



**ÉLCIO FRISKE**

**ANÁLISE DIALÉLICA PARA DRY DOWN E QUALIDADE  
INDUSTRIAL EM GRÃOS DE MILHO NA SEGUNDA  
SAFRA**

**LAVRAS-MG  
2021**

**ÉLCIO FRISKE**

**ANÁLISE DIALÉLICA PARA DRY DOWN E QUALIDADE INDUSTRIAL EM  
GRÃOS DE MILHO NA SEGUNDA SAFRA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Doutor.

Prof. Dr. João Cândido de Souza  
Orientador

Dr. Deoclécio Domingos Garbuglio  
Coorientador

**LAVRAS-MG  
2021**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca  
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Friske, Élcio.

Análise dialéctica para *dry down* e qualidade industrial em grãos  
de milho na segunda safra / Élcio Friske. - 2021.

62 p. : il.

Orientador(a): João Cândido de Souza.

Coorientador(a): Deoclécio Domingos Garbuglio.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2021.

Bibliografia.

1. *Zea mays*. 2. *Dry down*. 3. Qualidade industrial. I. Souza,  
João Cândido de. II. Garbuglio, Deoclécio Domingos. III. Título.

**ÉLCIO FRISKE**

**ANÁLISE DIALÉLICA PARA DRY DOWN E QUALIDADE INDUSTRIAL EM  
GRÃOS DE MILHO NA SEGUNDA SAFRA**

**DIALLEL ANALYSIS FOR DRY DOWN AND INDUSTRIAL QUALITY IN  
SECOND CROP MAIZE GRAIN**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Doutor.

APROVADA, em 28 de janeiro de 2021.

Dr. (a). Maria Lúcia Ferreira Simeone (EMBRAPA)  
Prof. Dr. (a). Édila Vilela de Resende Von Pinho (UFLA)  
Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho (UFLA)

Prof. Dr. João Cândido de Souza (UFLA)  
Orientador

Dr. Deoclécio Domingos Garbuglio (IDR-Paraná)  
Coorientador

**LAVRAS-MG  
2021**

*A Dr. (a). do IAPAR, Sra. Carla Limberger Lopes (in memoriam), minha maior  
incentivadora,  
Dedico.*

## **AGRADECIMENTOS**

Sou grato à Universidade Federal de Lavras, ao Programa de Pós-Graduação em Genética de Melhoramento de Plantas, ao IDR-Paraná, a Embrapa e a CAPES, pelo ensino de excelência e apoio às ideias de pesquisa dos estudantes.

Agradeço ao meu orientador João Cândido de Souza, ao meu coorientador Deoclécio Domingos Garbuglio, a nossa coordenadora Flávia Maria Avelar Gonçalves, à minha amiga e colega de pós-graduação Beatriz Tomé Gouveia, aos meus pais Elemar Friske e Zenilde Rosa Friske, à minha irmã Eliane Friske e a nossa secretária Lillian Carla de Freitas, que nos momentos mais difíceis não desistiram de mim, ampararam minhas angústias e acreditaram no meu potencial.

E de forma geral agradeço aos amigos do GEN - Núcleo de Estudos em Genética da UFLA, a toda equipe do IDR-Paraná polo Santa Tereza do Oeste e sede Londrina, em especial, a equipe do milho e demais pessoas que me auxiliaram e participaram desse projeto, contribuindo para o meu crescimento profissional.

## RESUMO

Nos últimos 10 anos pode ser constatado um aumento significativo nos custos de produção da cultura do milho associado a uma menor rentabilidade do produtor mediante descontos de umidade e avarias. Neste sentido, minimizar essas perdas com a busca de novos materiais com *dry down* acentuado e que apresentem baixas taxas de avarias podem melhorar a rentabilidade do produtor assim como aumentar a qualidade de rações da indústria moageira. O objetivo desse trabalho foi identificar genitores e híbridos de milho com acentuado *dry down* e melhor qualidade industrial de grãos de milho direcionados à indústria de rações, para o desenvolvimento de novas cultivares. Assim, um dialelo parcial com 16 linhagens foi conduzido na segunda safra 2019 em dois ambientes (Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR), nas áreas experimentais do IDR-Paraná, a fim de avaliar o desempenho dos híbridos e de se obter estimativas da capacidade de combinação para o *dry down* (DD), produtividade (PROD), total de avarias (TA), índice de trincas (IT), identificação (IDEN), frações finas conforme a granulometria (FF) e teor de proteína (PROT) avaliado em NIRS (*Near Infrared Spectroscopy*) na Embrapa Milho e Sorgo, em delineamento de blocos casualizados com duas repetições. A análise de dados foi realizada via abordagem de modelos mistos, REML/BLUP, e t-BLUP's foram calculados para verificar a significância dos BLUP's dos parentais e combinações híbridas. Foram obtidos gráficos para melhor visualização dos valores genéticos e da capacidade geral de combinação (CGC) dos híbridos de milho na análise conjunta para todos os caracteres. A análise dialélica conjunta revelou que os efeitos aditivos foram mais importantes para seis dos caracteres, a exceção do IT, destacando a importância da seleção de linhagens promissoras para essas características. Dois genitores se destacaram em ambos os locais, sendo o genitor L3 o mais promissor para produtividade, e o genitor L5 o superior para proteína. A capacidade específica de combinação (CEC) para híbridos com foco na textura do tipo *dent* e do tipo *flint* apresentou informações relevantes sobre a IDEN, podendo auxiliar a condução de novas populações de melhoramento que visem melhor qualidade de rações a suínos e aves respectivamente, voltados à exploração de híbridos com melhor qualidade e rendimento a indústria moageira.

**Palavras-chave:** *Zea mays*. Capacidade de combinação. Granulometria. Ração. Suínos. Aves.

## ABSTRACT

In the last 10 years, there was a significant increase in corn production costs and a lower profitability for the grain producer due to discounts in the corn price caused by kernel moisture and damage. In this sense, minimizing these losses through the search for new *dry down* cultivars and that present low damage rates can improve the profitability for the grain producer, as well as increase the feed quality in the milling industry. This study was to identify maize parents and hybrids with rapid dry down and better industrial quality of maize grain for the feed industry for the development of new cultivars. In this respect, a partial diallel cross with 16 lines was conducted in the second crop season of 2019 in two environments (Londrina, PR and Santa Tereza do Oeste, PR) in experimental areas of the IDR-Paraná to evaluate the performance of the hybrids and obtain estimates of combining ability for dry down (DD), grain yield (GY), total damage (TD), cracking rate (CR), indentation (INDEN), fine fractions according to particle size (FF) and protein content (PROT) evaluated by NIRS (Near Infrared Spectroscopy) at Embrapa Milho e Sorgo in a randomized block design with two replications. Data analysis was performed via the mixed model approach, REML/BLUP, and t-BLUP's were calculated to verify the significance of the BLUP's of the parents and hybrid combinations. Graph representations were formed for better visualization of the genetic values and general combining ability (GCA) of the maize hybrids in combined by environments for all the traits. The combined diallel analysis showed that the additive effects were more important for six of the traits, though not for CR, which highlight the importance of selecting superior lines for this trait. Two parents stood out in both locations: the parent L3 was most promising for yield, and the parent L5 was superior for protein. The specific combining ability (SCA) of hybrids among dent type texture and flint type texture showed relevant information regarding IDEN, which can help the conduction of new breeding populations that aim at a better quality of swine and poultry feed, respectively, directed to use of hybrids with better quality and yield for the grinding industry.

**Keywords:** *Zea mays*. Combining ability. Particle size. Feed. Swine. Poultry.

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO .....	9
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	10
2.1 O milho e sua importância.....	10
2.2 O termo <i>dry down</i> .....	11
2.3 Maturidade fisiológica e colheita .....	15
2.4 A tabela de descontos de umidade ao produtor de grãos.....	16
2.5 Classificações dos grãos de milho .....	17
2.6 O grão de milho .....	18
2.7 A textura dos grãos .....	19
2.8 Qualidade industrial .....	20
2.8.1 Qualidade de rações .....	21
2.8.2 Qualidade nutricional .....	22
2.8.3 Qualidade no armazenamento .....	23
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	25
3.1 Descrição dos ensaios e materiais .....	25
3.1.1 Avaliação dos parentais .....	25
3.1.2 Dialelo.....	26
3.2 Caracteres avaliados .....	27
3.3 Análises dos dados.....	30
3.3.1 Seleção de híbridos .....	31
3.3.2 Capacidade de combinação .....	32
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	34
4.1 Seleção de genitores e híbridos.....	34
4.2 Análise dialélica.....	46
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	53
6. CONCLUSÕES .....	54
REFERÊNCIAS .....	55
APÊNDICE.....	61

## 1. INTRODUÇÃO

O cenário internacional da produção e comercialização de grãos está em constante evolução. A crescente população mundial e a preocupação dos países em manter seus estoques abastecidos têm afetado o preço das grandes commodities agrícolas como o milho e a soja, que vem apresentando preços recordes.

Em 2019 o Brasil se tornou o maior exportador de milho, mantendo sua importância para a economia nacional. Junto com a soja – fonte de proteína, o grão de maioria amido (carboidrato), é a base energética na produção de suínos e aves, e sua produção está ligada ao desenvolvimento regional de polos agrícolas em todo o país. No entanto, a produção e o uso final do grão geram “gargalos” ao longo da cadeia produtiva, necessitando atenção por parte do mercado sementeiro, incluindo os programas de melhoramento genético.

Para os produtores de grãos – responsáveis na cadeia produtiva pelo abastecimento do mercado, é de interesse que os híbridos apresentem *dry down* acentuado, proporcionando menores descontos de umidade no momento da entrega da produção, além da necessidade de baixo percentual de grãos ardidos, quebrados e impurezas. Cabe destacar que híbridos com *dry down* acentuado favorecem a colheita antecipada e tendem a reduzir prejuízos pelo excesso ou falta de chuvas e/ou possíveis geadas na segunda safra.

Para a exportação há uma preferência por grãos duros (*flint*), naturalmente mais tolerantes a carunchos e grãos ardidos, sendo mais vantajosos para o armazenamento; porém, os de textura dentada (*dent*) apresentam maior facilidade no processo de moagem em frações finas. No entanto, no cenário atual da cadeia do milho, as texturas distintas dos híbridos não são separadas na moega, que pode afetar a indústria de rações para animais monogástricos (principalmente suínos e aves) em razão da heterogeneidade de lotes, que prejudicam o rendimento da moagem e a sanidade dos grãos até seu uso, podendo favorecer o acúmulo de micotoxinas.

A escassez de genótipos comerciais de rápido *dry down* e de maior rendimento na indústria moageira, evidencia a importância de selecionar híbridos direcionados para esses setores. Ideótipos assim podem agregar valor ao produto final, elevando, dessa forma, a rentabilidade dos produtores rurais. O objetivo desse trabalho foi avaliar híbridos de milho com texturas distintas para grãos e determinar os melhores parentais e combinações híbridas para *dry down* e qualidade industrial na segunda safra.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 O milho e sua importância

O milho é a segunda maior cultura em produção agrícola no país, sendo superado apenas pela soja. Na safra 2019/20, o Brasil produziu 102,5 milhões de toneladas, desses, 75 milhões foram cultivados na segunda safra, destacando-se os estados do MT (1º), PR (2º), GO (3º) e MS (4º), que juntos, representam em média 85% da produção desse período, com produtividade média nacional de 5533,0 kg ha<sup>-1</sup> (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB, 2021).

A maior parte dos grãos é destinada à produção de rações para suínos e aves (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS DO MILHO – ABIMILHO, 2019), tendo o consumo nacional atingido 68,6 milhões de toneladas em 2019/20. A projeção de consumo interno para 2020/21 é de 72,9 milhões de toneladas, o que manterá os estoques de milho do Brasil baixos, sem ultrapassar 10,6 milhões de toneladas, reserva para 1,6 meses (CONAB, 2021).

A gripe suína que atingiu rebanhos da China e de outros 15 países da Ásia e da Europa em 2019 foi a grande responsável pelo aumento das exportações da carne brasileira (suínos, aves e bovinos), e automaticamente, maior consumo interno de milho para alimentação desses animais. A pandemia do Coronavírus (Covid-19) trouxe novas alterações de mercado em 2020 para toda a economia mundial, e continuarão crescente os preços e a produção mundial de proteína animal de suínos e aves – principais consumidores de milho (MANFRON; DIJKINGA; KAPP JÚNIOR, 2020).

O Brasil é o segundo maior exportador mundial de grãos de milho, e em 2018/19, 41 milhões de toneladas do grão foram exportados, atingindo o recorde, e no período 2019/20 totalizou 34,8 milhões de toneladas. O produto é reconhecido no mercado internacional por sua boa qualidade, e garante o abastecimento de outros países (CONAB, 2021).

O milho é também uma das culturas mais utilizadas no Brasil para a produção de silagem. Apresenta bom rendimento de matéria verde, excelente qualidade de fermentação e manutenção do valor nutritivo da massa ensilada, além da boa aceitabilidade por parte dos animais ruminantes (DUARTE; GARCIA; MIRANDA, 2015). A tradição da silagem a animais ruminantes também se adequa muito bem a disponibilidade de implementos agrícolas por parte dos agricultores, como trator,

ensiladeira e carretão/comboio, utilizados na fabricação dos silos. Também é crescente a produção de etanol (álcool combustível) a partir de milho (MILANEZ et al., 2014).

No mercado de sementes há o predomínio de cultivares com ciclo precoce e de híbridos simples (cruzamento de duas linhagens), e a precocidade em ciclo é presente em 98,6% dos híbridos comerciais, divididos em: 65,7% precoces, 28,5% superprecoce, 3,7% semiprecoces e 0,7% hiper-precoces, com apenas 1,4% de ciclo normal (COTINI et al., 2019).

Neste contexto de seleção de cultivares para plantio, deve ser destacado que as condições meteorológicas não favoráveis na segunda safra têm sido mais comuns a cada ano, reduzindo a janela de plantio e colheita. A precocidade de híbridos em ciclo e também a precocidade após o fim do ciclo – o *dry down*, estão sendo cada vez mais exigidos, e este caráter pode ser um diferencial positivo na cadeia produtiva de grãos de milho, seja para a primeira ou segunda safra.

## 2.2 O termo *dry down*

*Dry down*, está relacionado a taxa ou a velocidade de secagem ou perda de água dos grãos após a maturidade fisiológica – R6 (CRUZ et al., 2011). Atualmente este termo está presente em catálogos de alguns híbridos comerciais, sendo uma variável de relevância para o produtor de grãos, uma vez que, a taxa de secagem a campo em condições não favoráveis, pode representar descontos no valor pago pela produção em razão da umidade padrão considerada.

Quando observado historicamente, o *dry down* sempre esteve presente no melhoramento de milho (SCHMIDT; HALLAUER, 1966; TROYER; AMBROSE, 1971; BROOKING, 1990), porém com diferentes termos e metodologias de avaliação. Esses trabalhos pioneiros evidenciaram a importância do caráter, destacando a eficiência do melhoramento clássico.

Um grupo da Universidade de Purdue nos EUA têm realizado observações importantes para *dry down* em híbridos comerciais do país. Nielsen (2011) afirma que quando as condições climáticas são ótimas para a secagem rápida dos grãos, os híbridos tendem a secar a taxas semelhantes, mas quando as condições meteorológicas não são favoráveis, o genótipo passa a ser o fator determinante na secagem a campo dos grãos.

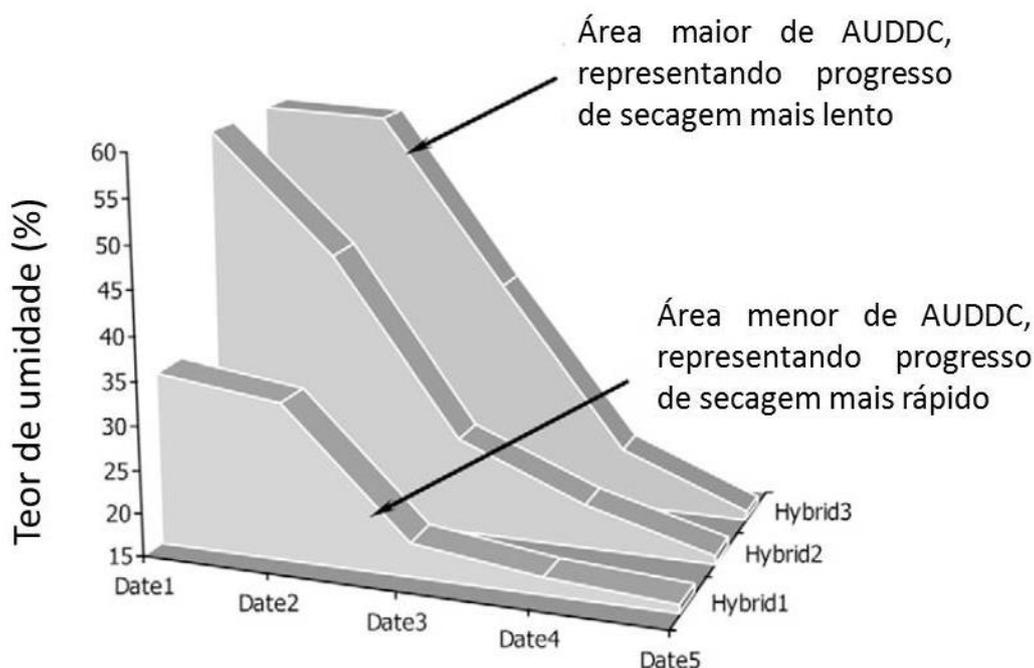
Além disso, o acompanhamento dos híbridos comerciais americanos ao longo das safras agrícolas permitiu relatar associação de outras características fenotípicas

importantes, como a velocidade da declinação da espiga (posição decumbente), quantidade em número e espessura da palha na espiga, senescência da palha da espiga e presença da mesma até a ponta e a espessura e permeabilidade do pericarpo (casca) (NIELSEN, 2011).

A literatura relacionada ao *dry down* em milho é escassa, tanto em germoplasma temperado quanto tropical. Este fato possivelmente está associado à natureza quantitativa do caráter e sua interação com ambiente que dificultam os ganhos genéticos no melhoramento. Uma problemática relevante do *dry down* é a ausência de uma metodologia padrão de avaliação, sendo essa obtida de distintas formas, gerando resultados contrastantes entre os autores.

Yang, Carena e Uphaus (2010) propuseram uma metodologia para melhor representar o movimento de saída da água dos grãos, calculando a área abaixo da curva da perda de água (*Area Under the Dry Down Curve - AUDDC*), baseado na área abaixo da curva do progresso de doenças de Shaner e Finney (1977), estimando e comparando de forma mais acurada o *dry down* dos genótipos. Segundo os autores, um genótipo de lenta secagem natural forma uma área maior se comparado a um genótipo de rápida secagem que forma uma área menor (FIGURA 1).

Figura 1 - Área abaixo da curva da perda de água (AUDDC) que representa o progresso de secagem lenta, intermediária e mais rápida em três híbridos de milho.



Fonte: Adaptado de Yang, Carena e Uphaus (2010).

Baseado nessa forma mais acurada de seleção, o *dry down* via AUDDC foi avaliado em diferentes linhagens elite de milho no Oeste do Paraná, durante a safra de verão 2014/15 por Friske (2016), e submetidos à análise com marcadores moleculares SNP (*Single Nucleotide Polimorphism*) onde relação do caráter foi confirmada com dias para o florescimento masculino e feminino.

