pois essas populações constituem a fonte de extração de linhagens utilizadas na produção dos híbridos (Hallauer et al., 2010). Atualmente, os programas de melhoramento de milho tendem a utilizar híbridos simples comerciais, devido à presença de genes favoráveis, à ampla adaptabilidade e, principalmente, ao avançado grau de melhoramento em que tais cultivares se encontram (Oliboni et al., 2013). Como existem centenas de híbridos comerciais disponíveis para utilização como fonte de germoplasma, a escolha dos melhores deve ser amparada por parâmetros genéticos como capacidade combinatória e depressão endogâmica (Chaves et al., 2008).

Nem sempre um genótipo promissor irá transferir, com sucesso, seus alelos às suas progênies. Os cruzamentos dialélicos podem ser empregados para estimar a capacidade de transferência dos alelos, sendo amplamente explorados em programas de melhoramento genético (Miranda & Gorgulho, 2001). Os cruzamentos dialélicos são importantes porque fornecem informações sobre a ação gênica predominante na herança do caráter a ser melhorado, bem como estimativas da capacidade combinatória dos genitores, nível de heterose e subsídios à definição da melhor estratégia de melhoramento a ser seguida pelo melhorista (Cruz et al., 2012).

A depressão endogâmica é a redução na média fenotípica de caracteres quantitativos, decorrente de homozigose envolvendo alelos recessivos deletérios. A depressão endogâmica pode limitar o número de linhagens promissoras a serem extraídas de determinado germoplasma, sendo um indicativo do potencial das populações para uso no melhoramento genético (Hallauer et al., 2010).

A partir de estimativas de capacidade combinatória e depressão endogâmica, o presente trabalho teve como objetivo identificar híbridos comerciais de milho capazes de originar populações segregantes com maior potencial de produção de forragem, no desenvolvimento de um programa de melhoramento de milho forrageiro.

2. MATERIAL E MÉTODO

Dois experimentos foram conduzidos em 2009/2010 e 2010/2011 na Fazenda Experimental de Iguatemi (23°25'S; 51°57'O), da Universidade Estadual de Maringá. A área apresenta Latossolo Vermelho distrófico e clima Cfb segundo classificação de Köppen.

Os experimentos foram delineados em blocos completos casualizados, com três repetições. A unidade experimental foi composta por quatro linhas de 5 m, espaçadas 0,9 m entre si, com 1 m de bordadura nas extremidades. Foram avaliados

nove híbridos de diferentes bases genéticas, 36 combinações F_1 oriundas do dialelo completo entre tais híbridos, 9 nove populações S_1 obtidas pela autofecundação dos genitores e duas testemunhas comerciais (híbridos simples AG5011 e P30F53), totalizando 56 tratamentos.

A adubação na área experimental consistiu na aplicação de 350 kg ha⁻¹ do formulado 4:14:8 (N:P₂O₅:K₂O) + zinco na semeadura, seguida por duas aplicações de nitrogênio em cobertura, nos estádios V₄ e V₈, utilizando-se em ambas aplicações a dose de 35 kg ha⁻¹. Os demais tratamentos culturais seguiram as recomendações de Fancelli & Dourado (2000).

O estágio de grão pastoso a farináceo (½ da linha do leite nos grãos de milho) foi adotado como ponto padrão de corte das plantas para a obtenção da forragem (Fancelli & Dourado, 2000). Para a determinação do *stay-green* (SG), cinco plantas foram cortadas a 0,2 m de altura, para a contagem do número de folhas senescentes. Em seguida, foram separadas as espigas (PESP), folhas (PFOL) e colmos (PCOL) das plantas amostradas, para estimativa das percentagens de cada componente. O rendimento de grãos (RG) foi avaliado nas duas linhas externas de cada parcela, realizando-se a debulha das espigas e a correção do teor de umidade dos grãos para 13%.

No processo de amostragem realizou-se o corte de cinco plantas representativas de cada parcela, as quais foram picadas com o auxílio de uma ensiladeira regulada para 1,5 cm de tamanho médio de picado. O rendimento de massa verde (MV) dos tratamentos foi obtido pela pesagem do material picado e, após a picagem das plantas, coletou-se uma amostra homogênea que foi pesada e submetida à secagem, para a posterior quantificação do teor de matéria seca (AOAC, 1984). Em seguida, as amostras foram processadas em moinho tipo Willey (peneira de 1 mm) para a determinação da matéria seca total em estufa a 105 °C (MS). Os caracteres agrônômicos descritos acima foram avaliados em ambos os experimentos.

As avaliações de qualidade da forragem foram feitas apenas no primeiro experimento (2009/2010). Determinou-se o teor de nitrogênio pelo método micro Kjeldahl. O teor de N de cada amostra foi multiplicado pelo fator 6,25 para a quantificação de proteína bruta (PRT) (AOAC, 1984). Avaliaram-se também outras características da forragem: fibra em detergente neutro (FDN) (Van Soest et al., 1991) e ácido (FDA) (Goering & Van Soest, 1970) e teor de lignina (LGN) (Van Soest, 1963).

