

AVALIAÇÃO NUTRICIONAL DE HÍBRIDOS DE MILHO PARA ENSILAGEM ADAPTADOS ÀS REGIÕES NORTE E NOROESTE FLUMINENSES

Daniel Furtado Dardengo Sant'Anna, Laila Cecília Ramos Bendia, Flavio Henrique Vidal de Azevedo, Ricardo Augusto Mendonça Vieira, Tadeu Silva de Oliveira

O objetivo do presente estudo será selecionar de híbridos de milho para ensilagem adaptados às regiões Norte e Noroeste Fluminenses e avaliar a composição química para posterior análise de desempenho animal, com base nos resultados obtidos neste experimento. Serão avaliados vinte e quatro (24) genótipos, sendo dezenove (19) híbridos topcrosses experimentais resultantes do programa de melhoramento vegetal da Universidade Estadual do Norte Fluminense e cinco testemunhas (BR106, AG 1051, UENF 506-11, L21 e L25). Os ensaios de avaliação serão implantados simultaneamente na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes (Região Norte Fluminense) e na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba em Itaocara (Região Noroeste), constituindo, portanto, 2 ambientes. O delineamento experimental utilizado será blocos casualizados com cinco repetições, totalizando 120 observações (24 tratamentos x 5 repetições). Cada parcela será constituída por uma linha de 8 metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de 1,0 metros e cinco sementes por metro linear, totalizando 40 plantas por linha. Após colheita, os feixes com as plantas serão pesados, suas espigas removidas, debulhadas e o peso dos grãos registrado. A palhada (folha+haste+sabugo+palha da espiga) será processada em picadeira, homogeneizada e uma sub amostra retirada. As amostras de grãos e palhada, quando possível, serão secas em estufa ventilada a 55 °C por 72 horas logo após colheita, caso contrário, estas serão congeladas para posterior secagem. Após a secagem as amostras de grãos e de palhada serão moídas em moinho tipo facas (*cutter mill*) a 1 mm para as análises químicas conforme metodologias descritas pelo AOAC (1990, 1998). Os dados serão analisados considerando-se o seguinte modelo estatístico: $Y_{ijkl} = \mu + g_i + s_j + g_{s_{ij}} + b_{k(j)} + \tau_l + e_{ijkl}$. No qual Y_{ijkl} corresponde à observação do i -ésimo genótipo (g_i) colhida na parcela correspondente ao k -ésimo bloco ($b_{k(j)}$) dentro do j -ésimo local (s_j) e em cada ano do experimento (τ_l). Fatores com letras Latinas são considerados aleatórios e com letras gregas considerados fixos. No modelo estatístico, pressupõe-se que $g_i \sim N(0, \sigma_g^2)$, $s_j \sim N(0, \sigma_s^2)$, $g_{s_{ij}} \sim N(0, \sigma_{gs}^2)$, $b_{k(j)} \sim N(0, \sigma_b^2)$ e $e_{ijkl} \sim N(0, \sigma^2)$. Serão ainda testadas estruturas de variâncias e covariâncias para uma correta estimação dos efeitos no modelo. As estruturas de variâncias e covariâncias serão escolhidas de acordo com as recomendações estabelecidas por Littell et al. (2006).

Palavras-chave: Melhoramento Genético, Silagem, Valor Nutritivo.
Instituição de fomento: FAPERJ, UENF.