Marcas significativas foram detectadas em todos os 10 cromossomos do milho, sendo realizada uma triagem das marcas via estratégia de regressão múltipla de *stepwise* (passo a passo), que possibilitou aumentar a eficiência no processo de identificação de marcadores de maior efeito. Os SNPs mais associados (possíveis QTLs - *Quantitative Trait Loci* após validação) foram detectados nos cromossomos 1, 2 e 3 para florescimento masculino e feminino, e para a perda de água nos pares 1, 3, 9 e 10 (SCHUELTER et al., 2018).

Comumente os melhoristas de milho estimam o *dry down* ou a umidade final (de colheita) via modelos estatísticos preditivos, que são positivos para o melhoramento, pois contornam a trabalhosa avaliação a campo. Para a modelagem são utilizados dados de florescimento, máxima temperatura diária, secagem artificial forçada e até precipitações e orvalho, como demonstrado por Piggott (2010), Jager, Roux e Kühn (2004) e Maiorano et al. (2014), por exemplo.

Piggott (2010) utilizando secagem artificial, considerou a temperatura e a precipitação na modelagem. No entanto, o próprio autor apontou a não utilidade para a seleção, pois genótipos diferentes ficam estimados com mesma umidade em mesma região.

Jager, Roux e Kühn (2004) na África do Sul estimaram a taxa de secagem de suas linhagens, precoces e tardias, com informações de florescimento. Segundo os autores, o modelo considerou que a variância genética aditiva foi mais importante na expressão da taxa de secagem natural do que a dominante, justificando a avaliação do *dry down* dentro do programa de melhoramento genético de milho.

O grupo italiano desenvolveu o modelo MIMYCS.Moisture (MAIORANO et al., 2014), que teve eficiência positiva para estimar todas as fases do grão, desde a latência e enchimento, até a secagem de maturação e *dry down*. O modelo preditivo foi satisfatório, mas o processo de calibragem e validação dos dados gerou uma superestimação frustrante de até 60% na umidade de colheita de alguns híbridos, umidade essa condicente para estádio R3/R4 – grão leitoso/pastoso.

No intuito de reduzir a mão de obra e facilitar a avaliação do *dry down*, Marcolin (2017) utilizou parte do mesmo grupo de linhagens no Oeste do Paraná, na segunda safra (ex-safrinha) em três ambientes e adaptou a umidade de colheita para inferir sobre a maturação. Com isso, identificou predominância de alelos dominantes, estimando a existência de três blocos gênicos no controle do caráter, e obteve alta relação da heterose para as distâncias genéticas. Embora umidade de colheita (única coleta) e o *dry down* (várias coletas) sejam avaliados por metodologias distintas, não deixam de serem variáveis similares, e por isso, assume-se a hipótese de vigor híbrido para o caráter, contrastante a modelagem de Jager, Roux e Kühn (2004).

Outra investigação realizada com marcadores SNPs foi conduzida na China por Zhou et al. (2018) para umidade de colheita. A fenotipagem foi realizada 10 dias após a maturidade fisiológica (formação da camada negra) em painel de 144 linhagens. Após a triagem das marcas de maior efeito, identificaram-se cinco QTLs distribuídos nos cromossomos 1, 5, 8 e 9, e os autores reafirmam o potencial da taxa de secagem para exploração em novos híbridos de alto valor comercial.

Zhang et al. (2019) a partir de duas linhagens de milho (376,02% e 389,41% de área), avaliaram um painel de 330 genótipos F<sub>2</sub> para *dry down* em área da perda de água (AUDDC) e identificaram presença de QTLs distribuídos nos cromossomos 1, 2 e 10.

O grupo chinês de Liu et al. (2020) procuraram QTLs para o baixo teor de umidade na colheita e encontraram 31 QTLs promissores, que explicaram de 6,92% a 24,78% da variação genética. O mais promissor foi denominado QTL.Gwc1.1 (cromossomo 1), e segundo os autores, foi isolado com sucesso em uma região de 2,05 Mb, permitindo seu uso no melhoramento de genótipos de milho com baixo teor de umidade na colheita.

Dentre as vantagens dos híbridos que apresentam *dry down* acentuado, pode-se destacar: colheita antecipada, menor umidade na colheita (menor desconto ao produtor) e menor incidência de grãos ardidos (escape). Como desvantagem, cita-se sua laboriosa avaliação quando comparado com a precocidade via florescimento, considerando, ainda, que a generalização do florescimento, pela facilidade de avaliação para determinar precocidade, faz com que o *dry down* permaneça confundido com superprecocidade (ciclo).

### 2.3 Maturidade fisiológica e colheita

O estágio R6 – ponto de maturidade fisiológica é conhecido pela formação da camada negra (FIGURA 2), sendo essa uma obstrução dos vasos, em que se rompe o elo da planta-mãe e o fruto (o grão). Após R6 se observa o *dry down*, que não é considerado como ciclo, mas na prática funciona como um estágio R7 em milho.

Como regra geral, são necessários 30 GDD (Graus-Dia de Desenvolvimento – estimativa usada para definir o desempenho da planta em relação à temperatura máxima e mínima diária e a temperatura basal de 10°C) para remover um ponto (%) da umidade do grão no início do processo de secagem (30 – 25%), e 45 GDD para remover um ponto de umidade no final do processo de secagem (25 – 20%). Mas, as taxas de secagem dos grãos variam entre os híbridos e os ambientes (PIONNER, 2018).

Figura 2 - Espigas de milho nos estádios reprodutivos R1, R2, R3, R4, R5 e R6.



Fonte: PIONNER (2018).

O milho está pronto para ser colhido a partir da maturação fisiológica do grão, ou ponto de máxima produção, que varia entre 38 – 32% de umidade (LI et al., 2020). No entanto, o grão não está em condições de ser armazenado com segurança, uma vez que o mesmo deve estar com 15 – 13% de umidade para evitar problemas no armazenamento. No intuito de liberar a área colhida para novo plantio mais rapidamente, a colheita do milho pode ser iniciada com 25% de umidade dos grãos, desde que o produto seja submetido a secagem artificial antes de ser armazenado. A secagem reduz o conteúdo de água dos grãos e é considerada obrigatória para minimizar a deterioração durante o armazenamento pela ação de fungos, bactérias, insetos e reduzir o processo de respiração dos grãos que provoca perda de massa e gera calor (MANTOVANI et al., 2015).

Duas hipóteses são levantadas para a perda de água dos grãos: saída pelo pedicelo (conexão do grão com a espiga) e evaporação. Embora diâmetros menores sejam ditos

como favoráveis para o *dry down*, há pouca ou nenhuma evidência documentada de que a perda de água ocorra através do pedicelo do grão e o sabugo (NIELSEN, 2018). A perda de água do grão após a maturidade acontece principalmente pelo processo de evaporação da água do próprio grão, pois à medida que os tecidos param de funcionar, e a conexão entre o grão e o sabugo são essencialmente quebrados (NIELSEN, 2018).

#### 2.4 A tabela de descontos de umidade ao produtor de grãos

A secagem artificial retira água dos grãos e o conteúdo de matéria seca permanece constante. A matéria seca de um lote de grãos antes da secagem deve ser o mesmo após o processo, por isso, o percentual de água retirada pela secagem, ou desconto (quebra) devido o conteúdo de água dos grãos pode ser determinado pela seguinte equação:

$$\text{Massa de água retirada} = \frac{(U_i - U_f)}{(100 - U_f)} \cdot 100 \quad (1)$$

Em que  $U_i$  é a umidade inicial do lote (conteúdo de água antes da secagem); e  $U_f$  é a umidade final do lote (conteúdo de água após a secagem). O resultado obtido pela equação significa a porcentagem de desconto (quebra em peso), devido à saída de água que irá ocorrer nos grãos (MANTOVANI et al., 2015).

O Quadro 1 mostra um comparativo do desconto obtido pela fórmula com  $U_f = 13\%$ , e o desconto praticado por uma empresa agrícola da região Oeste do Paraná, que disponibilizou a tabela utilizada. Nota-se certa igualdade quando a umidade inicial é baixa, porém conforme ela aumenta, os descontos elevam-se extraordinariamente, comprometendo a rentabilidade do produtor rural.

No Paraná, na segunda safra, a colheita ocorre no período de inverno, em que o clima é frio, com possibilidade de geadas, e úmido, com ocorrência de chuvas e neblina, que retardam a secagem natural do milho no campo. Quanto menor a janela de plantio, maior é o risco dessas intempéries climáticas. Conseqüentemente, os produtores dessa região, em sua grande maioria, colhem o milho com teores de umidade acima de 20 – 18% de umidade, comumente até 25% (MANTOVANI et al., 2015), sentindo os impactos dos descontos apresentados no QUADRO 1.

Quadro 1 - Comparação do desconto de umidade calculado pela fórmula (%) com o desconto aplicado ao produtor de grãos de milho no Oeste do Paraná.

Umidade Inicial (%)	Desconto pela fórmula (%)	Desconto praticado por um armazém (%)
30	19,54	33,3
29	18,39	30,8
28	17,24	28,3
27	16,09	25,8
26	14,94	23,3
25	13,79	20,8
24	12,64	18,8
23	11,49	16,8
22	10,34	14,8
21	9,2	12,8
20	8,05	10,8
19	6,9	9,0
18	5,75	7,2
17	4,6	5,4
16	3,45	3,6
15	2,3	1,8
14	1,15	0
13	0	0

Fonte: Do autor (2020).

Parte da produção nacional de grãos de milho (até 30%) é submetida à secagem artificial (estados do Paraná, Santa Catarina, Sul do Mato Grosso do Sul e região baixa do Rio Paranapanema de São Paulo) e a outra parcela da produção é secada a campo (principalmente Centro-Oeste ou terceira safra no Nordeste brasileiro), de forma natural, permanecendo na lavoura até atingir o percentual de umidade ideal ao armazenamento, ou seja, entre 15 – 13% de umidade; o que aumenta a importância do *dry down* em todos os casos, pois a manutenção das espigas por tempo excessivo na lavoura para secagem natural prejudica a qualidade do milho (MANTOVANI et al., 2015).

## 2.5 Classificações dos grãos de milho

A classificação física do milho baseia-se de acordo com a Instrução Normativa nº 60, de 22 de dezembro de 2011, classificando em três formas diferentes: quanto ao grupo (duro, dentado, semiduro e misturado); quanto à cor (amarela, branca, cores e misturada), e quanto ao tipo (tipo 1, tipo 2, tipo 3 e fora do tipo) (BRASIL, 2011).

O tipo 1 é o de maior qualidade. A entrega de grãos fora do tipo 1 aos armazéns (empresas receptoras de grãos e cooperativas), acrescenta em descontos adicionais (além

da umidade) que comprometem ainda mais a rentabilidade do produtor. O limite máximo de avarias, ou defeitos tolerados nos grãos em cada classe é apresentado no Quadro 2.

Quadro 2 - Limites máximos de tolerâncias expressos em percentual (%).

Tipo	Grãos ardidos	Total de Avariados	Grãos quebrados	Matérias estranhas e impurezas	Carunchados
Tipo 1	1,0	6,0	3,0	1,0	2,0
Tipo 2	2,0	10,0	4,0	1,5	3,0
Tipo 3	3,0	15,0	5,0	2,0	4,0
Fora do tipo	5,0	20,0	>5,0	>2,0	8,0

Fonte: BRASIL (2011).

Além dos apresentados grãos ardidos, quebrados, material estranho e impurezas e carunchados (QUADRO 2); o total de avarias considera também grãos mofados, fermentados, germinados, gessados e chocos ou imaturos (FIGURA 3).

Figura 3 - Avarias diversas em grãos de milho. Da esquerda para a direita: fermentado, mofado, ardido, carunchado, germinado e chocho/imaturo.



Fonte: Do autor (2018).

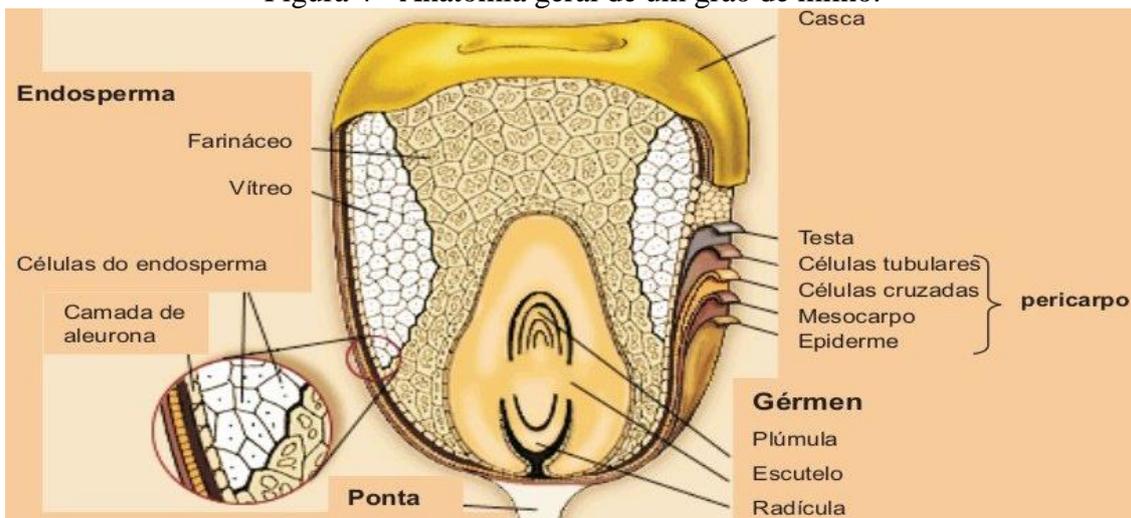
## 2.6 O grão de milho

O grão de milho é um fruto monospermo, seco e indeiscente, com o pericarpo delgado e soldado ao tegumento da semente. O pericarpo (camada externa) é derivado da parede do ovário e na sua grande maioria é incolor (MAGALHÃES; SOUZA, 2015).

A extremidade basal do grão (ponta) é a parte remanescente do tecido (pedicelo), que conecta o grão ao sabugo, dentro, o grão é composto por endosperma e o embrião. O endosperma é triploide (3n), originando-se da fusão de dois núcleos femininos e um núcleo masculino, e o mesmo é constituído na sua totalidade de amido - com exceção da sua camada mais externa, constituída por uma camada de células de aleurona (proteína)

(FIGURA 4). A composição média de um grão de milho em base seca é de aproximadamente 73,5% amido, 9% proteínas, 4,3% lipídeos (óleo), 1,9% açúcar e 1,5% cinza (GLOVER; MERTZ, 1987). A coloração de endosperma mais comum é a amarelo/alaranjada, isso porque essas cores indicam a presença de betacaroteno – pigmento precursor de vitamina A, que é responsável pela diferenciação celular (processo básico da vida), visão, produção de melanina e saúde de forma geral em animais.

Figura 4 - Anatomia geral de um grão de milho.



Fonte: Adaptado de Paes (2006).

## 2.7 A textura dos grãos

A proporção de endosperma vítreo e farináceo caracteriza a textura do grão. Esse formato se duro (nota 1) ou dentado (nota 5), pode ser observado facilmente no estágio R6 – maturidade fisiológica (FIGURA 5).

Figura 5 - Espigas de textura dura e de textura dentada em estágio R6.



Fonte: Do autor (2019).

Como relatado por Duarte et al. (2007), a avaliação da dureza dos grãos pela aparência da coroa é fácil e rápida, e o método da escala de notas (de 1 a 5) baseada em padrões conhecidos de dureza é eficiente para selecionar o tipo do milho em programas de melhoramento. Em painel de 42 híbridos duros e dentados, a aparência de dureza dos grãos (notas de identificação) foi estudada para a suscetibilidade a quebra, porém, não foi eficiente para diferenciar as cultivares, intensificando a importância de avaliações mais criteriosas além da identificação, como, por exemplo, o índice de trincas.

Segundo a Instrução Normativa 60/2011, é necessário um mínimo de 85% de pureza de textura no lote. No Brasil, por questões de logística e estruturas únicas de armazenamento, o milho grão que se enquadra no tipo 1 - muitas vezes até mesmo tipo 2 ou 3, dependendo da safra agrícola - é descarregado na mesma moega nos armazéns, misturando-se também as texturas, desuniformizando os lotes quanto a estas características.

## **2.8 Qualidade industrial**

No melhoramento genético o conhecimento da planta e de seu sistema produtivo e das demandas dos produtores, consumidores e indústria, é fundamental para o desenvolvimento de cultivares com alta aceitação por toda a cadeia produtiva (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017).

Para a indústria moageira no que diz respeito ao consumo humano (canjica, canjiquinha, *grits*, etc.), os grãos de milho devem ser do tipo duro, uniformes e sem fissuras, com fácil separação do gérmen do pericarpo, rendimento superior a 90% de *grits* (425  $\mu\text{m}$ ) e menor possível de fubá (pó), e com qualidade sanitária superior. Para a indústria de óleo os grãos devem ser do tipo dentado, com alto teor de óleo (geralmente favorecidos por gérmenes maiores). Quanto à qualidade química, os grãos de milho devem priorizar de forma geral, o máximo teor de óleo e proteína possíveis para a “moagem úmida” (PAES, 2006).

Tais informações não são consideradas para a indústria de rações. Porém, dada a crescente expansão do mercado do milho e a preocupação com a produção de proteína animal, torna-se interessante avaliá-la nesse sentido.

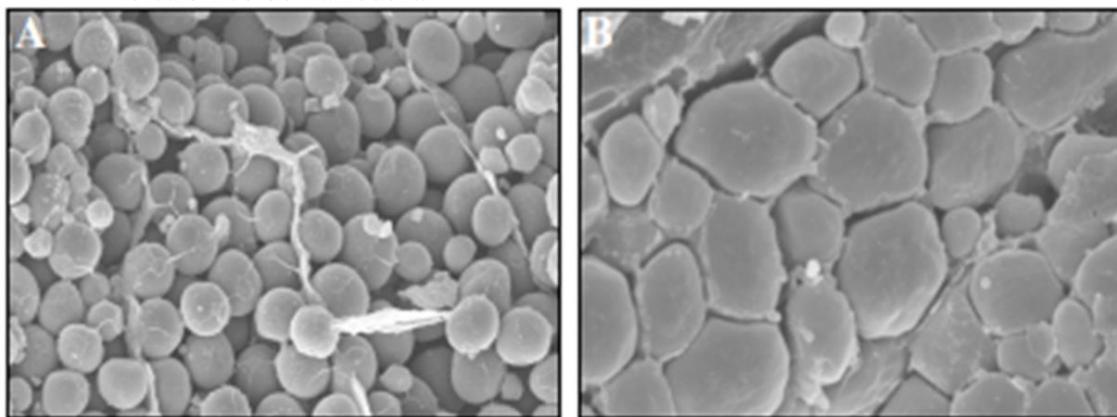
### 2.8.1 Qualidade de rações

A indústria moageira de milho vem utilizando como padrão a moagem do tipo “seca” (PAES, 2006), que visa à formulação de rações, moendo os grãos inteiros, sem o processo de degerminação (retirada do gérmen).

Cruz e Rufino (2017), destacam que a quantidade de milho a cada 100 kg de ração varia conforme o crescimento dos animais. Por exemplo, na ração de crescimento de suínos, são utilizados 70 kg de milho e 10 kg de leite em pó. Já para ração de matrizes e cachaços são utilizados em média 75 kg de milho. Para aves de corte, matrizes e poedeiras, são usados até 68 kg de milho nas rações. Os autores usam como base de cálculo, lotes de milho de 7,8% de proteína.