Na análise de variância realizou-se a decomposição dos graus de liberdade de tratamentos em graus de liberdade para os efeitos de genitores, de combinações híbridas F_1 , de populações S_1 , de testemunhas e de três contrastes: 1) combinações híbridas F_1 versus genitores; 2) combinações híbridas F_1 + genitores + geração S_1 versus testemunhas; 3) genitores + híbridos F_1 versus geração S_1 . Os graus de liberdade para a interação entre tratamentos × ambientes foram decompostos em: genitores × ambientes, combinações híbridas F_1 × ambientes, populações S_1 × ambientes,

testemunhas \times ambientes, contraste entre “combinações híbridas F_1 versus genitores” \times safra, “combinações híbridas F_1 + genitores + geração S_1 versus testemunhas” \times safra, “genitores + híbridos F_1 versus geração S_1 ” \times safra.

Na análise dialélica para os caracteres de qualidade da forragem, avaliados apenas no primeiro experimento, a soma de quadrados de tratamentos foi desdobrada para a avaliação dos efeitos das capacidades geral (CGC) e específica de combinação (CEC), de acordo com o Método II (genitores e híbridos F_1), Modelo 1 (efeito fixo para genótipo), segundo Griffing (1956). Para os caracteres agrônômicos avaliados nos dois experimentos, procedeu-se a análise dialélica conjunta, adotando-se o mesmo método e modelo descrito anteriormente. Os graus de liberdade da interação genótipo \times ambiente foram decompostos em efeitos de CGC \times ambientes e CEC \times ambientes, segundo Vencovsky & Barriga (1992).

Com base nas informações médias dos genitores per se e das populações S_1 de tais genitores, estimaram-se a depressão endogâmica (DE, %) e o potencial dos híbridos como fontes de linhagens endogâmicas ($\hat{u} + \hat{a}$), de acordo com as expressões sugeridas por Vencovsky & Barriga (1992). Para a realização das análises estatísticas e genéticas utilizou-se o aplicativo computacional Genes (Cruz, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os quocientes entre os valores máximos e mínimos de quadrado médio residual das análises individuais de variância foram de baixa magnitude, viabilizando a realização das análises conjuntas (Banzatto & Kronka, 2013) (Tabela 1). A detecção de interação significativa entre tratamentos e ambientes para MV, MS, PESP e PFOL indica que a seleção dos genótipos deve ser realizada em cada safra, pois os tratamentos apresentam adaptações específicas para os ambientes testados.

A interação entre genitores e safras mostrou efeito significativo apenas para MS e RG, indicando um comportamento diferenciado dos genitores em cada safra de cultivo (Tabela 1). As interações das combinações F_1 do dialelo ao longo das safras foram significativas apenas para PESP e PFOL, evidenciando que a partição de fotoassimilados foi influenciada pela safra de cultivo para tais características (Tabela 1). As combinações F_1 diferiram ($p < 0,05$) e superaram, em média, os genitores quanto ao rendimento de MV (Tabela 1). Somente o RG foi influenciado significativamente pelo efeito de “genitores versus híbridos F_1 \times ambiente” (Tabela 1). É interessante destacar que a significância desses contrastes permite inferir sobre a heterose média dos cruzamentos do dialelo (Gabriel et al., 2009; Oliboni et al., 2013).

A interação entre genótipos e ambientes é a resposta diferencial de um genótipo frente às modificações ambientais. A natureza da interação é atribuída a fatores intrínsecos da

cultivar e é de grande importância no melhoramento de plantas. De modo geral, existe uma forte interação entre genótipos e ambientes na cultura do milho, dependente da diversidade entre os ambientes e da magnitude da base genética dos genótipos (Aguilar et al., 2004; Pfann et al., 2009). Esses resultados são amparados pela forte interação entre genótipos e ambientes para caracteres relacionados à produção de forragem, destacando-se o rendimento de grãos e matéria seca (Oliboni et al., 2013; Oliveira et al., 2007).

As populações S_{1s} e sua interação com as safras influenciaram significativamente ($p < 0,05$) as características PESP e PFOL (Tabela 1). Pode ainda ser observado que a PESP foi influenciada significativamente pela interação entre as testemunhas e as safras (Tabela 1). Os genitores e as combinações F_1 diferiram ($p < 0,05$) e superaram, em média, as populações S_1 quanto ao RG (Tabela 1). Para a interação de “genitores + combinações F_1 versus S_1 ” com o efeito de safras, apenas MS apresentou valores significativos de quadrado médio ($p < 0,05$) (Tabela 1).

Os caracteres bromatológicos PRT, FDN, FDA, e LGN foram influenciados significativamente ($p < 0,05$) pelos genitores, combinações F_1 e populações S_1 , indicando variabilidade entre tratamentos dentro de cada grupo de genótipos estudados (Tabela 2). A literatura a respeito dos caracteres bromatológicos da forragem em milho comprova a presença de variabilidade entre genótipos para essas características (Chaves et al., 2008; Marcondes et al., 2012; Mendes et al., 2008). As combinações F_1 diferiram ($p < 0,05$) e superaram, em média, os genitores quanto ao conteúdo de PRT na forragem de planta inteira (Tabela 2). As populações S_{1s} diferiram ($p < 0,05$) e superaram, em média, os genitores + combinações F_1 para os caracteres PRT e LGN (Tabela 2). As testemunhas comerciais diferiram ($p < 0,05$) e superaram, em média, os demais genótipos do experimento (combinações F_1 , genitores e populações S_{1s}) quanto aos caracteres PRT, FDA e LGN (Tabela 2). Apenas FDN não obteve estimativas significativas para o contraste citado anteriormente, corroborando resultados de Pinto et al. (2010).

