

## APTIDÃO FORRAGEIRA DE LINHAGENS S<sub>3</sub> DE MILHO AVALIADAS EM TOPCROSS COM ÊNFASE NO TEOR DE FIBRAS (FDN E FDA)

Daniel Tonetta<sup>1</sup>; André Cosmo Dranca<sup>1</sup>; Emanuel Gava<sup>1</sup>; Carlos Augusto da Silva<sup>2</sup>; André Gabriel<sup>2</sup>; Elida Peralta Paiva<sup>2</sup>; Marcos Ventura Faria<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Graduando em Agronomia – Universidade Estadual do Centro Oeste, UNICENTRO/ Guarapuava-PR/Brasil. Bolsista PIBIC-Af Fundação Araucária – e-mail: danieltonetta@hotmail.com; <sup>2</sup>Mestrando em Agronomia/Produção Vegetal – UNICENTRO; <sup>3</sup>Professor Associado – Departamento de Agronomia/UNICENTRO.

A importância da cultura do milho para o Brasil é evidenciada pelo crescimento da área de cultivo nos últimos anos, de investimentos em pesquisas com a finalidade de desenvolver novos híbridos de milho. O milho é amplamente utilizado como forragem conservada na forma de silagem, para a alimentação animal na pecuária de leite e de corte. A avaliação do comportamento de linhagens em estádios iniciais de endogamia (S<sub>2</sub> ou S<sub>3</sub>) em *topcrosses* permite antecipar resultados de seleção das linhagens mais promissoras para a obtenção de novos híbridos visando produção/qualidade nutricional forrageira, resultando em economia de tempo, espaço físico e de recursos financeiros. O objetivo deste trabalho foi avaliar caracteres bromatológicos relacionados à porção fibrosa da forragem de híbridos *topcrosses* de linhagens S<sub>3</sub> de milho cruzadas com um híbrido simples como testador, em dois espaçamentos entre linhas. O experimento foi conduzido no campo experimental da Universidade Estadual do Centro-Oeste, em Guarapuava-PR. Foram realizados dois experimentos simultâneos e contíguos com diferentes espaçamentos entre linhas, sendo de 0,4 m e 0,7 m, respectivamente. Em ambos os experimentos foram avaliados 31 tratamentos, sendo 25 híbridos *topcrosses* (HTC) obtidos a partir do cruzamento de linhagens S<sub>3</sub> (originadas do híbrido comercial SG6015) com o híbrido simples comercial DKB245 (testador), mais seis híbridos comerciais utilizados como testemunhas (P30F53, P30B39, DKB315, DKB245, SG6030, AS1572). Foram avaliados os teores de fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA), relacionados ao valor nutricional da forragem no ponto de ensilagem (quando as plantas apresentavam grãos em ¾ da linha de leite). Os dados foram submetidos à análise de variância conjunta e as médias agrupadas por Scott Knott a 5% de probabilidade. Houve diferença significativa entre os genótipos e houve efeito significativo da interação genótipos x espaçamentos e do espaçamento entre linhas para ambas as características, comprovando a variabilidade entre os genótipos e o comportamento diferenciados destes em relação aos ambientes proporcionados pelos espaçamentos utilizados. Os coeficientes de variação para FDN e FDA foram de 3,02% e 6,42% para o espaçamento de entre linhas de 0,40m e 3,96% e 4,83% para o espaçamento de 0,70m, respectivamente. As médias gerais dos teores de FDN e FDA, com base na matéria seca foram, respectivamente, de 55,06% e 31,16% para 0,4m e 55,18% e 31,05% para 0,7m. O HTC01 se destacou no grupo de genótipos que tiveram os menores valores para FDN e FDA com 52,41% e 28,15% no espaçamento de 0,4m e 49,04% e 28,41% no espaçamento de 0,7m, respectivamente, com médias inferiores aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas comerciais, se destacando principalmente em FDN. O testador permitiu inferir sobre o potencial forrageiro das linhagem S<sub>3</sub>, com destaque para a linhagem genitora do HTC01.

Palavras-chave: *Zea mays*; fibra em detergente ácido; fibra em detergente neutro; valor nutricional de forragem.

Apoio financeiro: CNPq, CAPES e Fundação Araucária.