O sistema digestório dos suínos, assim como dos bovinos, não absorve grandes partículas de milho vítreo (endosperma duro), os quais são defecados inteiros. Nesse caso, através da avaliação de granulometria, pode direcionar a seleção de genótipos que moem facilmente (endosperma farináceo), identificando os que ficam retidos, na sua maioria, nas peneiras menores e fundo (fubá), ou seja, maior proporção de moídos finos (<0,5 mm), melhorando a qualidade das rações aos suínos (FIGURA 6), reduzindo assim, o desperdício fecal.

Figura 6 - Grânulos de amido de endosperma farináceo (A) e vítreo (B) em microscópio eletrônico de varredura.



Fonte: Davide (2009).

As aves naturalmente são atraídas por frações maiores e mais grossas - resposta instintiva do desenvolvimento dos dentes de suas moelas. O frango, desde seu primeiro contato com a ração, prefere os grânulos maiores da ração peletizada, evitando o pó (RUTZ; PENZ JÚNIOR; ROLL, 1999). Silva Júnior, Cotta e Oliveira (2003) testando

milho inteiro, moído grosso e moído fino, combinado com pedrisco fornecido a machos e fêmeas, confirmaram que a partir dos 21 dias, o milho moído grosso não compromete o desenvolvimento dos frangos de corte, se igualando estatisticamente a todas as formas, até mesmo ao milho inteiro.

Essa preocupação da granulometria com o valor nutricional e o valor de energia metabolizável do milho é claramente apresentada por Ludke et al. (2019). Os autores relembram que o milho moído representa de 60% a 75% da composição das rações, e afirmam que o diâmetro geométrico médio das partículas (DGM) para rações de suínos devem ser de 509  $\mu\text{m}$  a 660  $\mu\text{m}$ , e para as rações de aves devem situar-se entre 913  $\mu\text{m}$  a 1,115  $\mu\text{m}$ . O DGM na faixa de 850  $\mu\text{m}$  a 1,050  $\mu\text{m}$  para rações de aves também são relatados na revisão apresentada por Condé et al. (2014).

Figura 7 - Diferentes frações de “moídos grossos” e “moídos finos”.



Fonte: Do autor (2019).

Nesse sentido, a avaliação de granulometria pode inferir na seleção de genótipos que formem poucas frações finas, ou seja, uma maior proporção de frações grossas, melhorando a qualidade das rações as aves (FIGURA 7). Em hipótese, está a possibilidade de melhorar a qualidade das rações através da diferenciação de híbridos de fácil moagem para frações finas, que podem resultar em melhor conversão alimentar e ganho animal para suínos, e híbridos de maior teor de frações grossas para maior qualidade para as aves.

### 2.8.2 Qualidade nutricional

Muitos são os exemplos e esforços do melhoramento genético para o desenvolvimento de cultivares biofortificadas, enriquecidas com vitaminas e minerais.

Um bom exemplo na cultura do milho descrito por pesquisadores de Viçosa/MG, são os híbridos de alta qualidade proteica – QPM (*Quality Protein Maize*), que apresentam além do maior teor de proteína, 1/3 acima de teores de triptofano e lisina do que a média dos híbridos comerciais (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017).

Esses grãos degerminados (retira do gérmen), servem de matéria prima da indústria de alimentos, e têm potencial para melhorar a qualidade nutricional e gerar maior valor agregado (CASTRO et al., 2009). Um projeto conjunto de pesquisa (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA e UNIVERSIDADE FEDERAL DE LAVRAS – UFLA) com foco na melhoria do rendimento industrial, apontou híbridos superiores com maior teor de proteína, de até 11,09%, e maior rendimento de frações grossas na peneira de 20 mesh (abertura de 840 µm) variando de 35,5% até 43,8% entre os genótipos (GONÇALVES et al., 2003).

Milhos com maior teor de proteína também são interessantes para as rações de forma geral (suínos, aves, bovinos, peixes e etc.). Neste sentido o uso da técnica de NIRS (*Near Infrared Spectroscopy*) torna-se uma alternativa promissora para a quantificação do teor de proteína em milho, uma vez que essa metodologia é rápida, de baixo custo, não destrutiva e sem a utilização de produtos químicos, sendo uma alternativa a ser utilizada no melhoramento genético (SIMEONE et al., 2018).

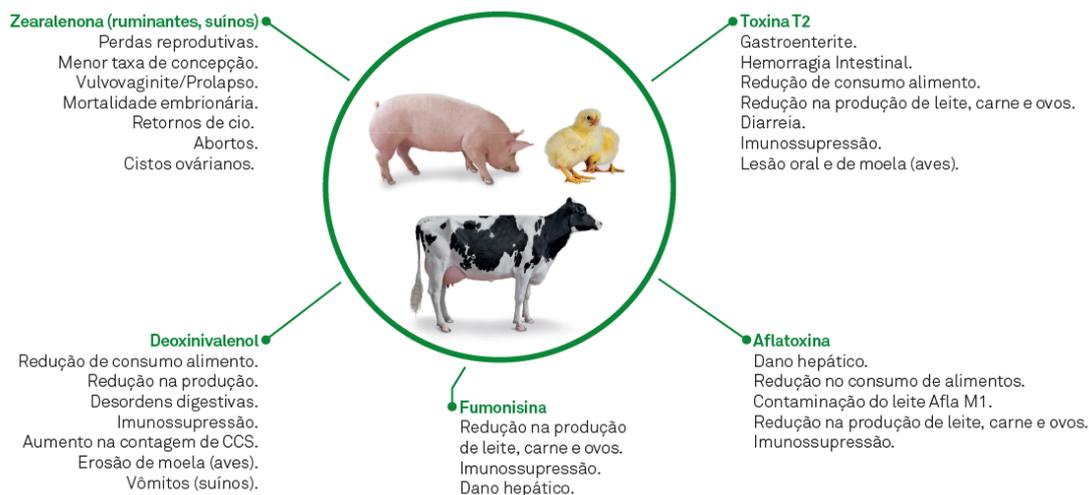
### **2.8.3 Qualidade no armazenamento**

Santos (2015), confirmou a maior resistência ao armazenamento de grãos de milho de textura dura em até 240 dias, ressaltando que, de modo geral, são mais resistentes às fissuras e quebras durante a colheita, transporte e armazenamento.

Por outro lado, a qualidade dos grãos de milho no armazenamento varia conforme a safra (ASCHERI; GERMANI, 2004). Uma amostragem realizada em vários municípios do Mato Grosso nas safras 2009 e 2010 é apresentada por Bento (2011). A autora classificou as amostras quanto à qualidade física e sanitária dos grãos, e observou que em alguns armazéns, os grãos carunchados e quebrados atingiram patamares de até 13% nos lotes. Em municípios que apresentaram alto índice pluviométrico em 2010, mesmo tendo sido submetidos à secagem artificial, detectou-se aflatoxinas em níveis acima do permitido pela legislação. A aflatoxina é a principal micotoxina produzida por fungos do gênero *Aspergillus*, e sua contaminação representa riscos, tanto para a saúde dos animais (FIGURA 8), quanto seres humanos (PRESTES et al., 2019).

Um levantamento da incidência de micotoxinas em milho nos estados do Paraná, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul ao longo das safras 2015/16, 2016/17 e 2017/18 é apresentado por Mistura e Lindino (2020) com avaliação de mais de 10 mil amostras provenientes de cerealistas, armazéns, cooperativas e agricultores via testes de ELISA (*Enzyme Linked Immuno Sorbent Assay*), verificando que a contaminação por fumagina (cancerígena homeopática em animais de corte e humanos) estava presente em mais da metade das amostras em todos os estados e em todas as safras agrícolas, atingindo concentrações acima do permitido por Lei. Segundo os autores, fatores climáticos e estocagem de grãos com atividade de água (provavelmente pela mistura de texturas dos grãos), são os grandes responsáveis pela ocorrência das micotoxinas.

Figura 8 - Efeito das micotoxinas em animais domésticos.



Fonte: Agrifirm (2020).

Separar os tipos de textura na moega, no momento da entrega de grãos, pode representar uma melhoria em termos de qualidade, tanto no armazenamento quanto para a indústria moageira de rações, beneficiando o melhor rendimento em todos os destinos dos grãos na cadeia produtiva.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Descrição dos ensaios e materiais

Os experimentos foram conduzidos nas áreas experimentais do IDR-Paraná (INSTITUTO DE DESENVOLVIMENTO RURAL DO PARANÁ – IAPAR-EMATER) nas cidades de Santa Tereza do Oeste/PR e Londrina/PR. As coordenadas geográficas e as temperaturas médias de ambos os locais estão descritas no Quadro 3. Para a composição do dialelo parcial, foram utilizadas 16 linhagens de milho oriundas do programa de melhoramento genético do IDR-Paraná. Essas linhagens foram selecionadas conforme classificação prévia de florescimento e texturas distintas. Foram utilizados como testemunhas três híbridos simples comerciais: JM 2M60; DKB 230 PRO3 e P 30F31 VYHR.

Quadro 3 - Descrição dos locais de plantio.

Local	Coordenadas	Altitude	Temperatura média			
			Primavera	Verão	Outono	Inverno
Santa Tereza do Oeste	25°05' S, 53°35' W	742 m	20,5°	23,5°	19,5°	16,5°
Londrina	23°21' S, 51°09' W	581 m	21,5°	24,5°	21,5°	17,5°

Fonte: IAPAR (2019).

Ambas as regiões são aptas para a cultura do milho e foram escolhidas pela diferença de altitude e picos de temperatura entre elas, possibilitando verificar o efeito da interação genótipos por ambientes no estudo. A produção de sementes das linhagens e a obtenção das combinações híbridas foi realizada anteriormente pelo programa milho do IDR-Paraná.

##### 3.1.1 Avaliação dos parentais

Com o objetivo de verificar existência de variabilidade genética dos parentais, uma avaliação preliminar foi realizada em dois experimentos conduzidos na safra verão de 2018/19 em Santa Tereza do Oeste/PR em duas épocas de plantios. A disponibilidade de sementes na câmara fria permitiu a utilização de 13 genótipos parentais, com utilização de quatro testemunhas: JM 2M88, JM 2M22, JM 2M60 e IPR 114, descritos no Quadro 4.

Os genótipos parentais e as testemunhas foram semeados em duas épocas de plantio, nas datas de 12/10/18 e 29/10/18, em Santa Tereza do Oeste/PR. Os experimentos foram implantados em delineamento em blocos casualizados (DBC), com três repetições. A semeadura foi manual, com duas sementes por cova, sendo mantida uma planta após desbaste. As parcelas experimentais foram constituídas de duas linhas de 5 m, com espaçamento de 80 cm entre linhas e 20 cm entre plantas, totalizando 50 plantas por parcela. A área foi anteriormente cultivada com aveia, apresentando boa cobertura de palhada no momento da semeadura.

Quadro 4 - Descrição dos genótipos parentais de milho e testemunhas utilizados na avaliação preliminar na safra verão 2018/19 em Santa Tereza do Oeste/PR.

Descrição	Cultivar	Classificação textura
Parentais		
L1	Linhagem	Dentado/Semidentado
L2	Linhagem	Dentado/Semidentado
L3	Linhagem	Dentado/Semidentado
L4	Linhagem	Dentado/Semidentado
L5	Linhagem	Dentado/Semidentado
L6	Linhagem	Dentado/Semidentado
L7	Linhagem	Dentado/Semidentado
LB	Linhagem	Duro/Semiduro
LD	Linhagem	Duro/Semiduro
LE	Linhagem	Duro/Semiduro
LF	Linhagem	Duro/Semiduro
LG	Linhagem	Duro/Semiduro
LH	Linhagem	Duro/Semiduro
Testemunhas		
JM 2M22	Híbrido Simples	Semiduro
JM 2M60	Híbrido Simples	Semidentado
JM 2M88	Híbrido Simples	Duro
IPR 114	Variedade	Semiduro

Fonte: Do autor (2019).

Todos os tratos culturais e fitossanitários necessários (adubação de base, desbaste, capina, controle químico e adubação de cobertura) seguiram os recomendados para a cultura em todos os experimentos (BORÉM; GALVÃO; PIMENTEL, 2017).

### 3.1.2 Dialelo

Confirmada a presença de variabilidade genética dos parentais, os híbridos e as testemunhas foram semeados em dois locais, na segunda safra de 2019, na data de

14/02/19 em Londrina/PR e 11/03/19 em Santa Tereza do Oeste/PR. Os experimentos foram implantados em delineamento de blocos casualizados com duas repetições, seguindo mesmo tamanho de parcelas experimentais utilizadas na avaliação preliminar dos parentais.

Os 54 híbridos F<sub>1</sub>'s (QUADRO 5) e três testemunhas utilizadas JM 2M60; DKB 230 PRO3 e P 30F31 VYHR totalizaram 57 tratamentos. No ambiente Londrina/PR, a indisponibilidade de sementes do híbrido EXP1914 fez com o mesmo fosse substituído pelo híbrido JM 3M51, de modo a manter o mesmo tamanho em número de tratamentos.

Quadro 5 - Descrição dos híbridos de milho avaliados na segunda safra 2019 em Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR.

	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7
LA	EXP1901	-	-	EXP1923	EXP1931	EXP1939	EXP147
LI	-	EXP1909	-	-	-	-	-
LB	EXP1902	EXP1910	EXP1917	EXP1924	EXP1932	EXP1940	EXP1948
LC	EXP1903	EXP1911	EXP1918	EXP1925	EXP1933	EXP1941	EXP1949
LD	EXP1904	EXP1912	EXP1919	EXP1926	EXP1934	EXP1942	EXP1950
LE	EXP1905	EXP1913	EXP1920	EXP1927	EXP1935	EXP1943	EXP1951
LF	EXP1906	EXP1914	EXP1921	EXP1928	EXP1936	EXP1944	EXP1952
LG	EXP1907	EXP1915	EXP1922	EXP1929	EXP1937	EXP1945	EXP1953
LH	EXP1908	EXP1916	-	EXP1930	EXP1938	EXP1946	EXP1954

L1 a L7= grãos de textura dentada/semidentada; LA a LI = grãos de textura dura/semidura.

Fonte: Do autor (2019).

### 3.2 Caracteres avaliados

Em todas as safras foram avaliadas as seguintes variáveis:

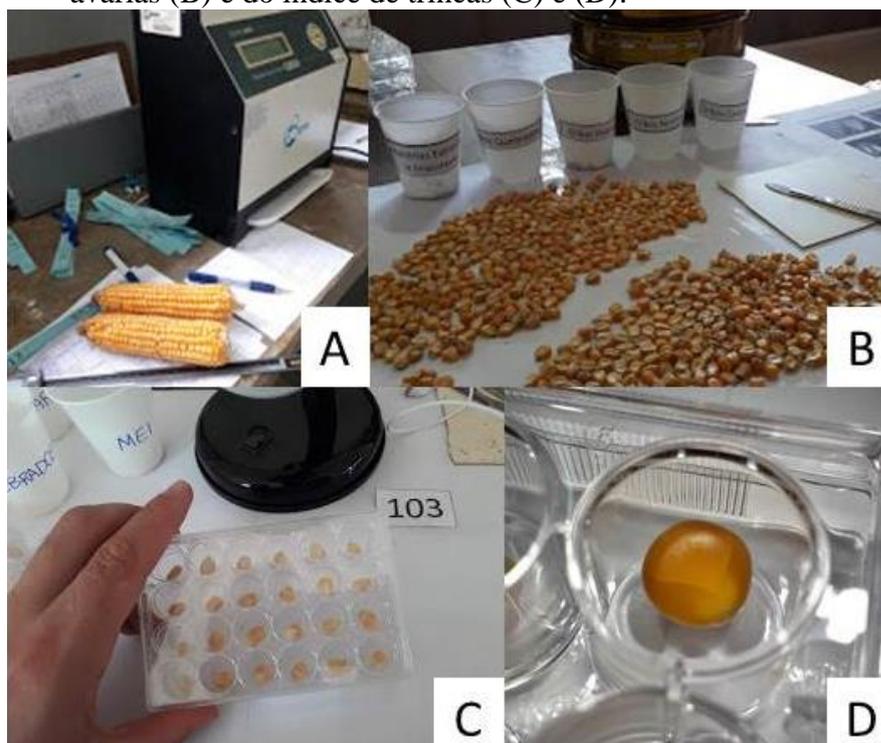
- a) *Dry down* (DD): A umidade foi avaliada em várias coletas e aferida em medidor dielétrico digital Gehaka® modelo G600 (FIGURA 9-A). As coletas da perda de água foram realizadas em intervalos de média de 3 dias na avaliação dos parentais, e em média a cada 7 dias na avaliação dos híbridos, a partir do estágio R6 de cada genótipo. Os dados foram tabulados em área abaixo da perda de água (YANG; CARENA; UPHAUS, 2010);
- b) Produtividade (PROD): Após a colheita e união dos grãos das coletas para *dry down*, o peso de grãos das parcelas foi aferido em balança analítica e corrigidos para o teor de umidade de 13%, e extrapolado para kg ha<sup>-1</sup> utilizando a área útil da parcela de 2 linhas de 5m x 0,80m, que corresponde a 8m<sup>2</sup> de acordo com a seguinte equação (2);

$$PROD = \left[ PG \cdot \left( \frac{100-UD}{87} \right) \cdot \left( \frac{10}{Área\ útil} \right) \right] \quad (2)$$

Em que, PG é o peso dos grãos da parcela e UD é o teor de umidade dos grãos;

- c) Total de avarias (TA): Amostras de 250 g foram separadas para a classificação dos grãos. Inicialmente os grãos foram despejados sobre as peneiras de 5 e 3 mm e fundo para amostragem material estranho e impurezas (MEI). Posteriormente, em bancada apropriada e iluminada realizou-se a classificação dos grãos em normais, ardidos, mofados, fermentados, germinados, quebrados, chochos e/ou imaturos e carunchados (quando presentes), com auxílio de pinça e estilete, seguindo protocolo do BRASIL (2011) (FIGURA 9-B). O MEI e todas as avarias foram somadas para o total de avarias, dado em percentual;

Figura 9 - Avaliação das coletas da perda de água para *dry down* (A), total de avarias (B) e do índice de trincas (C) e (D).



Fonte: Do autor (2019).

- d) Índice de trincas (IT): Para a avaliação do índice de trincas dos grãos, utilizaram-se amostras de 96 grãos inteiros (aparentemente saudáveis) escolhidos aleatoriamente da amostra inicial. Eles foram avaliados em placas de acrílico de 24 células, em bancada branca através de observação visual e auxílio de lupa, simulando um

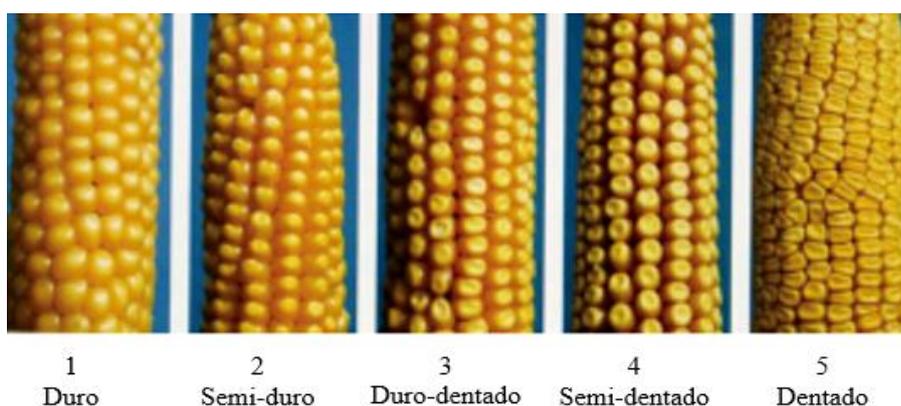
diafanoscópio artesanal (FIGURA 9-C) (MARQUES et al., 2011). O índice de trincas foi determinado de acordo com Alves et al. (2001) (3):

$$IT = T_1 + 3T_2 + 5T_3 \quad (3)$$

Em que, IT é o índice de trincas;  $T_1$  é a percentagem de grãos sem trincas;  $T_2$  é a percentagem de grãos com uma trinca; e  $T_3$  é a percentagem de grãos com duas ou mais trincas (FIGURA 9-D);

- e) Escore de identificação (IDEN): Durante as coletas, as espigas das parcelas foram avaliadas em relação ao escore de identificação por meio de escala visual de notas variando de 1 a 5 (FIGURA 10), em que 1 (duro) refere-se ao grão totalmente ausente de identificação, com extremidade superior arredondada e lisa, e majoritariamente composto de endosperma vítreo, e 5 (dentado) ao grão com presença marcante de identificação, apresentando a extremidade superior reta e enrugada, e visivelmente majoritariamente composto de endosperma farináceo (MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO – MAPA, 2020). A escala é de fácil utilização, auxiliando os melhoristas quando espigas apresentam texturas intermediárias, como foi o caso das amostras, e realizou-se média de cinco espigas, com notas em conjunto por dois avaliadores na maioria das coletas;

Figura 10 - Escala de notas de 1 a 5 para diferentes texturas de milho.