A capacidade geral de combinação (CGC) é reflexo do comportamento de um dado genitor frente aos cruzamentos de que participou, refletindo o efeito de genes aditivos. Por outro lado, a capacidade específica de combinação (CEC) é o desvio de um híbrido em relação ao esperado com base na CGC de seus genitores, expressando o efeito de genes não aditivos. Dessa forma, para o melhoramento de plantas, a combinação híbrida ideal é aquela que apresenta concomitantemente uma alta estimativa de CEC e a presença de pelo menos um dos genitores com elevada estimativa de CGC (Cruz et al., 2012).

Os caracteres MS, PESP, PCOL e PFOL foram influenciados significativamente pela interação entre CGC e safras, demonstrando a influência das safras sobre as diferenças fenotípicas dos genitores e sugerindo que os

Tabela 1. Análise de variância conjunta do experimento e do dialelo completo entre híbridos de milho forrageiro, com as estimativas de quadrado médio para rendimento de massa verde (MV, t ha⁻¹), matéria seca (MS, t ha⁻¹) e grãos (RG, t ha⁻¹), *stay-green* (SG, número de folhas senescentes), porcentagem de espiga (PESP, %), colmo (PCOL, %) e folhas (PFOL, %) em duas safras (2009/2010 e 2010/2011)

Análise de variância conjunta								
FV	GL	Quadrado médio						
		MV	MS	RG	SG	PESP	PCOL	PFOL
Bloco/Safras	4	849,42	51,73	4,03	1,12	22,42	185,95	121,07
Tratamento (T)	(55)	209,30*	35,74*	15,24*	1,69*	11,18 ^{ns}	20,35*	9,24 ^{ns}
Safras	1	7645*	587*	76,01*	70,67*	35591*	265 ^{ns}	42002*
Dialelo (D)	(44)	135,53*	24,74*	6,17*	1,71*	8,76 ^{ns}	14,51 ^{ns}	9,34 ^{ns}
Genitores (G)	8	146,72 ^{ns}	24,10 ^{ns}	12,46*	3,40*	7,59 ^{ns}	13,27 ^{ns}	10,69 ^{ns}
F ₁	35	118,53*	24,01*	4,90*	1,34*	9,27 ^{ns}	14,51 ^{ns}	8,52 ^{ns}
F ₁ versus G	1	640,81*	55,55 ^{ns}	0,032 ^{ns}	1,14 ^{ns}	0,07 ^{ns}	24,22 ^{ns}	27,10 ^{ns}
S ₁	8	144,26 ^{ns}	13,96 ^{ns}	3,50*	1,87*	14,24 ^{ns}	35,42 ^{ns}	10,45 ^{ns}
Testemunha (Test)	1	23,16 ^{ns}	0,076 ^{ns}	13,80 ^{ns}	0,85 ^{ns}	10,75 ^{ns}	29,73*	4,72 ^{ns}
"F ₁ + G + S ₁ " versus Test	1	7,91 ^{ns}	0,076 ^{ns}	10,79 ^{ns}	0,78 ^{ns}	65,88 ^{ns}	86,14*	1,34 ^{ns}
"G + F ₁ " versus S ₁	1	4363 ^{ns}	765 ^{ns}	514,4*	1,20 ^{ns}	39,22 ^{ns}	81,64 ^{ns}	7,73 ^{ns}
T × Safras	(55)	72,03*	12,80*	0,78 ^{ns}	0,15 ^{ns}	12,26*	9,46 ^{ns}	13,63*
D × Safras	(44)	75,18*	13,49*	0,88 ^{ns}	0,14 ^{ns}	11,59*	9,55 ^{ns}	11,54*
G × Safras	8	119,97 ^{ns}	26,97*	2,29*	0,14 ^{ns}	6,25 ^{ns}	7,88 ^{ns}	14,45 ^{ns}
F ₁ × Safras	35	62,27 ^{ns}	10,68 ^{ns}	0,55 ^{ns}	0,14 ^{ns}	12,88*	10,19 ^{ns}	11,07*
"F ₁ versus G" × Safras	1	168,75 ^{ns}	4,24 ^{ns}	1,22*	0,066 ^{ns}	9,22 ^{ns}	0,80 ^{ns}	4,63 ^{ns}
S ₁ × Safras	8	58,22 ^{ns}	9,34 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,21 ^{ns}	15,81*	11,67 ^{ns}	26,07*
Test × Safras	1	43,97 ^{ns}	0,25 ^{ns}	0,33 ^{ns}	0,01 ^{ns}	19,50*	0,002 ^{ns}	19,94 ^{ns}
"F ₁ + G + S ₁ versus Test" × Safras	1	71,64 ^{ns}	5,26 ^{ns}	0,48 ^{ns}	0,10 ^{ns}	15,78 ^{ns}	0,204 ^{ns}	12,44 ^{ns}
"G + F ₁ versus S ₁ " × Safras	1	72,29 ^{ns}	30,27*	0,70 ^{ns}	0,57 ^{ns}	2,68 ^{ns}	6,38 ^{ns}	0,80 ^{ns}
Erro	220	48,46	7,36	0,94	0,28	4,63	7,9384	7,378
Média	-	55,40	18,54	8,11	2,30	29,35	43,98	26,65
CV (%)	-	12,56	14,62	11,95	23,11	7,33	6,40	10,20