Fonte: Adaptado do MAPA (2020).

- f) Frações finas (FF): A avaliação da granulometria foi utilizada para classificar as partículas das amostras pelos seus respectivos tamanhos. Após a colheita, as

amostras foram previamente limpas, e cerca de 500 g de milho de cada parcela foram moídos em moinho elétrico de martelos com malha de 1,1 mm, e posteriores submetidas à secagem do óleo e possível umidade em estufa de ar forçado a 65°C por 48 horas. As amostras foram peneiradas em duplicata, via agitação manual, nas peneiras número 5, 10, 18, 35, 60 e fundo, respectivamente de abertura de 4000, 2000, 1000, 500, 210 e 0  $\mu\text{m}$  (FIGURAS 11-A e B), as quais as frações foram mensuradas em balança analítica de precisão, seguindo protocolo estabelecido por Zanotto e Bellaver (1996). Posteriormente, os dados das peneiras 35, 60 e fundo foram agrupados em percentual de frações finas;

Figura 11 - Avaliação da granulometria (A) e (B) e preparo das amostras para determinação do teor de proteína em NIRS (C).



Fonte: Do autor (2019).

- g) Proteína (PROT): Pequenas amostras limpas de milho (aproximadamente 50 g) foram moídas em moinho de facas tipo Willey (FIGURA 11-C), e enviadas ao laboratório da EMBRAPA Milho e Sorgo de Sete Lagoas/MG para avaliação do teor de proteína (%) por espectroscopia de reflectância no infravermelho próximo (NIRS – *Near Infrared Spectroscopy*). O laboratório dispõe de modelos já ajustados e calibrados para a cultura do milho (SIMEONE et al., 2018).

### 3.3 Análises dos dados

Os dados das avaliações com os híbridos foram submetidos à análise utilizando a abordagem via modelos mistos, sendo a estimativa dos componentes de variância estimada pelo método da máxima verossimilhança residual (REML – *Restricted Maximum Likelihood*), e a significância dos componentes de variância verificada pelo teste da razão de verossimilhança (LRT – *Likelihood Ratio Test*) para os efeitos aleatórios.

Foi utilizada a estimativa da variância pelo método dos quadrados mínimos e a significância pelo teste de Wald para os efeitos fixos (locais e blocos/repetições).

As análises foram realizadas utilizando o pacote ASReml-R 4.0 (BUTLER, 2009) via software R v.3.6.2 (R CORE TEAM, 2019), com base em dois modelos principais: modelo de seleção de híbridos para prever e selecionar os híbridos promissores com base em seus valores genotípicos – BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor* – Melhor Preditor Não Viesado) e o modelo dialélico para prever as capacidades de combinação.

A modelagem da matriz de covariância residual foi realizada para os modelos das análises conjuntas, equações (4) e (6), obtida via critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC) após verificação do melhor ajuste, utilizando o LRT para escolha da melhor estrutura para matriz residual.

### 3.3.1 Seleção de híbridos

Os BLUP's dos híbridos foram obtidos pela análise conjunta dos dados utilizando o seguinte modelo (4):

$$Y = \mu 1 + X_1 l + X_2 \beta + Z_1 g + Z_2 w + \varepsilon \quad (4)$$

Em que,  $Y$  é o vetor das observações fenotípicas;  $\mu$  é a média geral;  $l$  e  $\beta$  são os vetores dos efeitos fixos de locais e blocos, respectivamente;  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos assumidos como aleatório;  $w$  é o vetor dos efeitos da interação genótipo por ambientes assumidos como aleatório;  $\varepsilon$  é a variação aleatória/resíduo/erro experimental; e  $X$  e  $Z$  representam a matriz de incidência dos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente.

Para melhor predição na seleção, foram estimadas as herdabilidades generalizadas de Cullis et al. (2006), com o seguinte estimador (5):

$$H_{Cullis}^2 = 1 - \left( \frac{PEM.mu}{2} \cdot \sigma_g^2 \right) \quad (5)$$

Em que,  $PEM.mu$  é a variância do erro de predição entre os pares de genótipos para o caráter e  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica.

### 3.3.2 Capacidade de combinação

No intuito de fornecer estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) mais acuradas, adotou-se o seguinte modelo dialélico na análise conjunta (6), que considera todos os genótipos dentro de um mesmo grupo (média de pai/macho e mãe/fêmea) (BALESTRE; VON PINHO; SOUZA, 2010):

$$Y = \mu 1 + X_1 l + X_2 \beta + Z_1 g + Z_2 s + Z_3 (ga) + Z_4 (sa) + \varepsilon \quad (6)$$

Em que,  $Y$  é o vetor de observações;  $\mu$  é a média geral;  $l$  e  $\beta$  são os vetores dos efeitos fixos de locais e blocos, respectivamente;  $g$  e  $s$  são os vetores dos efeitos da aleatórios da capacidade geral e específica de combinação, respectivamente;  $ga$  e  $sa$  são os vetores dos efeitos aleatórios das interações entre capacidade geral e específica de combinação com o ambiente; e  $X$  e  $Z$  representam as matrizes de efeitos fixos e aleatórios, respectivamente.

Na análise conjunta, do modelo da capacidade de combinação, para a determinação da variação aditiva ( $\sigma_A^2$ ), dominante ( $\sigma_D^2$ ), aditiva da interação ( $\sigma_{A G X E}^2$ ) e dominante da interação ( $\sigma_{D G X E}^2$ ), foram usados os seguintes estimadores:  $\sigma_A^2 = 4 \sigma_{CGC}^2$ ;  $\sigma_D^2 = 4 \sigma_{CEC}^2$ ;  $\sigma_{A G X E}^2 = 4 \sigma_{CGC X E}^2$  e  $\sigma_{D G X E}^2 = 4 \sigma_{CEC X E}^2$ .

A herdabilidade no sentido restrito ( $h_r^2$ ) na análise conjunta, no modelo da capacidade de combinação, foi estimada da seguinte forma (7):

$$h_r^2 = \frac{4 \sigma_g^2}{(4 \sigma_g^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{(ga)}^2 + \sigma_{(sa)}^2 + \sigma_\varepsilon^2)} \quad (7)$$

Em que,  $\sigma_g^2$  é a variância genotípica;  $\sigma_s^2$  é a variância da CEC;  $\sigma_{(ga)}^2$  é a variância da CGC com os locais;  $\sigma_{(sa)}^2$  é a variância da CEC com os locais; e  $\sigma_\varepsilon^2$  é a variância residual ou média das variâncias residuais dos dois ambientes nos modelos.

Para a determinação da acurácia ( $r_{gg'}$ ), que se refere à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do genótipo com aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos, utilizou-se as seguintes expressões (8):

$$r_{gg'} = \sqrt{H_{Cullis}^2} \text{ e } r_{gg'} = \sqrt{h_r^2} \quad (8)$$

Para a seleção dos efeitos significativos da CGC e CEC, utilizou-se o BLUP studentizado (t-BLUP) (9):

$$t - BLUP = \frac{BLUP}{\text{erro padrão}} \quad (9)$$

Em que o teste t de Student verifica a significância do valor BLUP em relação ao erro padrão associado de cada estimativa a 5% de probabilidade (YAN et al., 2002). Para melhor visualização da significância, foram geradas figuras do t-BLUP com o pacote ggplot2 do R.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Seleção de genitores e híbridos

Na matriz R, a estrutura de matriz diagonal, que considera a variância heterogênea para os locais, proporcionou o menor critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC) para a maioria das características da análise conjunta, exceto para as variáveis identificação (IDEN) e teor de proteína (PROT), que demonstraram melhor ajuste (valores próximos de zero) no modelo com homogeneidade de variância (TABELA 1). O REML é o método mais indicado para situações de desbalanceamento e para situações de heterogeneidade de variância (BERNARDO, 2010).

Tabela 1 - Critério de informação Bayesiano (BIC) para diferentes estruturas de matriz de covariância residual no modelo de seleção dos híbridos experimentais com as testemunhas.

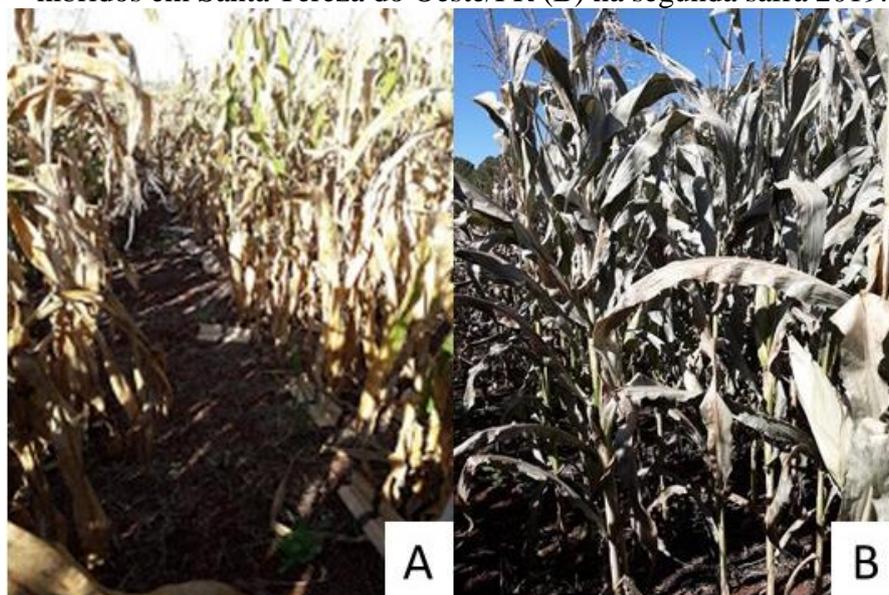
	DD	PROD	TA	IT	IDEN	FF	PROT
R Homogêneo	2235,8	3059,93	1246,06	1399,26	-40,5	694,02	-67,55
R Diagonal	2231,14	3027,06	1231,03	1362,84	-37,37	688,16	-65,33
P valor	0*	0*	0*	0*	0,07	0*	0,04*

\* - valor significativo pelo LRT a 5% de probabilidade; DD = *dry down* (em área); PROD = produtividade (kg ha<sup>-1</sup>); TA = total de avarias (%); IT = índice de trincas; IDEN = identificação (escala); FF = frações finas (%) e PROT = proteína (%).

Fonte: Do autor (2021).

Possivelmente as condições de estresse abiótico com efeito verânico (período de estiagem, acompanhado por calor intenso, forte insolação e baixa umidade relativa do ar) no final de ciclo no ambiente Londrina/PR (FIGURA 12-A) e o efeito geada durante a fase R3/R4 no ambiente Santa Tereza do Oeste/PR (FIGURA 12-B), tenham sido os fatores responsáveis pela heterogeneidade de variância do resíduo, pois ocorreram mudanças no ranking dos genótipos e a presença de muitos *outliers* positivos (verdadeiros) nos dados. É descrito também na literatura como possíveis causas da não homogeneidade: a natureza da variável (em porcentagem), avaliações sucessivas em mesmo genótipo e a utilização de poucas repetições, característico do melhoramento genético pela diminuição de custos (MARTINEZ et al., 2011).

Figura 12 - Campos experimentais. Ensaio com híbridos em Londrina/PR (A) e ensaio com híbridos em Santa Tereza do Oeste/PR (B) na segunda safra 2019.



Fonte: Do autor (2021).

Os resultados das estimativas da variância da análise conjunta para os híbridos experimentais e as testemunhas estão apresentadas na Tabela 2. A estimativa da variância genética ( $\sigma_g^2$ ) foi significativa para todos os caracteres avaliados ( $p < 0,05$ ) pelo teste LRT, indicando existência de variabilidade genética e com isso, possibilitando a seleção de híbridos (favoráveis ou desfavoráveis) para todas as variáveis, assim como viabilizando a análise dialélica.

Tabela 2 - Estimativas da variância genotípica ( $\sigma_g^2$ ), interação genótipos  $\times$  locais ( $\sigma_w^2$ ) e resíduo ( $\sigma_\varepsilon^2$ ), estatística Wald para locais e blocos, média, acurácia ( $r_{gg'}$ ) e herdabilidade de Cullis ( $H_{Cullis}^2$ ) para caracteres agrônômicos e de qualidade industrial em grãos de milho na segunda safra/2019.

	DD	PROD	TA	IT	IDEN	FF	PROT
$\sigma_g^2$	4056,78*	112781,9*	22,06*	39,18*	1,21*	0,79*	0,19*
$\sigma_w^2$	4228,41*	0,1 <sup>ns</sup>	25,78*	29,99*	0,15*	2,45 <sup>ns</sup>	0,06*
Locais	17,91*	365,28*	12,19*	323,66*	1,71 <sup>ns</sup>	74,9*	232,24*
Blocos	3,55 <sup>ns</sup>	0,5 <sup>ns</sup>	0,94 <sup>ns</sup>	4,55 <sup>ns</sup>	5,15 <sup>ns</sup>	50,58*	2,37 <sup>ns</sup>
$\sigma_\varepsilon^2$	3847,58	413010,9	23,24	192,57	0,04	6,37	0,09
Média	861,9	1887,8	13,38	120,7	2,86	41,44	10,46
$r_{gg'}$	0,77	0,91	0,69	0,73	0,96	0,51	0,87
$H_{Cullis}^2$	0,59	0,83	0,48	0,53	0,93	0,26	0,76

\* - valores significativos; <sup>ns</sup> - valores não significativos pelo teste LRT e Wald ( $p < 0,05$ ); DD = *dry down* (em área); PROD = produtividade ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); TA = total de avarias (%); IT = índice de trincas; IDEN = identação (escala); FF = frações finas (%) e PROT = proteína (%).

Fonte: Do autor (2021).

Foi detectada significância ( $p < 0,05$ ) para as estimativas da variância da interação genótipos x locais ( $\sigma_w^2$ ) pelo teste LRT, para DD, TA, IT, IDEN e PROT, sugerindo que os híbridos se comportaram diferentemente no conjunto de ambientes estudados. Nesse sentido, os melhores híbridos em um ambiente podem ser ou não os mesmos em outro ambiente (RAMALHO et al., 2012). Devido ao efeito veranico no final de ciclo no ambiente Londrina/PR e efeito geada no ambiente Santa Tereza do Oeste/PR, essa interação era prevista. Gonçalves et al. (2002) alertam o perigo desses intemperes climáticos para a segunda safra no estado do Paraná, que geralmente fazem parte da realidade do produtor e ressaltam a importância do adiantamento do plantio como melhor alternativa de escape. Para as variáveis PROD e FF não houve significância para a interação.

O efeito dos locais também foi significativo pelo teste de Wald para DD, PROD, TA, IT, FF e PROT, indicando que os ambientes diferem entre si. Para IDEN não houve significância ( $p < 0,05$ ), mostrando que o caráter é pouco influenciado pelo ambiente.

Os efeitos de blocos não foram significativos ( $p < 0,05$ ) pelo teste de Wald para DD, PROD, TA, IT, IDEN e PROT, indicando que a casualização foi suficiente para um bom controle da variação aleatória e que o controle local (blocos), teoricamente, não seria necessário; com exceção de FF, em que houve significância das repetições.

A herdabilidade no sentido restrito (razão dos efeitos aditivos dos genes da variabilidade total) foi classificada como alta para PROD, IDEN e PROT ( $H_{Cullis}^2 > 0,7$ ) (HAULLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010), indicando que o fator genético é mais pronunciado. A alta herdabilidade de IDEN corrobora com a herdabilidade obtida em avaliação de progênies  $S_{0:1}$  de milho realizada por Almeida (2018).

A herdabilidade foi média para DD, TA e IT ( $0,3 < H_{Cullis}^2 < 0,7$ ) e baixa para FF ( $H_{Cullis}^2 < 0,3$ ) (HAULLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010), confirmando maior influência dos fatores ambientais na expressão fenotípica desses caracteres de intermediárias e baixa herdabilidade.

De forma semelhante às herdabilidades, as acurácias, que indicam a precisão experimental, também foram classificadas de baixas a muito altas para as variáveis. Houve moderada precisão experimental para TA e FF ( $0,5 \leq r_{\hat{g}_g} \leq 0,69$ ), alta precisão experimental para DD, IT e PROT ( $0,7 \leq r_{\hat{g}_g} \leq 0,89$ ) e precisão experimental muito alta para PROD e IDEN ( $0,9 \leq r_{\hat{g}_g} \leq 0,99$ ) (RESENDE; DUARTE, 2007). As moderadas e baixa herdabilidades, como também as moderadas acurácias, são reflexos da maior

complexidade desses caracteres em questão, que provavelmente sejam altamente influenciadas pelo ambiente e controladas por muitos genes.

Na Tabela 3 são apresentadas os BLUP's dos híbridos experimentais e testemunhas (híbridos comerciais), obtidos pelo modelo de seleção de híbridos, e a significância levando em consideração o erro padrão associado à estimativa BLUP pelo teste t de Student ( $p < 0,05$ ).

Tabela 3 - BLUP's dos híbridos experimentais e testemunhas dos ambientes Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR na segunda safra/2019. (continua)

Híbrido	DD	PROD	TA	IT	IDEN	FF	PROT
JM 2M60	56,21	124,92	0,77	-3,33	1,47	0,19	-0,05
DKB 230 PRO3	-159,16*	-317,45	13,11	27,82*	1,36	0,58	-0,31
P 30F31 VYHR	51,53	-96,2	5,75	-1,87	0,37	0,06	0,72*
L1xLA	42,04	-182,5	-1,58	3,82	1,12*	-0,3	-0,01
L1xLB	-14,82	-99,93	0,34	1,31	0,55	-0,7	0,32
L1xLC	23,02	239,76	-1,31	2,82	0,54	-0,47	-0,2
L1xLD	43,59	-36,9	-3,72	-2,73	-0,12	-0,98	0,34
L1xLE	29,71	353,3	-1,91	5,49	0,66	-0,59	-0,15
L1xLF	-35,08	-195,04	-2,09	1,46	-1,61*	-0,47	0,23
L1xLG	-10,31	-54,03	-1,81	3,12	-1,1	-0,38	-0,36
L1xLH	2,01	443,47*	-4,37	-0,61	-1,08	-0,65	-0,02
L2xLI	11,37	-520,51	-1,06	-1,22	-1,5	-0,03	0,76*
L2xLB	-15,65	-249,15	-1,05	-3,69	-1,44	-0,25	0,46*
L2xLC	9,69	285,26	-2,09	-1,01	-0,74	0,15	-0,17
L2xLD	82,61*	38,94	-2,33	-4,44	-0,97	-0,74	0,31
L2xLE	7,41	285,13	-0,44	-1,11	-0,8	-0,12	-0,19
L2xLF	3,79	-371,98	0,35	0,99	-0,44	-0,2	0,31
L2xLG	-0,54	-156,24	1,82	-0,26	-1,67	-0,04	-0,04
L2xLH	-31,82	-178,07	0,15	-0,06	-1,7	-0,54	0,49*
L3xLB	85,24*	221,86	0,23	-0,71	1,18	0,87	-0,03
L3xLC	97,66*	648,41	-1,72	-0,06	1,94	0,84	-0,45*
L3xLD	62,73	48,13	-3,27	-1,83	1,47	-0,08	0,03
L3xLE	87,04*	556,39	-1,38	-4,34	2,0	0,87	-0,61*
L3xLF	-1,0	596,63	-2,43	-0,26	0,91	-0,42	-0,21
L3xLG	72,46	437,64	2,31	2,62	1,01	0,66	-0,66*
L4xLA	1,1	-230,77	-1,36	-0,66	0,19	0,28	-0,03
L4xLB	-38,98	-76,98	0,49	2,46	-0,3	-0,09	0,22
L4xLC	-30,15	152,54	-1,37	-2,68	-0,16	0,2	-0,42
L4xLD	4,27	116,61	-3,77	-4,09	-0,47	-0,7	0,76*
L4xLE	-29,62	388,23	-1,7	-1,47	0,37	0,09	-0,21
L4xLF	-96,14*	-112,05	-2,24	0,14	-1,44	-0,17	0,22
L4xLG	-40,83	78,79	-1,6	-3,09	-1,17	0,09	-0,3

Tabela 3 - Médias BLUP's dos híbridos experimentais e testemunhas dos ambientes Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR na segunda safra/2019. (conclusão)

L4xLH	-68,74	-84,06	-0,48	0,25	-1,32	-0,54	0,08
L5xLA	34,41	-547,86	5,45	3,38	-0,45*	0,48	0,86*
L5xLB	-23,77	-499,95	8,23*	-1,31	-0,16	0,37	0,72*
L5xLC	3,66	-260,85	-0,21	-0,46	0,46	0,2	0,13
L5xLD	34,3	-130,48	1,0	-3,33	0,86*	0,11	0,4
L5xLE	-15,57	-183,26	4,14	-0,81	-0,25	-0,23	-0,04
L5xLF	-49,53	-327,4	8,48*	-1,11	-1,16	-0,39	0,57*
L5xLG	-30,27	-177,02	1,74	-1,27	-1,38	-0,31	-0,1
L5xLH	-42,49	-560,37	5,42	4,12	-0,57	0,2	0,5*
L6xLA	29,88	77,17	2,2	-2,98	1,22	0,71	-0,62*
L6xLB	-6,2	112,31	0,17	-2,17	1,12	0,9	-0,32
L6xLC	40,87	352,79	-2,82	-3,94	1,76	0,14	-0,44*
L6xLD	48,2	-17,05	-0,15	-3,18	1,12	0,07	-0,04
L6xLE	-2,5	196,0	-0,96	-1,77	0,03*	0,06	-0,16
L6xLF	56,87	558,87*	-2,94	-3,69	2,0*	-0,01	-0,48*
L6xLG	33,67	72,45	-0,86	-5,4	-1,11*	0,09	-0,55*
L6xLH	15,5	560,33	-1,57	-0,71	0,55	-0,24	-0,45*
L7xLA	-41,64	-374,67	1,32	1,61	0,52	-0,03	-0,19
L7xLB	-67,94	-44,15	1,63	3,57	-0,12	0,31	-0,09
L7xLC	-40,12	-74,54	-2,0	0,5	0,75	0,22	-0,18
L7xLD	10,74	-21,94	-2,28	-1,11	-0,42	-0,24	0,1
L7xLE	-16,74	44,85	-1,82	-1,11	0,36	0,5	-0,31
L7xLF	-63,02	-291,51	-1,99	4,72	-0,86	-0,21	0,13
L7xLG	-65,25	-396,82	-0,18	4,68	-1,03	0,9	-0,28
L7xLH	-43,7	-121,04	-2,23	-0,97	-0,4	-0,03	-0,02
Máximo	97,66	-560,37	13,11	27,82	2,0	0,9	0,86
Mínimo	-159,16	648,41	-4,37	-5,4	-1,7	-0,98	-0,66

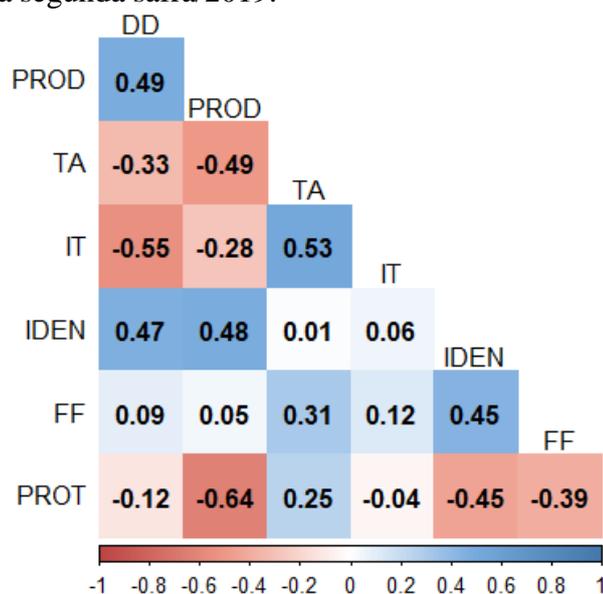
\* - valor significativo pelo teste t a 5% de probabilidade. DD = *dry down* (em área); PROD = produtividade (kg ha<sup>-1</sup>); TA = total de avarias (%); IT = índice de trincas; IDEN = identificação (escala); FF = frações finas (%) e PROT = proteína (%).

Fonte: Do autor (2021).

A média para DD foi de 861,9% de área da perda de água (TABELA 2) e o híbrido L4xLF se destacou com efeito de reduzir a área da perda de umidade em até -96,14%, indicando heterose para o carácter, sendo o que mais se aproximou da testemunha DKB 230 PRO3, que apresentou BLUP estimado de -159,16%. Demais híbridos significativos foram L2xLD, L3xLB, L3xLC e L3xLE, porém no sentido de aumentar o período de secagem natural a campo (TABELA 3). As correlações genéticas destacadas com o carácter foram de 0,49 (DD-PROD), 0,47 (DD-IDEN) e -0,55 (DD-IT) (FIGURA 13). Embora classificada como fracas ( $0,1 \leq r < 0,5$ ) e moderada ( $-0,8 \geq r > -0,5$ ), as associações positivas indicam que genótipos com lenta taxa de secagem tendem as maiores produtividades e serem de textura *dent*, apresentando diminuição de trincas (associação negativa), mantendo a qualidade, porém, a magnitude intermediária das

correlações sugere a possibilidade de obter-se híbridos com acentuado *dry down* e produtivos, em ambos sentidos de textura.

Figura 13 - Correlações genéticas de Pearson entre BLUP's dos híbridos para *dry down* (DD), produtividade (PROD), total de avarias (TA), índice de trincas (IT), identificação (IDEN), frações finas (FF) e teor de proteína (PROT) dos híbridos experimentais e testemunhas nos ambientes Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR na segunda safra/2019.



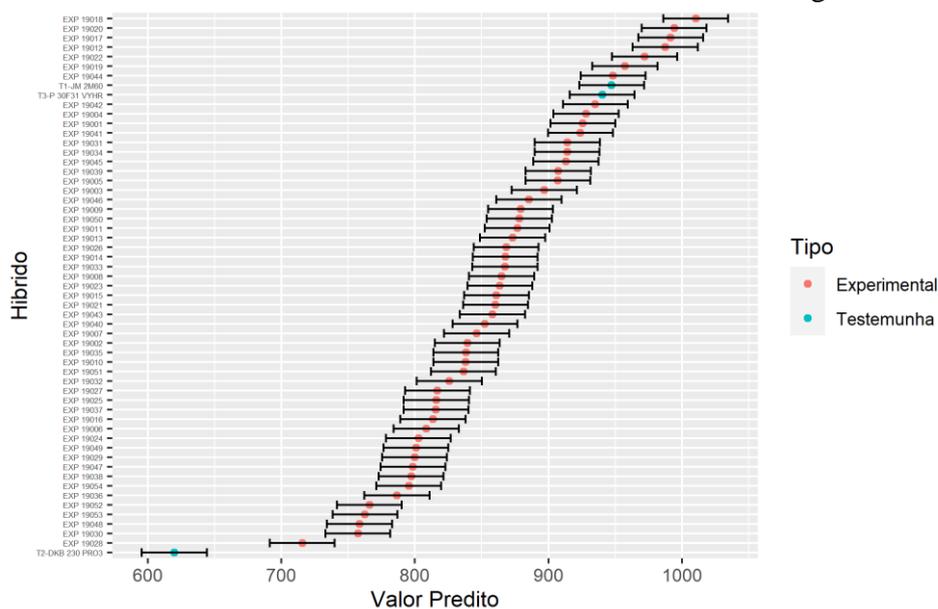
Fonte: Do autor (2021).

Os valores preditos para o caráter variaram entre 619,8% a 1010,45% (FIGURA 14), com poucos híbridos com *dry down* inferior a 800% e predominância de híbridos entre 800% a 1000% de área da perda de água.

A média de produtividade dos híbridos foi de 1887,8 kg ha<sup>-1</sup> (TABELA 2), e considerada baixa por estar distante da média estadual, que em mesmo período foi de 5012,0 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2021). No ambiente Santa Tereza do Oeste/PR, o plantio do ensaio ocorreu na segunda semana do mês de março (fora da janela ideal) e houve geada na primeira semana de julho, justificando o baixo rendimento. Os BLUP se distribuíram na faixa de -560,37 a 648,41 kg ha<sup>-1</sup> e dois híbridos, L1xLH e L6xLF, foram significativos pelo teste t de Student (p<0,05), com habilidade de aumentar a média em até 558,87 kg ha<sup>-1</sup> (TABELA 3). As correlações genéticas destacadas com o caráter foram de -0,49 (PROD-TA), 0,48 (PROD-IDEN) e -0,64 (PROD-PROT) (FIGURA 13). A associação negativa entre produtividade e total de avarias e positiva com identificação, mesmo sendo fracas (0,1≤r<0,5) são interessantes ao melhoramento, pois híbridos mais produtivos tendem a apresentar as menores avarias e serem de textura *dent*. Já a moderada correlação

negativa com o teor de proteína ( $-0,8 \geq r > -0,5$ ) evidencia a dificuldade de aumentar o teor de proteína nos híbridos de milho comerciais. Os valores preditos da PROD variaram de 1327,4 a 2536,2 kg ha<sup>-1</sup> (FIGURA 15), com cerca de 1/3 de híbridos experimentais do programa de melhoramento genético do IDR-Paraná à frente da melhor testemunha (JM 2M60), mostrando o potencial desses genótipos e a possibilidade de seu emprego em novas populações de melhoramento.

Figura 14 - Valores preditos para *dry down* dos híbridos experimentais e testemunhas nos ambientes Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR na segunda safra/2019.



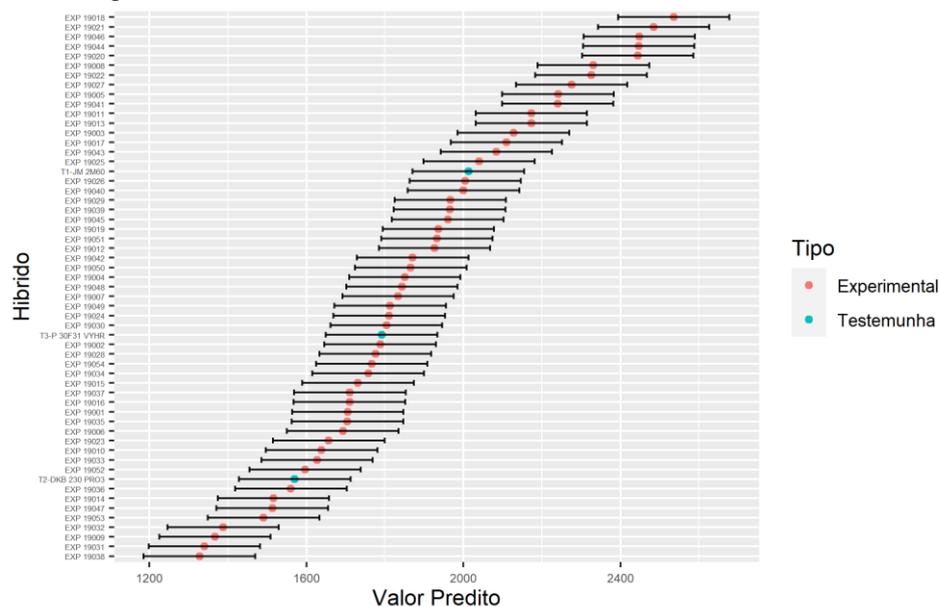
As linhas pretas na horizontal representam os intervalos de confiança dos valores preditos.

Fonte: Do autor (2021).

O efeito veranico em Londrina e geadas no ambiente Santa Tereza do Oeste, caracterizou forte influência ambiental para TA, e a média foi de 13,37% de avarias (TABELA 2), com apenas 86,63% de grãos normais. Se fosse realizada a classificação quanto ao tipo, a maioria das amostras teriam se enquadrado nos tipos 2, 3 e fora do tipo. Houve diferenças significativas de médias BLUP's para os híbridos L5xLB e L5xLF (TABELA 3), porém ambas no sentido de aumentar o percentual de avarias, o que não é interessante para nenhum segmento da cadeia do milho, seja na produção de grãos e/ou qualidade industrial. Das correlações genéticas, destacou-se a associação moderadamente positiva ( $0,5 \leq r < 0,8$ ) de 0,53 entre TA-IT (FIGURA 13), que pode ser justificada devido à inclusão de grão quebrados no total de avarias. A distribuição dos valores preditos para o total de avarias variaram entre 6,45% a 34,14%. Houve um pequeno grupo de híbridos com total de avarias inferior a 10%, e uma concentração maior de genótipos na faixa de

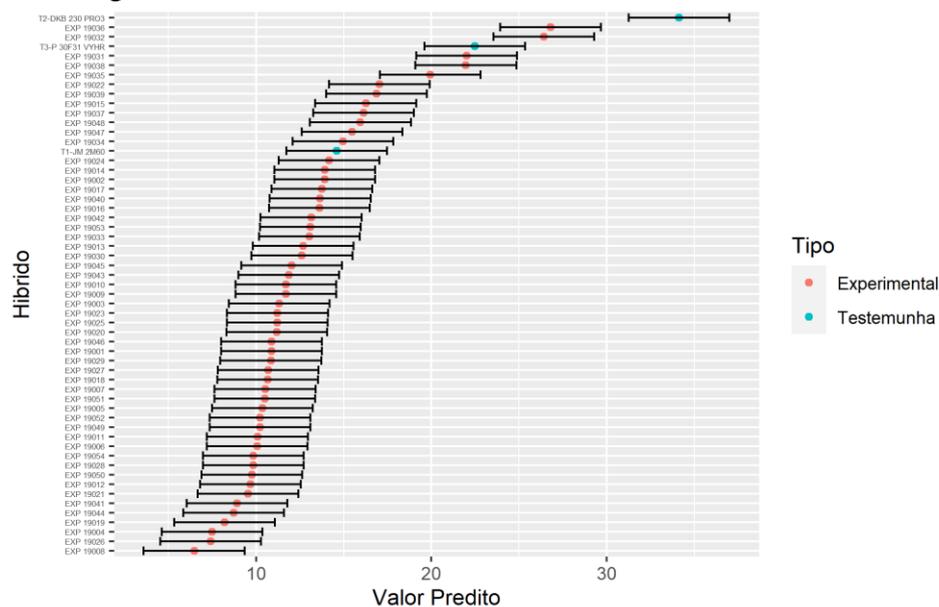
10% a 15%, com superioridade da maioria dos híbridos experimentais do programa de melhoramento genético do IDR-Paraná frente às testemunhas comerciais (FIGURA 16).

Figura 15 - Valores preditos para o peso de mil grãos dos híbridos experimentais e testemunhas nos ambientes Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR na segunda safra/2019.



As linhas pretas na horizontal representam os intervalos de confiança dos valores preditos.  
Fonte: Do autor (2021).

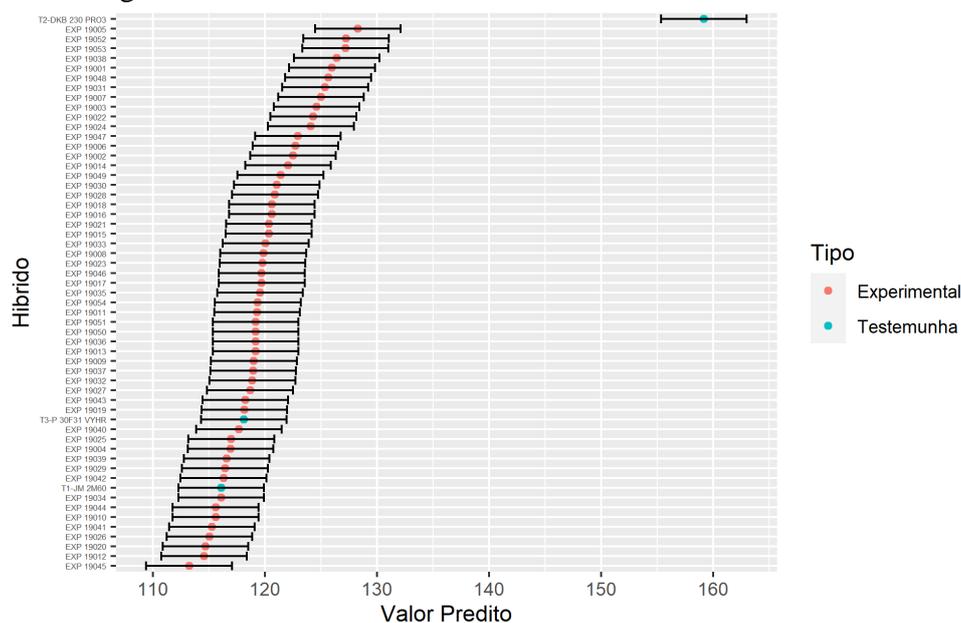
Figura 16 - Valores preditos para o total de avarias dos híbridos experimentais e testemunhas nos ambientes Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR na segunda safra/2019.



As linhas pretas na horizontal representam os intervalos de confiança dos valores preditos.  
Fonte: Do autor (2021).

Em média, os genótipos tiveram índice de trincas de 120,69 (em que 100 corresponde a nenhuma trinca) (TABELA 2). Para o IT ocorreu significância do BLUP para a testemunha DKB 230 PRO3, com favorecimento das trincas em 27,82 (TABELA 3), que pode estar atrelado a sua média fenotípica de indentação de 4,29, indicando que a textura *dent* que apresenta maior predomínio de amido farináceo (mole), pode, a princípio, ser mais suscetível a trincas e quebras (DUARTE et al., 2007). O mercado comercial desse genótipo é amplo no estado do Paraná devido seu diferencial em *dry down* (DEKALB, 2020), e o produtor pode obter menores percentuais de trincas com correto ajuste da umidade de colheita, velocidade de colhedora, trilha e rotação do cilindro e abertura do côncavo, minimizando o impacto nos grãos (MANTOVANI et al., 2015). A distribuição dos valores preditos ocorreram de 113,22 a 159,16 (FIGURA 17), com predominância da metade dos genótipos com até 120 de índice de trincas .