Análise de variância conjunta do dialelo								
FV	GL	Quadrado médio						
		MV	MS	RG	SG	PESP	PCOL	PFOL
Genótipo	(44)	135,52*	24,7*	6,17*	1,71*	8,76 ^{ns}	14,5 ^{ns}	9,34 ^{ns}
CGC	8	364,62*	62,8 ^{ns}	11,56*	6,18*	15,6 ^{ns}	27,4 ^{ns}	16,63 ^{ns}
CEC	36	84,61 ^{ns}	16,3 ^{ns}	4,97*	0,71*	7,23 ^{ns}	11,6 ^{ns}	7,72 ^{ns}
Safra	1	5832,4	364,51	64,64	60,68	28594	186,3	33395
Genótipo × Safras	(44)	75,17*	13,49*	0,88 ^{ns}	0,14 ^{ns}	11,59*	9,55 ^{ns}	11,54*
CGC × Safras	8	59,66 ^{ns}	20,29*	1,37 ^{ns}	0,36 ^{ns}	19,47*	16,40*	19,70*
CEC × Safras	36	78,62*	11,98*	0,77 ^{ns}	0,09 ^{ns}	9,84*	8,03 ^{ns}	9,72 ^{ns}
Resíduo médio	176	48,83	7,68	0,86	0,25	4,66	7,90	7,87

* e ^{ns} significativo e não significativo pelo teste de F (p<0,05), respectivamente.

melhores genitores devem ser escolhidos dentro de cada safra (Tabela 1). A interação entre CEC e safras influenciou significativamente apenas MV, MS e PESP, indicando que as combinações híbridas se comportaram de maneira distinta nas diferentes safras (Tabela 1). Vale ressaltar que RG foi influenciado significativamente pelos efeitos de CGC e CEC, não havendo interação dessas estimativas com as safras avaliadas (Tabela 1). Esses resultados diferem de alguns relatos que reportam a interação entre CGC e CEC com ambientes (Aguilar et al., 2004; Locatelli et al., 2002).

Os caracteres bromatológicos da forragem, FDA e LGN foram influenciados significativamente pelos efeitos aditivos. Por outro lado, os efeitos não aditivos foram significativos para PRT, FDN e LGN, evidenciando a possibilidade de

exploração da complementaridade alélica nos cruzamentos (Tabela 2).

O melhoramento de milho forrageiro geralmente objetiva a obtenção de híbridos que conciliem alto rendimento de forragem e maior digestibilidade da parte fibrosa das plantas (Ferreira et al., 2007; Marcondes et al., 2012). Tais híbridos devem ser sintetizados a partir de genitores com estimativas de CGC positivas e de alta magnitude para os caracteres MV, MS, RG, PESP, PFOL e PRT, ao contrário do requerido para SG, PCOL, FDN e FDA.

Para o caráter MS, os genitores com estimativas de CGC apropriadas para melhoramento foram DKB390, Impacto e Cargo, para o primeiro experimento, sendo 2B710, DKB390, Cargo e P50R50 os genótipos de destaque no segundo

Tabela 2. Análise de variância do experimento e do dialelo completo entre híbridos de milho forrageiro para teores de proteína (PRT, %), fibra em detergente neutro (FDN, %), fibra em detergente ácido (FDA, %) e teor de lignina (LGN, %) obtido no primeiro experimento (safra 2009/2010)

Análise de variância do experimento					
FV	GL	Quadrado médio			
		PRT	FDN	FDA	LGN
Blocos	2	3,58	29,43	25,78	1,38
Tratamentos (T)	55	0,97*	27,63*	11,89*	3,42*
Dialelo (D)	(44)	0,58*	22,60*	11,70*	3,50*
Genitores (G)	8	0,92*	30,61*	16,05*	2,35*
F ₁	35	0,48*	20,73*	11,04*	3,85*
F ₁ versus G	1	1,48*	23,90 ^{ns}	0,30 ^{ns}	0,37 ^{ns}
S ₁	8	1,72*	47,60*	15,34*	2,55*
Testemunhas (Test)	1	2,42*	31,64*	8,01 ^{ns}	4,92*
"F ₁ + G + S ₁ " versus T	1	3,08*	94,03*	2,83 ^{ns}	4,90*
"G + F ₁ " versus S ₁	1	8,23*	18,55 ^{ns}	5,43 ^{ns}	4,02*
Resíduo	110	0,31	8,02	6,62	0,92
CV (%)		7,97	4,24	8,90	12,89
Média		7,03	66,81	28,92	7,42
Análise de variância do dialelo					
FV	GL	Quadrado médio			
		PRT	FDN	FDA	LGN
Genótipo	(44)	0,59*	22,60*	11,71*	3,50*
CGC	8	0,29 ^{ns}	22,24 ^{ns}	22,96*	7,41*
CEC	36	0,65*	22,68*	9,21 ^{ns}	2,63*
Resíduo	88	0,31	8,02	6,62	0,92

* e ^{ns} significativo e não significativo pelo teste de F (p<0,05), respectivamente.

experimento (Tabela 3). Os genitores mais apropriados para aumentar a PESP foram Impacto, P30B39 e CD308 para a safra 2009 e Cargo, Impacto e DKB390 (Tabela 3) na segunda safra. Para a PFOL, os híbridos Impacto, 2B710 e Cargo foram os genitores com as estimativas de CGC mais apropriadas no primeiro experimento. No segundo experimento, os híbridos Cargo e DKB390 foram os únicos genitores que não apresentaram estimativas de CGC de interesse para o aumento da PFOL, uma vez que tendem a reduzir a porcentagem de folhas nos cruzamentos de que participaram (Tabela 3). O híbrido Impacto foi o único genitor que no primeiro experimento obteve estimativa de CGC apropriada para PCOL (Tabela 3).

Os genitores Impacto e DKB 390 destacaram-se por suas estimativas de CGC para RG, manifestando uma maior frequência de alelos favoráveis de efeito aditivos (Tabela 3). O genitor DKB390 apresentou a maior estimativa de CGC para MV, sendo apropriado para programas de melhoramento de milho forrageiro. Tal condição provavelmente resulta da presença de alelos favoráveis tanto para RG como para MV, de modo a incrementar a contribuição energética da forragem (Tabela 3). Os melhores genitores para a melhoria do SG foram CD304, CD308 e 2B710, pois apresentaram estimativas de CGC negativas e de alta magnitude, contribuindo para reduzir o número de folhas senescentes na descendência (Tabela 3).

A ausência de significância dos efeitos aditivos para PRT e FDN indicou que, em geral, não houve um genitor que tenha contribuído mais do que os outros para a expressão

dessas características em sua progênie (Tabela 2). Em relação aos caracteres FDA e LGN, o genitor Impacto apresentou estimativas de CGC negativas e de alta magnitude, contribuindo para reduzir os teores de fibras e lignina de suas progênies, possivelmente devido à maior frequência de genes favoráveis a tais características (Tabela 3).

A interação significativa entre CEC e safras para os caracteres MV, MS e PESP indica que a seleção dos melhores híbridos deve ser feita dentro de cada safra. Para ambas as variáveis, MS e MV, a escolha dos melhores híbridos é orientada pela presença do genitor DKB390, que apresentou estimativas de CGC apropriadas para as duas características em ambas as safras. Assim, as melhores combinações híbridas para MV foram CD308 x DKB390 (safra 2009 CEC: 3,61 t ha⁻¹; safra 2010 CEC: 7,84 t ha⁻¹) e CD304 x DKB390 (safra 2009 CEC: 3,06 t ha⁻¹; safra 2010 CEC: 5,96 t ha⁻¹). Para MS, as combinações híbridas de destaque foram 2B710 x DKB390 (safra 2009 CEC: 2,19 t ha⁻¹; safra 2010 CEC: 5,04 t ha⁻¹) e CD308 x DKB390 (safra 2009 CEC: 1,68 t ha⁻¹; safra 2010 CEC: 3,36 t ha⁻¹).

Para o caráter PESP, as estimativas de CGC e de CEC sofreram alta interação com o ambiente. Desse modo, para a primeira safra, os genitores com maiores estimativas de CGC foram Impacto, P30B39 e CD308. As combinações híbridas com maior estimativa de CEC na safra 2009 foram Cargo x CD308 (5,39%), P30B39 x CD304 (1,90%), P30B39 x P30R50 (1,58%) e P30B39 x P30P34 (1,53%). Para a segunda safra, os genitores com as maiores estimativas de CGC foram Cargo, Impacto e DKB390. Para essa mesma

Tabela 3. Estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) de híbridos de milho utilizados como genitores em cruzamentos dialélicos para os caracteres massa seca (MS, t ha⁻¹), percentagem de espiga (PESP, %), de colmo (PCOL, %) e de folhas (PFOL, %), altura de planta (AP) e de espiga (AE), massa verde (MV t ha⁻¹), rendimento de grãos (RG, t ha⁻¹), *stay-green* (SG, número de folhas senescentes), teor de proteína (PRT, %), fibra em detergente neutro (FDN, %) e em detergente ácido (FDA, %), lignina (LGN, %), matéria mineral (MM, %) e matéria orgânica (MO, %)

Genitores	CGC							
	MS		PESP		PCOL		PFOL	
	2009	2010	2009	2010	2009	2010	2009	2010
Impacto	1,0	-0,82	1,30	0,24	-2,37	0,01	1,07	-0,26
Cargo	1,20	0,70	-0,69	1,02	0,14	0,20	0,54	-1,23
P30B39	0,09	-4,63	1,04	-0,38	-0,29	-0,34	-0,75	0,72
P30P34	-0,41	-0,06	-0,41	-0,22	0,92	-0,17	-0,50	0,40
P30R50	-0,62	0,12	-0,04	-0,28	0,60	0,71	-0,55	-0,42
CD304	-1,28	-1,82	-0,54	-1,0	0,54	0,47	-0,002	0,52
CD308	-1,34	-0,91	0,83	-0,02	-0,58	-0,60	-0,24	0,62
2B710	-0,24	1,92	-1,0	-0,02	0,11	-0,78	0,90	0,80
DKB390	1,61	1,31	-0,47	0,67	0,93	0,49	-0,45	-1,16
DP (\hat{g}_i)	0,52		0,51		0,47		0,51	
DP ($\hat{g}_i - \hat{g}_j$)	0,78		0,76		0,70		0,77	

Genitores	CGC						
	MV	RG	SG	PRT	FDN	FDA	LGN
	Impacto	-0,98	0,60	0,02	-0,09	0,09	-1,78
Cargo	0,18	0,19	0,02	0,02	-0,23	0,37	-0,30
P30B39	-0,39	0,28	-0,004	-0,11	1,35	0,37	0,25
P30P34	1,17	-0,26	-0,003	0,11	-1,61	-0,14	0,14
P30R50	0,70	0,11	0,01	0,07	0,009	0,06	-0,30
CD304	-3,56	-0,58	-0,054	0,03	-0,35	-0,21	0,49
CD308	-2,80	-0,56	-0,055	-0,05	-0,36	0,89	0,06
2B710	1,38	-0,17	-0,016	0,12	0,58	-0,53	0,22
DKB390	4,31	0,38	0,083	-0,09	0,52	0,97	0,43
DP (\hat{g}_i)	0,89	0,13	0,07	0,09	0,46	0,42	0,15
DP ($\hat{g}_i - \hat{g}_j$)	1,34	0,20	0,10	0,13	0,69	0,63	0,23

safrá, os melhores híbridos foram Cargo x DKB390 (3,12%), CD308 x DKB390 (1,76%), Impacto x P30B39 (0,77%) e Cargo x P30B39 (0,65%).