Figura 17 - Valores preditos para o índice de trincas dos híbridos experimentais e testemunhas nos ambientes Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR na segunda safra/2019.



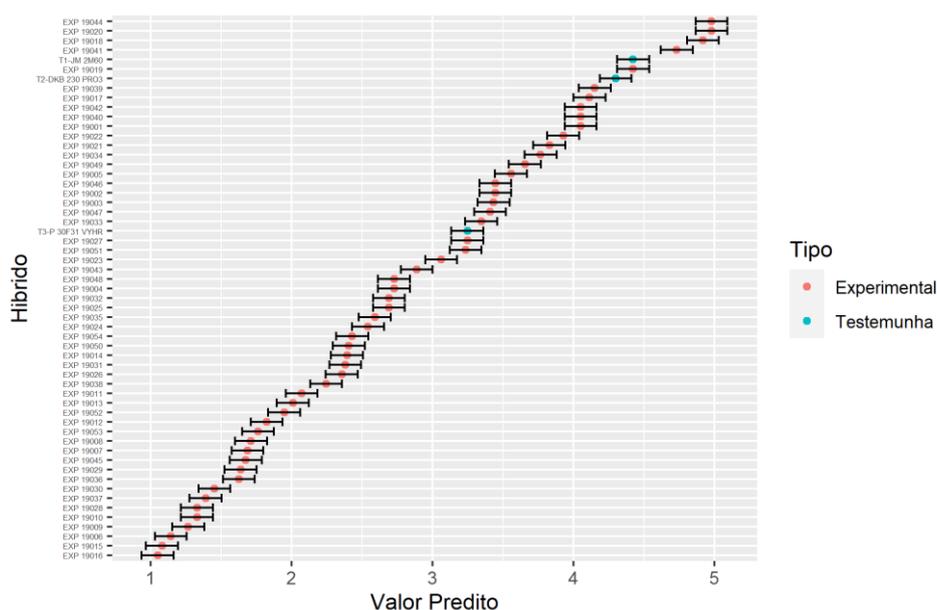
As linhas pretas na horizontal representam os intervalos de confiança dos valores preditos.

Fonte: Do autor (2021).

Para IDEN, a média genotípica foi de 2,86 (TABELA 2), havendo um maior número de casos significativos de híbridos, confirmando que a variável é de fácil avaliação e auxilia o melhoramento (DAVIDE et al., 2011). Os BLUP's positivos (TABELA 3) ocorreram para os híbridos L1xLA, L5xLD, L6xLE e L6xLF, e podem ser selecionados para texturas do tipo *dent*, que provavelmente favorecerá a qualidade de

rações de suínos e silagem a ruminantes. Já os BLUP's negativos ocorreram para os híbridos L1xLF, L5xLA e L6xLG, e podem ser selecionados para texturas do tipo *flint*, podendo favorecer a qualidade de rações de aves. Embora seja fraca ( $0,1 \leq r < 0,5$ ), a correlação genética de 0,45 (IDEN-FF) (FIGURA 13) é de interesse ao melhoramento visando qualidade de rações, pois indica melhor porcentagem de frações finas através da identificação. Os valores preditos variaram de 1,05 a 4,97 e com boa distribuição para todas as classes de texturas (FIGURA 18).

Figura 18 - Valores preditos para identificação dos híbridos experimentais e testemunhas nos ambientes Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR na segunda safra/2019.

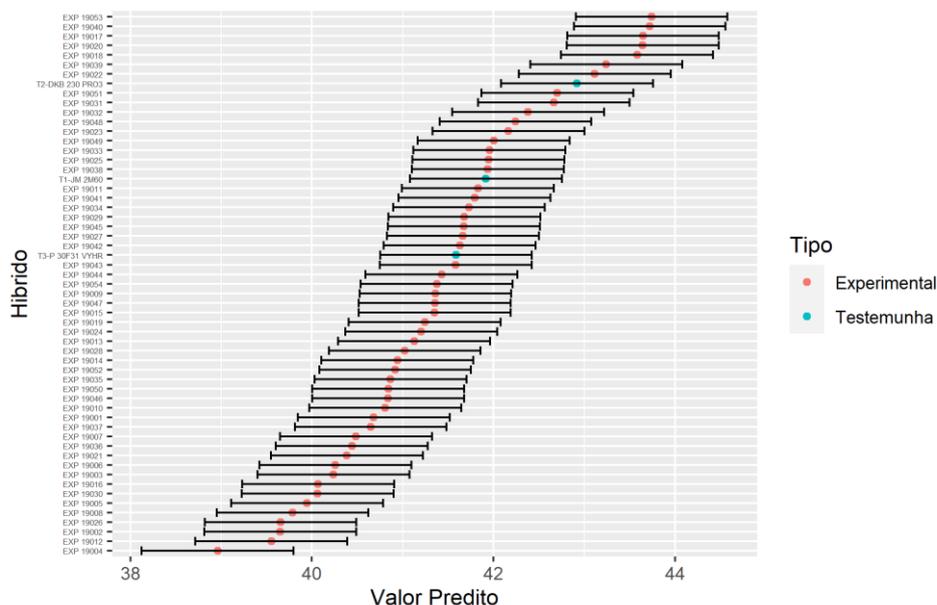


As linhas pretas na horizontal representam os intervalos de confiança dos valores preditos.  
Fonte: Do autor (2021).

Ainda que tenha sido significativa a variância genotípica para frações finas (<0,5 mm) (TABELA 2) e ocorrido médias BLUP's entre -0,98 a 0,9% (TABELA 3), nenhum híbrido foi significativo em relação a seu erro de predição pelo teste t de Student ( $p < 0,05$ ). A variável (granulometria) é considerada como inovadora no melhoramento de plantas para selecionar híbridos de melhor qualidade de rações, e como o germoplasma nunca foi avaliado nesse sentido, ocorreu a  $H_0$  (hipótese nula). Houve fraca correlação negativa ( $-0,5 \geq r > -0,1$ ) de -0,39 (FF-PROT) (FIGURA 13), demonstrando que a seleção para frações finas aliada ao maior teor de proteína é dificultada no melhoramento genético de milho.

A média dos híbridos foi de 41,44%, e a distribuição dos valores genéticos preditos ocorreu entre 38,96 a 43,74% (FIGURA 19). Um menor grupo de híbridos ficou com médias inferiores a 40% ou superior a 43% de frações finas, com predominância de genótipos na faixa de 40,1 a 43%.

Figura 19 - Valores preditos para frações finas dos híbridos experimentais e testemunhas nos ambientes Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR na segunda safra/2019.



As linhas pretas na horizontal representam os intervalos de confiança dos valores preditos.

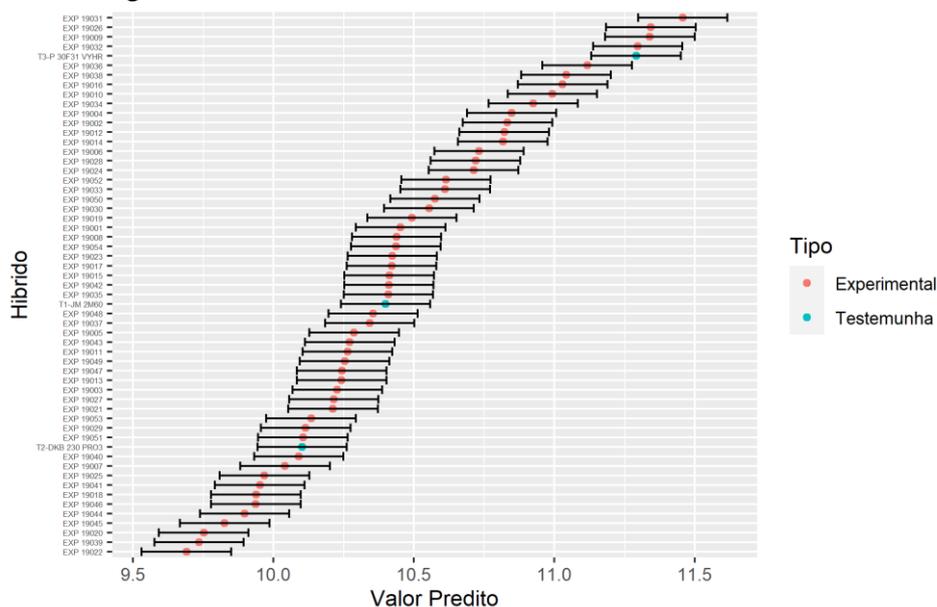
Fonte: Do autor (2021).

Mesmo que a amplitude da variação das frações finas tenha sido de apenas 4,78%, é complexo identificar se essa reduzida variação não deva ser considerada com cautela. Como apresentado no Simpósio Internacional Associação Catarinense de Avicultura – Embrapa Suínos e Aves (1999), no caso da ração aos suínos, o uso de partículas com DGM compreendido entre 500 e 650 micrômetros propicia economia mínima de 20 kg de ração por suíno terminado e mediante valorização da saca de milho e soja, torna-se um custo significativo ao suinocultor. Um ideótipo de milho que garanta a economia de 20 kg de ração por suíno terminado, e/ou algo proporcional em aves, tende a apresentar elevada aceitação no mercado sementeiro, representando grande avanço no melhoramento genético para a qualidade que atenda a indústria moageira.

Comportamento similar a IDEN ocorre para PROT, com maior quantidade de híbridos significativos para o teor de proteína nos grãos (TABELA 3). Em média, os híbridos apresentaram 10,45% de proteína (TABELA, 2), sendo esse valor semelhante ao

obtido fenotipicamente por outros autores (GONÇALVES et al., 2003; CARENA; DONG, 2017). Destacaram-se com BLUP's positivos (TABELA 3) os híbridos P 30F31 VYHR, L2xLI, L2xLB, L2xLH, L4xLD, L5xLA, L5xLB, L5xLF e L5xLH, revelando o potencial dessas combinações híbridas para o desenvolvimento de novos genótipos de maior teor de proteína, melhorando a qualidade nutricional das rações de suínos e aves e silagem a ruminantes. Os BLUP's negativos ocorridos não são interessantes para nenhuma cadeia do milho, e o uso desses genótipos deve ser evitado. Os valores genéticos preditos obtidos variaram de 9,69 a 11,45%. O destaque em média ocorreu para oito híbridos (sete experimentais do IDR-Paraná e uma testemunha), que apresentaram médias acima de 11%, e são considerados interessantes para a seleção de milhos com maior teor de proteína (FIGURA 20).

Figura 20 - Valores preditos para o teor de proteína dos híbridos experimentais e testemunhas nos ambientes Londrina/PR e Santa Tereza do Oeste/PR na segunda safra/2019.



As linhas pretas na horizontal representam os intervalos de confiança dos valores preditos.

Fonte: Do autor (2021).

Após o término da análise de competição dos híbridos experimentais frente às testemunhas, a análise dialélica foi realizada. Esta análise teve como objetivo detalhar a variabilidade genética nos seus componentes de CGC e CEC para a seleção de genitores e quando presentes, seleção de híbridos superiores.

## 4.2 Análise dialélica

Na matriz R, a estrutura de matriz diagonal, que considera a variância heterogênea para os locais, proporcionou o menor critério de informação Bayesiano de Schwarz (BIC) para a maioria das características da análise conjunta, exceto para as variáveis identificação (IDEN) e teor de proteína (PROT), que demonstraram melhor ajuste (valores próximos de zero) no modelo com homogeneidade de variância (TABELA 4).

Tabela 4 - Critério de informação Bayesiano (BIC) para diferentes estruturas de matriz de covariância residual no modelo de seleção dos híbridos experimentais.

	DD	PROD	TA	IT	IDEN	FF	PROT
R Homogêneo	2029,3	2815,61	1119,83	1271,36	-98,23	642,3	-108,6
R Diagonal	2027,2	2787,08	1070,1	1148,4	-95,94	626,72	-103,42
P valor	0*	0*	0*	0*	0,04*	0*	0,34

\* - valor significativo pelo LRT a 5% de probabilidade; DD = *dry down* (em área); PROD = produtividade (kg ha<sup>-1</sup>); TA = total de avarias (%); IT = índice de trincas; IDEN = identificação (escala); FF = frações finas (%) e PROT = proteína (%).

Fonte: Do autor (2021).

Os resultados da análise dialélica conjunta estão apresentados na Tabela 5. Para a estimativa da variância da CGC ( $\sigma_g^2$ ), houve significância dos caracteres PROD, TA, IDEN e PROT, e para a estimativa da variância da CEC ( $\sigma_s^2$ ), ocorreu significância apenas para o PROD e IDEN. O fato de o teste LRT ser significativo para alguns dos caracteres avaliados é importante, pois indica a existência de variabilidade genética, que é fundamental para se realizar a seleção. Além disso, a significância das estimativas da variância de CGC e CEC indicam a atuação de efeitos aditivos e não aditivos, sendo que as combinações com os efeitos mais favoráveis de CEC podem gerar pelo menos um híbrido com maior heterose (favorável ou desfavorável) para os caracteres em questão.

Para a maioria dos caracteres avaliados, houve maior proporção das estimativas da variância com a interação dos locais, e pode ser explicado como uma resposta natural aos efeitos veranico e geadas nos ambientes (FIGURA 13). Para a estimativa da variância da CGCxLocais ( $\sigma_{ga}^2$ ) pelo teste LRT, houve significância para DD, PROD, IDEN, FF e PROT. Já para as estimativas da variância da CECxLocais ( $\sigma_{sa}^2$ ), também pelo teste LRT destacaram-se a 5% de probabilidade DD, TA, IDEN e FF.

Os efeitos dos locais foram significativos pelo teste de Wald para DD, PROD, TA, IT, FF e PROT, indicando que os ambientes diferem entre si. Para IDEN novamente não houve significância ( $p < 0,05$ ), mostrando que o caráter é pouco influenciado pelo

ambiente. Apenas o caráter FF teve significância para o efeito de blocos pelo teste de Wald, indicando maior efeito da variação aleatória e a necessidade do delineamento em blocos casualizados para essa variável.

Tabela 5 - Estimativas da variância da análise conjunta da CGC ( $\sigma_g^2$ ), CEC ( $\sigma_s^2$ ), interação da CGC com os locais ( $\sigma_{ga}^2$ ), interação da CEC com os locais ( $\sigma_{sa}^2$ ) e resíduo ( $\sigma_\varepsilon^2$ ), estatística Wald para locais e blocos, média, herdabilidade no sentido restrito ( $h_r^2$ ) e acurácia ( $r_{gg'}$ ) para caracteres agrônômicos e de qualidade industrial em grãos de milho na segunda safra/2019.

	DD		PROD		TA		IT	
	$\sigma^2$	LRT/Wald	$\sigma^2$	LRT/Wald	$\sigma^2$	LRT/Wald	$\sigma^2$	LRT/Wald
$\sigma_g^2$	1510,46 <sup>ns</sup>	0,08	75188,05*	0,01	8,33*	0,02	1,48 <sup>ns</sup>	0,1
$\sigma_s^2$	170,5 <sup>ns</sup>	0,32	31346,14*	0	0 <sup>ns</sup>	0,5	2,95 <sup>ns</sup>	0,31
$\sigma_{ga}^2$	2122,2*	0	51200,16*	0	3,35 <sup>ns</sup>	0,08	0 <sup>ns</sup>	0,5
$\sigma_{sa}^2$	1022,87*	0,01	0,04 <sup>ns</sup>	0,5	12,18*	0	1,36 <sup>ns</sup>	0,41
Locais	4,23*	0,04	53,88*	0	4,4*	0,04	402,94*	0
Blocos	2,91 <sup>ns</sup>	0,23	1,61 <sup>ns</sup>	0,45	0,25 <sup>ns</sup>	0,88	3,96 <sup>ns</sup>	0,14
$\sigma_\varepsilon^2$	3416,69		205966,4		10,23		257,7	
Média	836,35		1893,1		12,8		120,1	
$h_r^2$	0,51		0,59		0,36		0,04	
$r_{gg'}$	0,71		0,77		0,6		0,2	

	IDEN		FF		PROT	
	$\sigma^2$	LRT/Wald	$\sigma^2$	LRT/Wald	$\sigma^2$	LRT/Wald
$\sigma_g^2$	0,52*	0	0,53 <sup>ns</sup>	0,18	0,1*	0
$\sigma_s^2$	0,3*	0	0 <sup>ns</sup>	0,5	0,02 <sup>ns</sup>	0,07
$\sigma_{ga}^2$	0,04*	0	1*	0	0,02*	0
$\sigma_{sa}^2$	0,03*	0	0,81*	0,04	0,03 <sup>ns</sup>	0,07
Locais	0,24 <sup>ns</sup>	0,62	16,56*	0	64,24*	0
Blocos	5,37 <sup>ns</sup>	0,07	47,15*	0	2,41 <sup>ns</sup>	0,3
$\sigma_\varepsilon^2$	0,04		6,92		0,1	
Média	2,79		41,4		10,45	
$h_r^2$	0,83		0,25		0,69	
$r_{gg'}$	0,91		0,5		0,83	

\* - valores significativos; <sup>ns</sup> - valores não significativos pelo teste LRT e Wald ( $p < 0,05$ ); DD = *dry down* (em área); PROD = produtividade ( $\text{kg ha}^{-1}$ ); TA = total de avarias (%); IT = índice de trincas; IDEN = identificação (escala); FF = frações finas (%) e PROT = proteína (%).

Fonte: Do autor (2021).

As herdabilidades no sentido restrito (razão dos efeitos aditivos dos genes da variabilidade total) foram classificadas como baixas para IT e FF ( $h_r^2 < 0,3$ ) e moderadas para DD, PROD, TA e PROT ( $0,3 < h_r^2 < 0,7$ ) confirmando maior influência dos fatores ambientais na expressão fenotípica desses caracteres; e classificada como alta para IDEN ( $h_r^2 > 0,7$ ), em que o fator genético é mais pronunciado (HAULLAUER; CARENA;

MIRANDA FILHO, 2010). No melhoramento de milho ceroso - com maior teor de amilopectina, Edy et al. (2020) também obtiveram herdabilidade moderada ( $h^2= 0,53$ ) para o teor de proteína dos grãos.

De forma semelhante com às herdabilidades, as acurácias também foram classificadas de baixas a altas para os caracteres, indicando a precisão experimental. Houve baixa precisão experimental para IT ( $r_{\hat{g}g'} \leq 0,49$ ), moderada precisão experimental para TA e FF ( $0,5 \leq r_{\hat{g}g'} \leq 0,69$ ), alta precisão experimental para DD, PROD e PROT ( $0,7 \leq r_{\hat{g}g'} \leq 0,89$ ) e precisão experimental muito alta para IDEN ( $0,9 \leq r_{\hat{g}g'} \leq 0,99$ ) (RESENDE; DUARTE, 2007). Acurácia similar de 0,76 para PROD foi observada por Gloria (2020) na avaliação de híbridos de milho de um programa de seleção recorrente recíproca na segunda safra.

Na Tabela 6, são apresentadas as estimativas da variância aditiva, dominante e suas interações com os locais.

Tabela 6 - Estimativas da variância aditiva ( $\sigma_A^2$ ), dominante ( $\sigma_D^2$ ), aditiva da interação ( $\sigma_{A \times G \times E}^2$ ), dominante da interação ( $\sigma_{D \times G \times E}^2$ ) para caracteres agrônômicos e de qualidade industrial em grãos de milho na segunda safra/2019.

Caracteres	$\sigma_A^2$	$\sigma_D^2$	$\sigma_{A \times G \times E}^2$	$\sigma_{D \times G \times E}^2$
<i>Dry down</i> (DD)	6041,86	682,0	8488,81	4091,49
Produtividade (PROD)	300752,2	125384,6	204800,6	0,16
Total de avarias (TA)	33,31	0	13,4	48,71
Índice de trincas (IT)	5,91	11,8	0	5,46
Identação (IDEN)	2,09	1,2	0,15	0,11
Frações finas (FF)	2,11	0	4,01	3,24
Proteína (PROT)	0,38	0,1	0,1	0,1

Fonte: Do autor (2021).

A variação aditiva (exceção do IT), e sua interação com os ambientes (exceção de TA e PROT), apresentou magnitude superior, indicando a importância do melhoramento *per se* das linhagens (população) na formação de híbridos visando *dry down*, produtividade, total de avarias, identação, frações finas e proteína, o que enaltece os esforços do melhoramento genético clássico realizado pelas instituições públicas do Brasil, acumulando genes favoráveis para os caracteres em questão.

Na Tabela 7 e Figura 21 são apresentadas os BLUP da CGC da análise conjunta, levando em consideração o erro padrão associado à estimativa BLUP pelo teste t de Student ( $p < 0,05$ ).

O genitor L3 destacou-se significativamente para DD, porém no sentido de alongar a permanência no campo durante a secagem, mas, foi destaque em PROD, com capacidade de aumentar a produção em até 437,57 kg ha<sup>-1</sup>.

Tabela 7 - BLUP's da CGC na análise conjunta na segunda safra/2019.

Parental	DD	PROD	TA	IT	IDEN	FF	PROT
L1	6,7 <sup>ns</sup>	50,39 <sup>ns</sup>	-2,51 <sup>ns</sup>	1,13 <sup>ns</sup>	-0,11 <sup>ns</sup>	-0,94 <sup>ns</sup>	0,04 <sup>ns</sup>
L2	5,15 <sup>ns</sup>	-149,1 <sup>ns</sup>	-0,08 <sup>ns</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	-1,14*	-0,37 <sup>ns</sup>	0,26 <sup>ns</sup>
L3	61,42*	437,57*	-0,72 <sup>ns</sup>	-0,16 <sup>ns</sup>	1,36*	0,74 <sup>ns</sup>	-0,3 <sup>ns</sup>
L4	-38,39 <sup>ns</sup>	-15,24 <sup>ns</sup>	-1,69 <sup>ns</sup>	-0,25 <sup>ns</sup>	-0,5 <sup>ns</sup>	-0,16 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>
L5	-16,24 <sup>ns</sup>	-349,04*	6,68*	-0,19 <sup>ns</sup>	-0,3 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	0,43*
L6	22,37 <sup>ns</sup>	193,96 <sup>ns</sup>	-0,79 <sup>ns</sup>	-1,72 <sup>ns</sup>	0,82*	0,38 <sup>ns</sup>	-0,4*
L7	-41,3 <sup>ns</sup>	-168,55 <sup>ns</sup>	-0,89 <sup>ns</sup>	1,12 <sup>ns</sup>	-0,13 <sup>ns</sup>	0,33 <sup>ns</sup>	-0,09 <sup>ns</sup>
LA	19,74 <sup>ns</sup>	-236,23 <sup>ns</sup>	1,98 <sup>ns</sup>	-0,18 <sup>ns</sup>	0,56 <sup>ns</sup>	0,36 <sup>ns</sup>	-0,03 <sup>ns</sup>
LB	-14,1 <sup>ns</sup>	-198,58 <sup>ns</sup>	2,64 <sup>ns</sup>	-0,16 <sup>ns</sup>	0,16 <sup>ns</sup>	0,31 <sup>ns</sup>	0,17 <sup>ns</sup>
LC	10,63 <sup>ns</sup>	254,98 <sup>ns</sup>	-1,81 <sup>ns</sup>	-0,22 <sup>ns</sup>	0,66*	0,27 <sup>ns</sup>	-0,29 <sup>ns</sup>
LD	36,4 <sup>ns</sup>	186,21 <sup>ns</sup>	-2,45 <sup>ns</sup>	-1,19 <sup>ns</sup>	0,24 <sup>ns</sup>	-0,59 <sup>ns</sup>	0,27 <sup>ns</sup>
LE	5,35 <sup>ns</sup>	240,07 <sup>ns</sup>	-0,29 <sup>ns</sup>	-0,58 <sup>ns</sup>	0,36 <sup>ns</sup>	0,14 <sup>ns</sup>	-0,28 <sup>ns</sup>
LF	-30,83 <sup>ns</sup>	-0,23 <sup>ns</sup>	-0,11 <sup>ns</sup>	1,24 <sup>ns</sup>	-0,46 <sup>ns</sup>	-0,5 <sup>ns</sup>	0,12 <sup>ns</sup>
LG	-8,93 <sup>ns</sup>	-8,76 <sup>ns</sup>	0,88 <sup>ns</sup>	0,5 <sup>ns</sup>	-0,83*	0,22 <sup>ns</sup>	-0,38*
LH	-20,86 <sup>ns</sup>	-17,91 <sup>ns</sup>	-0,21 <sup>ns</sup>	0,62 <sup>ns</sup>	-0,46 <sup>ns</sup>	-0,4 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>
LI	2,6 <sup>ns</sup>	-219,55 <sup>ns</sup>	-0,63 <sup>ns</sup>	-0,03 <sup>ns</sup>	-0,22 <sup>ns</sup>	0,19 <sup>ns</sup>	0,38 <sup>ns</sup>
Máximo	61,42	437,57	6,68	1,24	1,36	0,74	0,43
Mínimo	-41,3	-349,04	-2,51	-1,72	-1,14	-0,94	-0,4

\* - valor significativo; <sup>ns</sup> - não significativo pelo teste t a 5% de probabilidade. DD = *dry down* (em área); PROD = produtividade (kg ha<sup>-1</sup>); TA = total de avarias (%); IT = índice de trincas; IDEN = identificação (escala); FF = frações finas (%) e PROT = proteína (%).

Fonte: Do autor (2021).

Considerando DD e PROD juntos, fica claro a correlação entre as variáveis (FIGURA 13). Os parentais que apresentaram efeito favorável para reduzir o *dry down* (L4, L5, L7, LB, LG, LF e LH) foram desfavoráveis para a produtividade; e os parentais que apresentam efeito favorável para aumentar produtividade (L1, L3, L6, LC, LD e LE) alongaram o *dry down*, indicando ciclo maior de secagem a campo até a colheita (TABELA 7). Esse efeito entre produtividade e ciclo, porém avaliado conforme dias para o florescimento é muito bem apresentado por Haullauer, Carena e Miranda Filho (2010). Mesmo resultado foi obtido na avaliação de Biberdžić et al. (2018) na Sérvia, com híbridos da FAO (*Food and Agriculture Organization* – Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura) de maturidade distinta, em que os híbridos mais precoces tiveram os menores rendimentos de produtividade.

O genitor L5 também se destacou para PROD, porém no sentido de reduzir a produção. E também se destacou significativamente para TA, mas no sentido positivo, ou

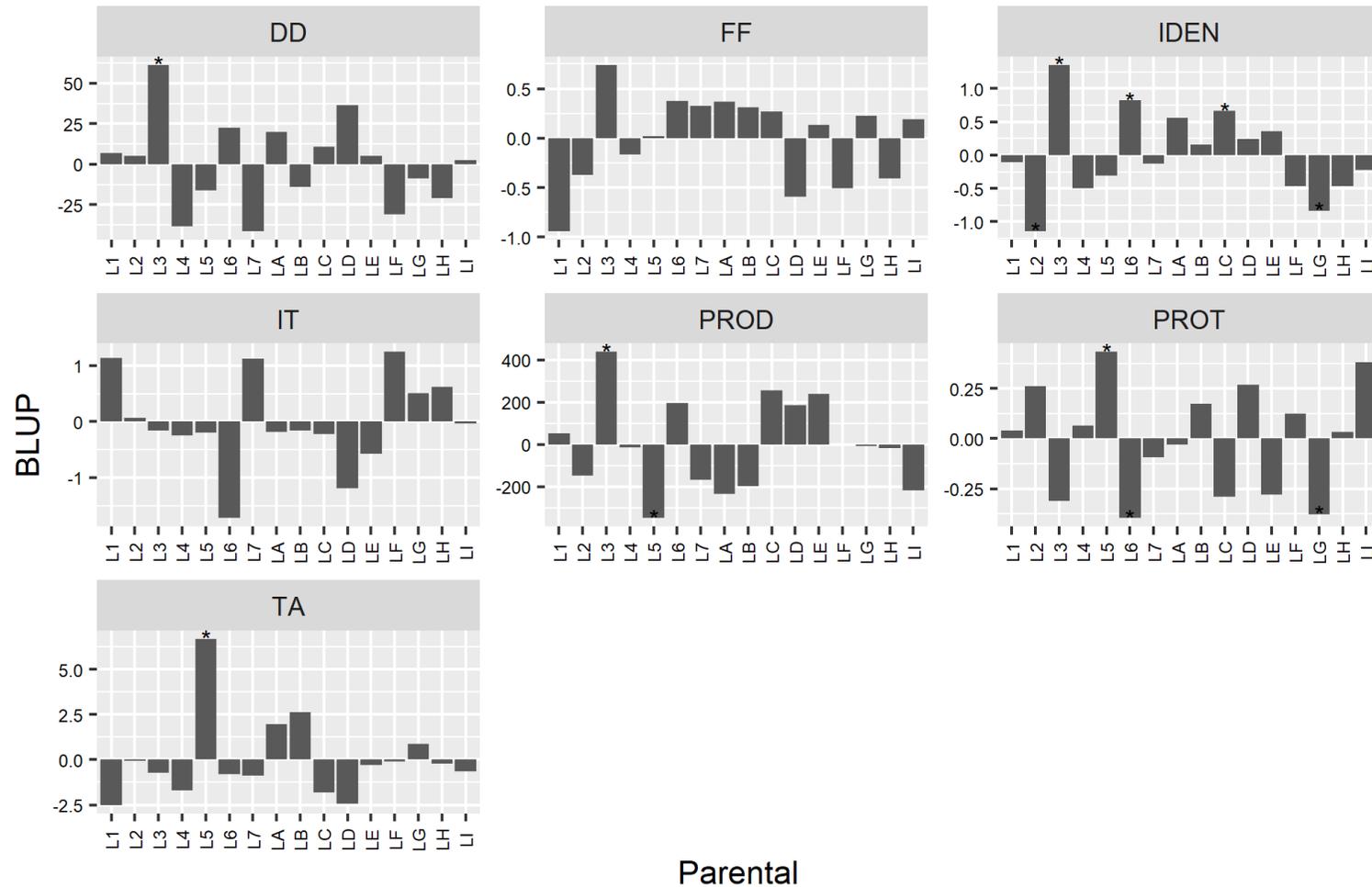
seja, para aumentar as avarias em 6,68%, o que não é interessante para nenhum segmento da cadeia do milho. Muitas são as etapas do beneficiamento de grãos que interferem na incidência de trincas, como umidade de colheita, rotação do cilindro da colhedora, transporte, moega, secagem, aeração, etc. (MANTOVANI et al., 2015), e por isso, o parental precisa ser observado com cautela, pois o mesmo genitor L5 pode ser aproveitado pelo programa de melhoramento, já que para PROT, se destacou favorecendo o maior teor de proteína nos grãos de milhos em suas combinações, com acréscimo de 0,43%.

Embora percentualmente a variação seja pequena, essa significância para o caráter indica possibilidade de aumentar o teor de proteína nos grãos de milho, favorecendo a qualidade nutricional em todos os tipos de rações e híbridos de silagem, ou de dupla aptidão. Demais genitores que se destacaram para PROT apresentam sentido desfavorável para o caráter, sendo eles L6 e LG, promovendo a redução do teor de proteína nos grãos.

Maior número de genitores com significância ocorreu para IDEN, nos genitores L2, L3, L6, LC e LG, com BLUP's favoráveis de 0,66, 0,82 e 1,36, e desfavoráveis de -0,83 a -1,14 a textura, e podem ser utilizados em novas populações de melhoramento para texturas do tipo *dent* (BLUP's positivos) como interessante opção para aumentar a qualidade das rações de suínos e para silagem de ruminantes, e texturas do tipo *flint* (BLUP's negativos) como promissoras para aumentar a qualidade das rações as aves.

Como adiantado nas estimativas da variância (TABELA 5), não houve significância de BLUP's nos genitores para IT e FF (FIGURA 21).

Figura 21 - BLUP's estudantizados (t-BLUP) da CGC dos híbridos de milho na análise conjunta para *dry down* (DD), frações finas (FF), identificação (ID), índice de trincas (IT), produtividade (PROD), teor de proteína (PROT) e total de avarias (TA) na segunda safra/2019.



\* significativo pelo teste t de Student ( $p < 0,05$ ).  
 Fonte: Do autor (2021).

Muitas vezes os melhoristas precisam recorrer as maiores médias para realizar a seleção. Embora não tenha ocorrido significância na análise conjunta, os genitores L4, L5, L7, LB, LF e LH, apresentaram comportamento interessante no sentido de reduzir o *dry down* em até -41,3% de área da perda de água, gerando possibilidade ao melhorista desses genótipos integrarem novas populações de melhoramento, por conterem alelos favoráveis para o caráter. O mesmo pode ser equivalente para os genitores L6, LC, LD e LE, que favorecem a CGC para produtividade em até 254,98 kg ha<sup>-1</sup>.

Na tabela 8, do Apêndice, são apresentadas as médias BLUP's da CEC da análise conjunta, levando em consideração o erro padrão associado à estimativa BLUP pelo teste t de Student ( $p < 0,05$ ). Para o caráter IT, o híbrido L7xLF foi o único que se destacou significativamente, porém no sentido de aumentar as trincas – não desejável. E para o caráter IDEN, observou-se BLUP's significativos para CEC nas combinações híbridas: L1xLA, L1xLF, L5xLA, L5xLD, L6xLE, L6xLF, L6xLG, que se descaram em ambos sentidos a textura *flint* e *dent*. Nenhum BLUP de CEC foi diferente de zero e favorável para os caracteres DD, PROD, TA, FF e PROT. Resultado que valoriza mais uma vez a importância do melhoramento *per se* de linhagens para o desenvolvimento de novas cultivares que visem rápido *dry down*, produtividade e qualidade industrial em grãos de milho, frente a heterose. A alta quantidade de BLUP's não significativos para CGC e CEC pode estar relacionada à grande interação dos genótipos com o ambiente que tiveram efeitos ambientais distintos e bem pronunciados (*outliers* positivos).

## 5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O *dry down* assegura precocidade em fim de ciclo, e se ajusta a ambos períodos principais de produção de milho no país (1ª e 2ª safra). Embora a avaliação mais acurada do *dry down* via área abaixo da curva seja onerosa e laboriosa, a mesma gera informações relevantes aos programas de melhoramento genético de milho para o desenvolvimento de novos híbridos comerciais, que apresentem diferencial positivo de resposta frente às condições climáticas atípicas.

A avaliação de variáveis que visem à qualidade, tais como o total de avarias, índice de trincas, indentação e frações finas, podem auxiliar no desenvolvimento de híbridos com foco na melhoria do rendimento da indústria moageira e que favoreçam a máxima conversão alimentar de animais monogástricos e ruminantes.

As informações de frações finas, total de avarias e indentação, podem ser aproveitadas para enriquecer o programa de melhoramento de milho do IDR-Paraná no desenvolvimento de novos híbridos com objetivo em maior qualidade de rações.

Maiores ganhos com a seleção de ideótipos de milho para rações de suínos e aves podem ser obtidos com a criação de linhas de melhoramento distintas, mesmo que as correlações entre proteína e indentação e frações finas tenham demonstrado valores negativos.

A curto prazo, separar as texturas de milho dentada (*dent*) e dura (*flint*), na moega, e acondicionar os grãos em silos diferentes, pode ser o caminho mais rápido para rações de maior qualidade a suínos e aves no Brasil.

## 6. CONCLUSÕES

As estimativas dos componentes de variância comprovam que à existência de variabilidade entre as progênes, possibilitando a seleção de genótipos superiores para *dry down* e qualidade industrial.

A predominância de efeitos aditivos para a maioria dos caracteres indica a importância da seleção ao longo do processo de extração de linhagens.

A baixa correlação entre *dry down* e produtividade indica a possibilidade de seleção de novas populações para acentuado *dry down* e altas produtividades.

O genitor L3 foi o mais promissor para produtividade, e o genitor L5 se destacou no aumento do teor de proteína.

Os híbridos L1xLA, L5xLD e L6xLF se destacaram para textura do tipo *dent*, e os híbridos L1xLF, L5xLA, L6xLE e L6xLG para texturas do tipo *flint*, podendo ser avaliados em novos ensaios para seleção de híbridos ou mesmo avançados a partir de F<sub>2</sub> na busca de populações para maior qualidade de rações.

## REFERÊNCIAS

- AGRIFIRM. Micotoxinas, um inimigo invisível. **Agrifirm**, 2020. Disponível em: <https://www.agrifirm.com.br/artigos-tecnicos/micotoxinas-um-inimigo-invisivel/>. Acesso em: 30 nov. 2020.
- ALMEIDA, B. K. da S. **Avaliação de progênies S<sub>0:1</sub> de milho visando grãos de textura farinácea e produtividade**. 2018. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2018.
- ALVES, W. M. *et al.* Qualidade dos grãos de milho em função da umidade de colheita e da temperatura de secagem. **R. Bras. Eng. Agríc. Ambiental**, Campina Grande, v. 5, n. 3, p. 469-474, 2001.
- ASCHERI, J. L. R.; GERMANI, R. **Protocolo de qualidade de milho**. Documentos 59. Rio de Janeiro: Embrapa Agroindústria de Alimentos, 2004. 23 p.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS DO MILHO. Estatísticas: consumo. **Abimilho**, São Paulo, 2019. Disponível em: <http://www.abimilho.com.br/estatisticas/consumo/>. Acesso em: 25 ago. 2020.
- BALESTRE, M.; VON PINHO, R. G.; SOUZA, J. C. Prediction of maize single-cross performance by mixed linear models with microsatellite marker information. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 2, p. 1054–1068, 2010.
- BENTO, L. F. **Qualidade física e sanitária de grãos de milho armazenados em Mato Grosso**. 2011. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical) - Universidade Federal do Mato Grosso, Cuiabá, 2011.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2010.
- BIBERDŽIĆ, M. *et al.* The influence of hybrids and sowing term on yield and dry down of corn grain. **Genetika**, v. 50, n. 3, p. 959-970, 2018.
- BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. **Milho: do plantio à colheita**. 2. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2017.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2017. 543 p.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento: Secretaria de Defesa Agropecuária. **Instrução Normativa 60/2011**. Brasília: MAPA, 2011.
- BROOKING, R. Maize ear moisture during grain-tilling, and its relation to physiological maturity and grain drying. **Field Crops Research**, Amsterdã, v. 23, p. 55-68, 1990.
- BUTLER, D. G. *et al.* 2017. **ASReml-R Reference Manual Version 4**. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, UK. Disponível em: <http://www.homepages.ed.ac.uk/iwhite/asreml/uop>.

CASTRO, M. V. L. de *et al.* Rendimento industrial e composição química de milho de alta qualidade proteica em relação a híbridos comerciais. **Pesq. Agropec. Trop.**, Goiânia, v. 39, n. 3, p. 233-242, 2009.