Para RG, as melhores combinações híbridas foram 2B710 x DKB390 (1,30 t ha⁻¹), Cargo x DKB390 (0,82 t ha⁻¹), Impacto x P30P34 (0,72 t ha⁻¹) e CD304 x DKB390 (0,63 t ha⁻¹). Nesse caso, houve uma complementação dos genes dos dois genitores envolvidos no cruzamento, resultando em um aumento na média desse caráter, resultante da ação gênica não aditiva. Para a melhoria do caráter SG, os melhores cruzamentos foram P30R50 x CD304 (-0,57 folhas) e CD304 x DKB390 (-0,55 folhas). Tais cruzamentos foram os únicos que manifestaram complementação dos genes, no sentido de diminuir o número de folhas senescentes por planta. Para PCOL, as melhores combinações híbridas foram Impacto x DKB390 (-1,1%) e Impacto x CD308 (-0,78%), por apresentarem concomitantemente as estimativas negativas de CGC e a presença do híbrido Impacto como genitor. Para a PFOL, as melhores combinações híbridas foram P30B39 x 2B710 (1,13%), Impacto x DKB390 (1,0%) e CD308 x 2B710 (0,94%).

Os genitores 2B710 e P30P34 destacaram-se quanto às estimativas de CGC para PRT. A combinação

P30B39 x P30P34 (1,11%) foi a mais apropriada para o melhoramento visando aumento nos teores de PRT. O genitor P30P39 destacou-se quanto à estimativa de CGC para o FDN, sendo as combinações P30B39 x DKB390 (1,37%), Impacto x P30B39 (0,95%) e Cargo x P30B39 (0,52%) as de maior estimativa de CEC. Para LGN, o genitor Impacto foi o que mais auxiliou na redução dos teores de fibra no alimento, com estimativa de CGC negativa, contribuindo para aumentar a digestibilidade e a qualidade do alimento. Logo, os melhores híbridos contendo esse genitor foram Impacto x DKB390 (-1,08%), Impacto x Cargo (-0,82%), Impacto x CD308 (-0,67%) e Impacto x P30B39 (-0,40%).

A presença de alelos favoráveis e a baixa frequência de alelos recessivos deletéreos são requisitos fundamentais à seleção de germoplasma promissor como fonte de linhagens elite (Hallauer et al., 2010). Logo, as estimativas de depressão endogâmica (DE) e $\hat{u} + \hat{a}$ são um indicativo do potencial de uma população frente à demanda de linhagens superiores, auxiliando o melhorista na escolha das melhores populações segregantes (Vencovsky & Barriga, 1992). Dessa forma, quanto menor a DE da população, menor será a contribuição dos efeitos de dominância sobre as médias e consequentemente maior serão as estimativas de $\hat{u} + \hat{a}$ (Cruz et al., 2012).

Tabela 4. Estimativa da depressão endogâmica (DE, %) e de $\hat{u} + \hat{a}$ de híbridos de milho para percentagem de espigas (PESP, %) e de folhas (PFOL, %), massa seca (MS, t ha⁻¹), massa verde (MV, t ha⁻¹), rendimento de grãos (RG, t ha⁻¹), *stay-green* (SG, número de folhas senescentes), percentagem de colmo (PCOL, %), teor de proteína (PRT, %), fibra em detergente neutro (FDN, %), fibra em detergente ácido (FDA, %) e teor de lignina (LGN, %)

Genitor	PESP				PFOL				MV		MS		RG	
	2009		2010		2009		2010		$\hat{u} + \hat{a}$	DE	$\hat{u} + \hat{a}$	DE	$\hat{u} + \hat{a}$	DE
	$\hat{u} + \hat{a}$	DE												
Impacto	4,1	2,6	20,8	-2,1	18	-2,1	34,09	5,3	51,1	-0,3	17,8	0,7	3,1	34,9
Cargo	30,5	9,6	16,9	9,1	14,5	8,1	32,74	4,9	35,3	18	10,6	23,9	1,4	41,5
P30B39	43,2	-2,9	14,1	11,8	12,8	4,5	48,73	-11	44	11,8	7,1	32,4	0,9	45,8
P30P34	35,7	6,3	16	7,5	12,6	8,7	31,04	12,2	39,1	16,3	10,4	21,5	1,6	40,9
P30R50	37	2,0	20,1	-4,4	14,2	3,5	31,83	7,8	41,2	12,7	12,5	15,6	0,4	47,8
CD304	38,1	0,04	15,4	6,4	8,6	27	44,08	-9,5	34,8	9,6	13,7	3,6	1,6	38,7
CD308	33,4	8,5	19,7	-2,7	14,6	2,4	36,80	4,0	32	18,8	10,1	18,5	0,9	44,4
2B710	43,1	-3,5	21,9	-18	13,6	7,8	34,41	10,2	35,7	17,3	15,1	8,7	4,3	12,2
DKB390	31,2	11,4	18,3	3,1	18,1	-14	33,68	2,7	50,3	7,4	9,7	26,5	2,9	34,9

Genitor	SG		PCOL		PRT		FDN		FDA		LGN	
	$\hat{u} + \hat{a}$	DE	$\hat{u} + \hat{a}$	DE	$\hat{u} + \hat{a}$	DE						
Impacto	1,5	-7,5	43	-2,9	5,5	9	76,7	-4,9	30,2	-7,1	6,9	-1,2
Cargo	3,5	-40,1	52,6	-9,9	7,7	-7,1	67	0,5	24,7	12,1	10,2	-34,7
P30B39	0,9	30,4	40,5	3,4	9,1	-25,1	50,9	14,7	27,1	4,4	6,8	4,3
P30P34	1,6	18,3	52,3	-12,3	10,7	-24,8	60,3	0,2	28,5	-3,7	8,8	-12,8
P30R50	3,2	-5,2	48,4	-3,8	6,7	4,54	63,2	2,8	32,8	-5,4	7,2	0,9
CD304	1,9	21,1	46,8	-3,1	7,6	-4,8	66,1	1,4	29,2	-2,3	7	10,4
CD308	2,6	-20,9	47,7	-5,7	8,9	-10,9	63,2	3,9	28,5	4,7	8,5	1,2
2B710	2,8	-20,9	43,5	-1,6	6,9	6,1	70,3	-0,07	27,4	-2,6	5,6	11,2
DKB390	0,8	32,8	49,4	-4,6	7,7	-0,9	62	3,8	40,4	-22	11,4	-27,2

A significância do efeito das interações entre os ambientes e o desempenho das famílias S_1 em relação aos caracteres PESP e PFOL indica que melhores progênies devem ser selecionadas em cada safra respectiva (Tabela 1). Em ambas as safras, as estimativas de DE e de $\hat{u} + \hat{a}$ indicaram que os melhores genótipos a serem utilizados na formação de populações base para o caráter PESP foram os híbridos Impacto, P30B39 e 2B710 (Tabela 4). Analogamente, para a PFOL, as estimativas de $\hat{u} + \hat{a}$ sugerem que as progênies autofecundadas oriundas dos híbridos Impacto e DKB390 sejam superiores às demais (Tabela 4).

Um bom híbrido de milho silageiro deve apresentar elevada produção de massa verde e alta proporção de grãos na matéria ensilada (Marcondes et al., 2012). Com base nesses atributos, os híbridos Impacto, DKB390 e CD304 podem ser selecionados para a formação de populações elite para extração de linhagens para os caracteres MV e MS devido à DE relativamente baixa e às elevadas estimativas de $\hat{u} + \hat{a}$ para tais características (Tabela 4).

Foi observada uma forte depressão endogâmica para RG em virtude da ausência de estimativas negativas, indicando a superioridade dos híbridos em relação às populações S_1 (Tabela 4). A perda de vigor decorrente da autofecundação oscilou de 12,2% até 47,80%. Os híbridos 2B710, Impacto e DKB390 manifestaram uma maior frequência de alelos favoráveis para RG (Tabela 4). Vale enaltecer que tais híbridos apresentaram altas estimativas de $\hat{u} + \hat{a}$, o que os qualifica

à formação de populações base como fonte de linhagens superiores para RG (Tabela 4). Os resultados obtidos coincidem com trabalhos que comprovam uma ampla variação nos níveis de depressão endogâmica para rendimento de grãos na cultura do milho (Bernini & Paterniani, 2012; Bernini et al., 2013; Pacheco et al., 2002). Essa variação decorre das diferenças nos níveis de dominância entre os caracteres, distintas frequências alélicas e grau de parentesco entre os indivíduos da população (Hallauer et al., 2010).

Os híbridos P30P34 e P30B39 obtiveram as duas maiores estimativas de $\hat{u} + \hat{a}$ para o teor de PRT, sendo os mais recomendados para a extração de linhagens. Os híbridos Impacto, 2B710 e CD304 são os mais promissores para os caracteres FDN e LGN, devido ao menor conteúdo de fibras previsto em suas linhagens. Com respeito ao caráter FDA, podem ser recomendados os híbridos P30R50 e DKB390 (Tabela 4).

4. CONCLUSÃO

Os resultados do presente trabalho permitem concluir que o híbrido Impacto é recomendado para reduzir os teores de fibra em detergente ácido e de lignina, além de promover as percentagens de folhas e de espigas da forragem. As combinações do genitor Impacto com os parentais DKB390, P30P34 e P30B39 são recomendadas para a extração de

linhagens ou melhoramento interpopulacional visando à redução na quantidade de fibra e aumento do teor de proteína do alimento. As combinações híbridas 2B710 × DKB390 e CD304 × DKB390 se destacam nos caracteres relacionados à produtividade de forragem. Com relação ao rendimento de grãos, a alta depressão endogâmica observada indicou que genes não aditivos tiveram um papel importante na herança do caráter.