CONDÉ, M. S. *et al.* Influência da granulometria do milho na alimentação de frangos de corte. **Revista Eletrônica Nutritime**, Artigo 267, v. 11, n. 5, p. 3637-3647, 2014.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos: Safra 2020/21**. 6º levantamento, v. 8, n. 6, Brasília: Conab, p. 61-77, mar. 2021.

COTINI, E. *et al.* **Milho - caracterização e desafios tecnológicos**. Série desafios do agronegócio brasileiro (NT2), Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica. 45p. 2019.

CRUZ, F. G. G.; RUFINO, J. P. F. **Formulação e fabricação de rações**. 1. ed. Manaus: Editora da Universidade do Amazonas, 2017. 92 p.

CRUZ, J. C.; MAGALHÃES, P. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; MOREIRA, J. A. A. **Milho: o produtor pergunta, a Embrapa responde**. 1. ed. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2011.

CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics**, v. 11, n. 381, 2006.

DAVIDE, L. M. C. **Controle genético de caracteres associados à dureza dos grãos e à degradabilidade ruminal de milhos tropicais**. 2009. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

DAVIDE, L. M. C. *et al.* Assessment of genetic parameters of degradability in maize grains due to indentation scores. **Sci. Agric.**, Piracicaba, v. 68, n. 3, p. 347-352, 2011.

DEKALB. **DKB 230 PRO 3**. DEKALB, 2020. Disponível em: <blob:https://www.dekalb.com.br/eb571c43-76ce-4b27-a1d6-5d609e77181a>. Acesso em: 09 dez. 2020.

DUARTE, A. P. *et al.* Produtividade, aparência, densidade e suscetibilidade à quebra dos grãos em híbridos de milho, na safrinha. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 6, n. 2, p. 174-185, 2007.

DUARTE; J. de O.; GARCIA, J. C.; MIRANDA, R. A. de. Mercado e Comercialização. In: PEREIRA FILHO, I. A. **Sistemas de produção: cultivo do milho**. Embrapa Milho e Sorgo. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. 9. ed. Brasília, DF, 2015.

EDY, S. N. *et al.* Heritability of agronomic characters of Srikandi Putih x local waxy corn. In: **IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science**. v. 484, p 1-9, 2020. 012027 IOP Publishing. DOI:10.1088/1755-1315/484/1/012027 (Online).

- FRISKE, É. **Diversidade genética e mapeamento por associação em linhagens de milho para maturação de grãos**. 2016. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Marechal Cândido Rondon, 2016.
- GLOVER, D.V.; MERTZ, E.T. Corn. *In*: OLSON, R. A.; FREY, K. J. **Nutritional quality of cereal grains, genetic and agronomic improvement**. Madison: American Society of Agronomy, p. 184-336, 1987.
- GONÇALVES, R. A. *et al.* Rendimento e composição química de cultivares de milho em moagem a seco e produção de *grits*. **Ciênc. Agrotec.**, Lavras, v. 27, n. 3, p. 643-650, 2003.
- GONÇALVES, S. L. *et al.* Épocas de semeadura do milho “safrinha”, no estado do Paraná, com menores riscos climáticos. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 24, n. 5, p. 1287-1290, 2002.
- HAULLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2. ed. Ames: Iowa State University Press, 2010. 486 p.
- INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ. **Atlas climático do estado do Paraná**. Londrina: IAPAR, 2019. 210 p.
- JAGER, B. de. ROUX, C. Z.; KÜHN, H. C. An evaluation of two collections of South African maize (*Zea mays* L.) germ plasm: 2. The genetic basis of dry-down rate. **African Journal of Plant and Soil**, London, v. 21, n. 2, p. 120-122, 2004.
- LI, L. *et al.* The stability and variability of maize kernel moisture content at physiological maturity. **Crop Science**, v. 6, n. 1, p. 704-714, 2020.
- LIU, J. *et al.* Genetic dissection of grain water content and dehydration rate related to mechanical harvest in maize. **BMC Plant Biology**, v. 20, p. 02-16, 2020.
- LUDKE, J. V.; ZANOTTO, D. L.; COLDEBELLA, A.; CUNHA JÚNIOR, A. **Avaliação da granulometria do milho para suínos e frangos de corte analisada com amostra seca e com amostra natural**. Comunicado técnico 586. Concórdia: Comitê Local de Publicações da Embrapa Suínos e Aves, 2019.
- MAGALHAES, P. C.; SOUZA, T. C. de. Ecofisiologia. *In*: PEREIRA FILHO, I. A. **Sistemas de produção: cultivo do milho**. Embrapa Milho e Sorgo. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. 9. ed. Brasília, DF, 2015.
- MAIORANO, A.; FANCHINI, D.; DONATELI, M. MIMYCS. Moisture, a process-based model of moisture content in developing maize kernels. **European Journal of Agronomy**, v. 59, p. 86-95, 2014.
- MANFRON, D.; DIJKINGA, A.; KAPP JÚNIOR, C. Fatores que impactam o mercado do milho e o desempenho no preço das sacas. **Revista Scientia Rural**. v. 1, ed. 22, p. 51-66, 2020.

MANTOVANI, E. C. *et al.* Colheita e pós-colheita. *In*: PEREIRA FILHO, I. A. **Sistemas de produção: cultivo do milho**. Embrapa Milho e Sorgo. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. 9. ed. Brasília, DF, 2015.

MARCOLIN, J. **Estratificação ambiental, controle genético e heterose para maturação e produtividade de milho safrinha**. 2017. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Marechal Cândido Rondon, 2017.

MARQUES, O. J. *et al.* Danos mecânicos em grãos de híbridos comerciais de milho em função da umidade de colheita. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 32, n. 2, p. 565-576, 2011.

MARTINEZ, D. T. *et al.* Procedimentos de predição e efeitos de heterogeneidade de variâncias residuais dentro de tratamentos genéticos. **Pesq. Florestal Bras.**, v. 31, n. 67, p. 193-202, 2011.

MILANEZ, A. Y. *et al.* A produção de etanol pela integração do milho-safrinha às usinas de cana-de-açúcar: avaliação ambiental, econômica e sugestões de política. **Revista do BNDES**, v. 41, p. 147-208, 2014.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO (MAPA). **Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de milho**. 149. ed. Brasília, 2020. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protecao-de-cultivar/agricolas>. Acesso em: 18 jan. 2021.

MISTURA, M.; LINDINO, C. A. Incidência de micotoxinas em milho nos estados do Paraná, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul entre 2015 e 2018. **Braz. J. of Develop.**, Curitiba, v. 6, n. 10, p. 76671-76688, 2020.

NIELSEN, R. L. (Bob). Field drydown of mature corn grain. **Corny News Network**, Purdue. 9 set. 2011. Disponível em: <http://www.kingcorn.org/news/timeless/GrainDrying.html>. Acesso em: 19 fev. 2019.

PAES, M. C. D. **Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho**. Circular técnica 75. Sete Lagoas, MG: Embrapa Milho e Sorgo, 2006.

PIGGOTT, S. D. **Simulation of corn in-field drydown**. 2010. Dissertação (Mestrado em Biosistemas) - Michigan State University, Michigan, 2010.

PIONNER: Fenologia do milho: os estádios de crescimento e desenvolvimento de uma planta de milho. **Pionner**. 2018. Disponível em: <http://www.pioneersementes.com.br/blog/41/fenologia-do-milho>. Acesso em: 30 mar. 2020.

PRESTES, I. D. *et al.* Principais fungos e micotoxinas em grãos de milho e suas consequências. **Scientia Agropecuaria**, Trujillo, v. 10, n. 4, p. 559-570, 2019.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna, Austria, 2019. Disponível em: <https://www.r-project.org/>.

- RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Genética na Agropecuária**. 5. ed. Lavras: Ed. UFLA, 2012. 565 p.
- RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesq. Agropec. Trop.**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194. 2007.
- RUTZ, R.; PENZ JÚNIOR, A. M.; ROLL, V. F. B. Tendências em nutrição de aves. In: I Simpósio internacional ACAV – Embrapa sobre nutrição de aves. **Anais [...]** Concórdia: Simpósio internacional ACAV, 1999, 33p.
- SANTOS, S. de C. **Características nutricionais e físicas do milho com diferentes texturas e tempos de armazenamento**. 2015. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015.
- SCHMIDT, L.; HALLAUER, A. R. Estimating harvest date of com in the field. **Crop Science**, Madison, v. 6, p. 227-231, 1966.
- SCHUELTER, A. R. *et al.* Association mapping for flowering time and moisture loss of grains in maize tropical germplasm. **Pakistan Journal of Biological Sciences**, Faisalabad, v. 12, p. 1820-1828, 2018.
- SHANER, G.; FINNEY, R. E. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in knox wheat. **Phytopathology Journal**, St. Paul, v. 67, p. 1051-1056, 1977.
- SILVA JÚNIOR, V. L. da; COTTA, J. T. de B.; OLIVEIRA, A. I. G. de. Efeito das formas de apresentação do milho e do uso de pedrisco na ração, sobre o desempenho de frango de corte. **Ciênc. Agrotec.**, Lavras, v. 27, n. 5, p. 1165-1171, 2003.
- SIMEONE, M.L.F. *et al.* Uso da espectroscopia no infravermelho próximo e calibração multivariada para avaliar a composição química do milho. In: TIBOLA, C. S.; MEDEIROS, E. P. de; SIMEONE, M.L.F., OLIVEIRA, M. A. de (Ed.). **Espectroscopia no infravermelho próximo para avaliar indicadores de qualidade tecnológica e contaminantes em grãos**. Brasília, DF: Embrapa, 2018. p. 51-62.
- SIMPÓSIO INTERNACIONAL ACAV (ASSOCIAÇÃO CATARINENSE DE AVICULTURA) – EMBRAPA SOBRE AVES E SUÍNOS. 1, 1999, Concórdia/SC. **Anais [...]**. Concórdia: Embrapa Suínos e Aves, 1999.
- TROYER, A. F.; AMBROSE, W. B. Plant characteristics affecting field drying rate of ear com. **Crop Science**, Madison, v. 11. p. 529-531, 1971.
- YAN, W. *et al.* On-farm strip trials vs replicated performance trials for cultivar evaluation. **Crop Science**, v. 42, p. 385-392, 2002.
- YANG, J.; CARENA, M. J.; UPHAUS, J. Area under the dry down curve (AUDDC): a method to evaluate rate of dry down in maize. **Crop Science**, Madison, v. 50, p. 2347-2354, 2010.

ZANOTTO, D. L.; BELLAVER, C. **Método de determinação da granulometria de ingredientes para uso em rações de suínos e aves**. Comunicado técnico 215. Concórdia: Embrapa Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves, 1996. p. 1-5.

ZHANG, J. *et al.* Molecular mapping of quantitative trait loci for grain moisture at harvest and field grain drying rate in maize (*Zea mays* L.). **Physiologia plantarum**, v. 169, n. 1, p. 64-72, 2019.

ZHOU, G. *et al.* Genome-wide association study of kernel moisture content at harvest stage in maize. **Breeding Science**, v.68, n. 5, p. 622-628, 2018.

## APÊNDICE

Tabela 8 - BLUP's da capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos experimentais pela análise conjunta na segunda safra/2019. (continua)

Híbrido	DD	PROD	TA	IT	IDEN	FF	PROT
L1xLA	2,41	1,05	-4,6E <sup>-07</sup>	1,38	0,72*	-7,4E <sup>-08</sup>	-0,02
L1xLB	-1,97	-2,06	5,06E <sup>-08</sup>	-0,5	0,54	-2E <sup>-07</sup>	0,06
L1xLC	1,02	0,31	7,2E <sup>-07</sup>	0,37	0,05	-5E <sup>-08</sup>	0
L1xLD	-0,56	-2,02	-1,3E <sup>-07</sup>	-0,89	-0,2	-7,3E <sup>-08</sup>	0,02
L1xLE	3,64	-0,48	1,6E <sup>-07</sup>	1,68	0,45	-5,1E <sup>-08</sup>	0,02
L1xLF	-3,04	1,76	1,25E <sup>-07</sup>	-0,19	-1,00*	1,13E <sup>-07</sup>	0,04
L1xLG	-2,73	-1,26	-2,1E <sup>-07</sup>	0,89	-0,15	-2,3E <sup>-08</sup>	-0,05
L1xLH	2,02	4,11	-9,5E <sup>-07</sup>	-0,47	-0,48	9,15E <sup>-09</sup>	-0,05
L2xLI	0,29	-0,92	-1,7E <sup>-07</sup>	-0,06	-0,13	7E <sup>-08</sup>	0,09
L2xLB	-2,26	0,55	-8,8E <sup>-07</sup>	-0,76	-0,44	-1,5E <sup>-07</sup>	0,03
L2xLC	-2,36	0,52	-2,4E <sup>-07</sup>	-0,22	-0,23	1,3E <sup>-07</sup>	-0,08
L2xLD	9,17	0,65	-2,4E <sup>-07</sup>	-0,56	-0,06	-1,5E <sup>-07</sup>	-0,08
L2xLE	-1,08	2,58	1,77E <sup>-07</sup>	-0,36	0	-3,4E <sup>-08</sup>	-0,1
L2xLF	0,52	-0,87	2,71E <sup>-07</sup>	1,64	0,03	8,1E <sup>-08</sup>	0,07
L2xLG	0,04	0,75	7,5E <sup>-07</sup>	0,35	0,27	1,67E <sup>-08</sup>	0,02
L2xLH	-3,75	-2,81	3,19E <sup>-07</sup>	0,11	-0,11	-1E <sup>-07</sup>	0,11
L3xLB	8,07	1,34	-2,8E <sup>-07</sup>	-0,14	-0,23	1,45E <sup>-07</sup>	0,03
L3xLC	5,13	-0,18	-1,7E <sup>-08</sup>	0,41	0,03	1,74E <sup>-07</sup>	0,02
L3xLD	-8,01	0,67	-3,7E <sup>-07</sup>	0,93	-0,02	-7,8E <sup>-08</sup>	0,02
L3xLE	4,3	0,75	-8,8E <sup>-08</sup>	-1,11	0,38	2,41E <sup>-07</sup>	-0,06
L3xLF	-6,77	-2	-4,9E <sup>-07</sup>	-0,47	0,1	-3E <sup>-07</sup>	-0,04
L3xLG	4,22	0,99	1,04E <sup>-06</sup>	0,06	0,54	9,36E <sup>-08</sup>	-0,05
L4xLA	3,6	-2,17	-3,9E <sup>-07</sup>	-0,33	0,17	1,12E <sup>-07</sup>	-0,04
L4xLB	2,48	0,06	1E <sup>-07</sup>	1,61	0,07	-6,9E <sup>-08</sup>	0
L4xLC	-1,05	-1,78	3,79E <sup>-07</sup>	-0,31	-0,27	8,29E <sup>-08</sup>	-0,13
L4xLD	0,41	4,79	-3,8E <sup>-07</sup>	-0,66	-0,18	-1,1E <sup>-07</sup>	0,23
L4xLE	0,05	-0,41	-7,2E <sup>-08</sup>	-0,08	0,53	4,17E <sup>-08</sup>	-0,02
L4xLF	-6,95	-1,06	-1,7E <sup>-07</sup>	-0,18	-0,46	3,22E <sup>-08</sup>	0,02
L4xLG	0,44	0,55	-3,9E <sup>-07</sup>	-0,11	0,18	-9,7E <sup>-09</sup>	-0,03
L4xLH	-3,31	0,8	4,57E <sup>-07</sup>	-0,45	-0,35	-1,4E <sup>-07</sup>	-0,01
L5xLA	4,45	-0,32	3,44E <sup>-07</sup>	-0,34	-0,64*	1,42E <sup>-07</sup>	0,25
L5xLB	-0,42	-2,34	1,7E <sup>-06</sup>	-0,88	0,03	1,18E <sup>-07</sup>	0,09
L5xLC	0,79	3,76	-9,9E <sup>-07</sup>	0,14	0,15	-6,3E <sup>-08</sup>	-0,01
L5xLD	2,99	-0,61	-4,4E <sup>-07</sup>	-0,59	0,95*	1,58E <sup>-07</sup>	-0,11
L5xLE	-2,37	0,58	7,06E <sup>-08</sup>	-0,25	-0,26	-1,4E <sup>-07</sup>	-0,10
L5xLF	-1,58	-0,81	1,24E <sup>-06</sup>	-0,79	-0,37	-9,5E <sup>-08</sup>	0,03
L5xLG	-2,80	-0,25	-8,3E <sup>-07</sup>	0,08	-0,24	-3E <sup>-07</sup>	-0,09
L5xLH	-2,88	-1,11	7,5E <sup>-07</sup>	2,24	0,20	1,92E <sup>-07</sup>	0,04
L6xLA	-2,98	0,39	5,65E <sup>-07</sup>	-0,63	-0,07	1,61E <sup>-07</sup>	-0,14
L6xLB	-4,29	0	-2,4E <sup>-07</sup>	-0,1	0,22	3,03E <sup>-07</sup>	-0,08
L6xLC	0,68	-0,27	-3,6E <sup>-07</sup>	-0,5	0,37	-1,3E <sup>-07</sup>	0,07
L6xLD	-3,18	-1,95	9,2E <sup>-07</sup>	-0,15	0,14	7,78E <sup>-08</sup>	0,02
L6xLE	-7,37	-0,82	-6,6E <sup>-08</sup>	-0,39	-1,05*	-1,3E <sup>-07</sup>	0,20
L6xLF	13,03	1,51	-6,4E <sup>-07</sup>	-0,65	1,67*	6,81E <sup>-08</sup>	-0,14

Tabela 8 - BLUP's da capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos experimentais pela análise conjunta na segunda safra/2019. (conclusão)

L6xLG	4,1	0,26	-2E <sup>-07</sup>	-1,10	-1,04*	-8,5E <sup>-08</sup>	0,05
L6xLH	2,54	-0,79	-1,9E <sup>-07</sup>	0,08	0,25	-1,2E <sup>-07</sup>	-0,08
L7xLA	-5,25	-0,37	4,86E <sup>-07</sup>	-0,45	0,14	-2,1E <sup>-07</sup>	-0,05
L7xLB	-3,2	0,78	2,84E <sup>-07</sup>	0,45	-0,1	-3,3E <sup>-08</sup>	-0,09
L7xLC	-3,01	-0,76	1,51E <sup>-08</sup>	-0,34	0,28	-4E <sup>-08</sup>	0,07
L7xLD	3,29	-0,67	-3,4E <sup>-08</sup>	-0,48	-0,48	-4,6E <sup>-08</sup>	-0,04
L7xLE	3,44	-0,73	-2,6E <sup>-07</sup>	-0,65	0,17	1,26E <sup>-07</sup>	0
L7xLF	1,3	2,9	-3,8E <sup>-07</sup>	3,13*	-0,24	-8,5E <sup>-08</sup>	0,04
L7xLG	-4,27	-1,8	8,36E <sup>-08</sup>	0,84	-0,06	3,91E <sup>-07</sup>	0,05
L7xLH	3,04	-0,8	-4,4E <sup>-07</sup>	-0,28	0,21	1,33E <sup>-08</sup>	0
Máximo	13,03	4,79	1,7E <sup>-06</sup>	3,13	1,67	3,91E <sup>-07</sup>	0,25
Mínimo	-8,01	-2,81	-9,9E <sup>-07</sup>	-1,11	-1,05	-3E <sup>-07</sup>	-0,14

\* - valor significativo pelo teste t a 5% de probabilidade; DD = *dry down* (em área); PROD = produtividade (kg ha<sup>-1</sup>); TA = total de avarias (%); IT = índice de trincas; IDEN = identificação (escala); FF = frações finas (%) e PROT = proteína (%).

Fonte: Do autor (2021).