REFERÊNCIAS

- Aguiar, C. G., Scapim, C. A., Barth, R. J. Po., Amaral, A. T., Jr., Silvério, L., & Andrade, C. A. B. (2004). Análise dialélica de linhagens de milho na safrinha. *Ciência Rural*, 34, 1731-1737. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782004000600010>.
- Association of Official Analytical Chemists – AOAC. (1984). *Official methods of analysis*. Washington: AOAC.
- Banzatto, D. A., & Kronka, S. N. (2013). *Experimentação Agrícola*. Jaboticabal: FUNEP.
- Bernini, C. S., & Paterniani, M. E. A. G. Z. (2012). Estimativas de parâmetros de heterose em híbridos de populações F2 de milho. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 42, 56-62. <http://dx.doi.org/10.1590/S1983-40632012000100008>.
- Bernini, C. S., Paterniani, M. E. A. G. Z., Duarte, A. P., Gallo, P. B., Guimarães, O. S., & Rovaris, S. R. S. (2013). Depressão endogâmica e heterose de híbridos de populações F2 de milho no estado de São Paulo. *Bragantia*, 72, 217-223. <http://dx.doi.org/10.1590/brag.2013.038>.
- Chaves, L. G., Miranda, G. V., Souza, L. V., Gomes, O. P., & Oliveira, J. S. (2008). Parental commercial maize selection for silage production. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 7, 183-194.
- Cruz, C. D. (2013). Genes – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35, 271-276.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., & Carneiro, P. C. S. (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV.
- Fancelli, A. L., & Dourado, D., No. (2000). *Produção de milho*. Guaíba: Agropecuária.
- Ferreira, G. D. G., Emile, J. C., Barrière, Y., & Jobim, C. C. (2007). Caracterização morfoanatômica do colmo de híbridos de milho para avaliar a qualidade de silagem. *Acta Scientiarum Animal Sciences*, 29, 249-254. <http://dx.doi.org/10.4025/actascianimsci.v29i3.550>.
- Gabriel, L. C., Maximo, B. L., & Ruggero, B. (2009). Heterosis and heterotic patterns among maize landraces for forage. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9, 229-238. <http://dx.doi.org/10.12702/1984-7033.v09n03a04>.
- Goering, H. K., & Van Soest, P. J. (1970). Forage fiber analysis: apparatus reagents, procedures and some applications. Washington: *Agricultural Handbook*.
- Griffing, A. R. (1956). Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9, 463-493.
- Hallauer, A. R., Carena, J. M., & Miranda, J. B., Fo. (2010). *Quantitative genetics in maize breeding*. New York: Springer.
- Locatelli, A. B., Federizzi, L. C., & Naspolini, V., Fo. (2002). Capacidade combinatória de nove linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.) em dois ambientes. *Ciência Rural*, 32, 365-370. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782002000300001>.
- Marcondes, M. M., Neumann, M., Marafon, F., Rosário, J. G., & Faria, M. V. (2012). Aspectos do melhoramento genético de milho para a produção de silagem. *Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada as Ciências Agrárias*, 5, 173-192.
- Mendes, M. C., Von Pinho, R. G., Pereira, M. N., Faria Filho, E. M., & Souza, A. X., Fo. (2008). Avaliação de híbridos de milho obtidos do cruzamento entre linhagens com diferentes níveis de degradabilidade da matéria seca. *Bragantia*, 67, 285-297. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052008000200004>.
- Miranda, J. B., Fo., & Gorgulho, E. P. (2001). Cruzamentos com testadores e dialelos. In L. L. Nass, A. C. C. Valois, I. S. Melo, & M. C. Valadares (Eds.), *Recursos genéticos e melhoramento de plantas* (p. 649-672). Rondonópolis: Fundação Mato Grosso.
- Oliboni, R., Faria, M. V., Neumann, M., Resende, J. T. V., Battistelli, G. M., Tegoni, R. G., & Oliboni, D. F. (2013). Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. *Semina*, 34, 7-18.
- Oliveira, J. S., Souza, F. S., So., Reis, F. A., Silva, G. A., Rosa, S. N., Fo., Souza, J. J. R., Moreira, F. M., Pereira, J. A., & Firmino, W. G. (2007). Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho destinados à silagem em bacias leiteiras do estado de Goiás. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37, 45-50.
- Pacheco, C. A. P., Santos, M. X., Cruz, C. D., Parentoni, S. N., Guimarães, P. E. O., Gama, E. E. G., Silva, Á. E., Carvalho, H. W. I., & Vieira, P. A., Jr. (2002). Inbreeding depression of 28 maize elite open pollinated varieties. *Genetics and Molecular Biology*, 25, 441-448. <http://dx.doi.org/10.1590/S1415-47572002000400014>.
- Pfann, A. Z., Faria, M. V., Andrade, A. A., Nascimento, I. R., Faria, C. M. D. R., & Brighenti, R. M. (2009). Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. *Ciência Rural*, 39, 635-641. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782009000300002>.
- Pereira, A. Po., Lançanova, J. A. C., Lugão, S. M. B., Roque, A. P., Abrahão, J. J. C., Oliveira, J. S., Lme, M. C. J., & Mizubuti, I. Y. (2010). Avaliação de doze cultivares de milho (*Zea mays* L.) para silagem. *Semina*, 31, 1071-1078.
- Van Soest, P. J. (1963). Use of detergents in the analysis of fibrous foods II. A rapid method for the determination of fiber and lignin. *Journal - Association of Official Analytical Chemists*, 46, 829-835.
- Van Soest, P. J., Robertson, J. B., & Lewis, B. A. (1991). Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, and nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition. *Journal of Dairy Science*, 74, 3583-3597. [http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(91\)78551-2](http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(91)78551-2). PMID:1660498
- Vencovsky, R., & BARRIGA, P. (1992). *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética.