

Depressão por Endogamia dos Caracteres Agronômicos e da Qualidade da Forragem em Milho (*Zea mays* L.)

Lucas Rafael de Souza Camacho¹, Thiago Hideyo Nihei², Israel Leite de Souza Neto³, Henrique José Camargo Senhorinho⁴, José Lidércio Matias Junior⁵, Vitor Hugo Domenes Tolentino⁶, Luiz Rafael Clovis⁷, Renato da Rocha⁸

1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR. ¹lucascamacho88@gmail.com, ²thiagonihei@hotmail.com, ³ilsouzaneto@hotmail.com, ⁴hsenhorinho@hotmail.com, ⁵jr_lidercio@hotmail.com, ⁶vitortolentino@hotmail.com, ⁷luizrafaelclovis@hotmail.com e ⁸ato.d.rocha@gmail.com

RESUMO – Frente à crescente demanda por cultivares de milho que reúnam as características requeridas para produção de silagem, faz-se necessária a obtenção de informações sobre a depressão por endogamia dos caracteres de importância para esta finalidade. Para isso, foram avaliados nove genitores e nove gerações S₁, no delineamento de blocos completos com tratamentos ao acaso, com três repetições na safra de verão 2009/2010 e 2010/2011. Nestes ensaios foram aferidas quinze características: massa verde, matéria seca, rendimento de grãos, altura de planta, altura de espiga, porcentagem de folha, porcentagem de espiga, porcentagem de colmo, *stay green* (aferidas nos dois experimentos) e proteína, FDN, FDA, lignina, matéria mineral e matéria orgânica (aferidas no primeiro experimento). Os dados coletados foram submetidos à análise de variância. O caractere rendimento de grãos sofreu alta depressão por endogamia. Uma boa estratégia seria direcionar os genitores para programas de seleção recorrente, de modo a reduzir a frequência dos alelos deletérios. Em relação aos outros caracteres, não se observou uma depressão por endogamia significativa, demonstrando haver alto índice de genes em aditividade, relacionados à expressão das variáveis avaliadas.

Palavras-chave: milho forrageiro, depressão por endogamia, melhoramento genético.

Introdução

Ao longo de um programa de melhoramento genético de espécies alógamas, são necessárias informações a respeito do efeito de eventuais danos provocados pelo cruzamento de indivíduos aparentados. Esse efeito, denominado depressão por endogamia, caracteriza-se pela redução no valor médio de caracteres quantitativos, relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica da planta, devido à homozigose de alelos deletérios (FALCONER, 1989).

As populações menos sensíveis à depressão por endogamia podem ser selecionadas como fonte potencial para a extração de linhagens, e as populações com alta taxa de depressão endogâmica devem ser direcionadas a programas de seleção recorrente, de modo a reduzir a frequência dos alelos deletérios.

Deve-se mencionar, que a depressão por endogamia também varia dentro das populações, isto é, os genótipos de uma população apresentam diferentes valores fenotípicos médios sob endogamia (GARBUGLIO, 2007).

A proposta desse estudo é avaliar a depressão por endogamia de caracteres agronômicos e da qualidade da forragem, a fim de identificar genitores de milho, que possam originar populações potenciais para a produção de forragem que servirão como base para o programa de melhoramento de milho forrageiro.

Material e Métodos

Foram utilizados híbridos comerciais de diferentes empresas, participantes das últimas avaliações de variedades de milho para silagem na região Sul do Brasil, e outros com bom desempenho para produção de grãos na região, a saber: Impacto, Cargo, P30B39, P30P34, P30R50, CD304, CD308, 2B710 e DKB390. Foram semeados os híbridos comerciais e suas respectivas gerações S_1 , obtidas por meio de coleta de 150 espigas por híbrido, num total de 18 tratamentos.

As sementes foram semeadas em sistema de plantio direto, segundo o delineamento em blocos completos com tratamentos ao acaso e três repetições. As parcelas foram constituídas de 4 linhas de 5m, espaçadas de 0,9 m e com densidade de 60.000 plantas ha^{-1} após o desbaste.

Com exceção do rendimento de grãos, avaliado nas duas fileiras externas de cada parcela, todos os outros caracteres foram aferidos nas duas fileiras centrais da parcela, deste modo, em uma das linhas centrais colheram-se cinco plantas competitivas para se determinar o *stay green*, a porcentagem de folhas, porcentagem de colmo e porcentagem de espiga. Na outra linha central, colheram-se cinco plantas competitivas para a avaliação das demais características e obtenção das amostras que foram utilizadas para as análises bromatológicas.

Os caracteres referentes às qualidades agronômicas como: massa verde (MV); matéria seca (MS); rendimento de grãos (RG); *stay green* (SG); porcentagem de folha (PF), espiga (PE) e colmo (PC); altura de planta (AP) e de espiga (AE); foram avaliados nos dois ensaios realizados. Ao passo que os caracteres referentes à qualidade da forragem como: proteína (PT); fibra em detergente neutro (FDN) e ácido (FDA); lignina (LG); matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO) foram avaliados apenas no primeiro ensaio.

A depressão por endogamia na primeira geração de autofecundação dos genitores foi quantificada de acordo com a equação abaixo:

$$D = [(F_1 - S_1) / F_1] * 100$$

em que:

D = depressão por endogamia;

F_1 = média do híbrido comercial;

S_1 = média da população S_1 do híbrido comercial.

Fez-se a análise de variância com os tratamentos relacionados (nove genitores e nove gerações S_1) a fim de identificar a significância entre os tratamentos e, também, com o intuito de obter o quadrado médio do resíduo, utilizado, posteriormente, no teste t de Student aplicado.

O teste t de Student foi realizado de acordo com (ZHANG et al., 2005) em nível de 5 % de significância. Aplicou-se os contrastes dos genitores versus suas respectivas gerações S_1 para verificar a significância ou não da depressão por endogamia.

Resultados e Discussão

Com o intuito de se obter o quadrado médio do resíduo utilizado para realizar o teste t , cujo objetivo é verificar se a depressão por endogamia é significativa, ou seja, se há diferença significativa entre as médias dos genitores *per se* quando comparado a sua respectiva geração S_1 , fez-se uma análise de variância entre os genótipos envolvidos (os genitores e suas nove gerações S_1).

Na Tabela 1, nota-se que apenas para o caractere MS não houve diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste F. Quanto à interação com os ambientes, houve significância para os caracteres MV, SG, PF e AP.

A análise de variância para os caracteres que foram avaliados apenas no primeiro experimento, relacionado à qualidade da forragem, encontra-se na Tabela 2. Houve diferenças significativas entre os genótipos para todos os caracteres avaliados, exceto para LG.

Na Tabela 3 encontram-se os valores de depressão por endogamia em porcentagem para os caracteres MV, RG, SG e AE. Como não houve interação significativa entre genótipos e ambientes para estes caracteres, obteve-se os valores de depressão por endogamia através da média dos genótipos nos dois ensaios avaliados.

A não significância a 5% de probabilidade pelo teste t entre os genitores e suas respectivas gerações S_1 para os caracteres MV, SG e AE, demonstra que, para estes caracteres, há uma prevalência de genes em aditividade, ao passo que, no ato da autofecundação, não se encontrou grande incidência de genes deletérios na população segregante resultando em médias semelhantes entre as populações avaliadas.

Para o caractere RG, observa-se que, exceto para os genitores CD304 e 2B710, houve diferenças significativas a 5% de probabilidade pelo teste *t* para a maioria dos genitores avaliados. Isto demonstra que o caractere está sofrendo influências, em maior magnitude, de locos em heterozigose, resultado do vigor híbrido encontrado nos híbridos comerciais. Para este caractere houve uma quebra de rendimento expressiva entre os genitores e suas gerações S_1 , resultado da alta incidência de genes deletérios encontrados na população segregante.

Na Tabela 4, encontram-se os valores de depressão por endogamia para os caracteres PE, PC e PF. Para estes caracteres não se encontrou significância, a 5% de probabilidade pelo teste *t*, para todos os genótipos avaliados. Isto demonstra que a expressão de genes em aditividade é mais importante do que aqueles não aditivos. Para o desenvolvimento de híbridos e/ou população deve-se buscar o cruzamento entre linhagens parentais que não sejam muito contrastantes quanto a estes caracteres, pois o sucesso do híbrido e/ou população dependerá de qualidades provindas de ambos os parentais envolvidos no cruzamento.

Como houve interação significativa entre os genótipos e ambientes, avaliou-se a depressão por endogamia de acordo com o desempenho dos genótipos, para os caracteres MS e AP, em cada ambiente. Observa-se na Tabela 5 que não houve diferenças significativas entre os genitores e suas gerações S_1 , para a maioria dos genótipos avaliados. Para AP, observa-se que o genitor P30B39 apresentou diferenças significativas, entre seu desempenho *per se* e sua geração S_1 , nos dois ambientes avaliados, este, apresenta uma maior frequência de genes não aditivos para o caractere quando comparado aos demais genitores.

Na Tabela 6 encontram-se os valores de depressão por endogamia para os caracteres referentes à qualidade da forragem. Para estes caracteres, observa-se que efeitos gênicos não aditivos não são de muita importância quando comparado aos efeitos de aditividade, pois na maioria dos casos, não houve diferenças significativas entre os genitores *per se* e suas respectivas gerações S_1 . Neste caso o trabalho do melhorista, para a síntese de híbridos e/ou populações com alta qualidade nutricional, é bem maior, pois ele deve trabalhar com parentais, masculino e feminino, com alta qualidade nutricional, com o intuito de que o híbrido e/ou população tenha uma alta frequência de genes em aditividade para estes caracteres de interesse.

Conclusão

Dentre os genitores estudados, não se observou uma depressão por endogamia significativa, demonstrando haver alto índice de genes em aditividade, relacionado à expressão dos caracteres avaliados. Uma exceção foi o caractere rendimento de grãos, que apresentou depressão por endogamia significativa para a maioria dos genitores, demonstrando

a expressão de efeitos de dominância no seu controle. Pode ser uma boa opção direcionar estes genitores para programas de seleção recorrente, de modo a reduzir a frequência dos alelos deletérios.

Literatura Citada

FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. 3rd ed. New York: Longman, 1989.

GARBUGLIO, D. D. Variabilidade genética em progênies S1 e depressão por endogamia em populações de milho (*Zea mays L.*). 2007. 135 f. Dissertação (Mestrado em agronomia) - Universidade de São Paulo Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2007.

ZHANG, Y. et al. Diallel-SAS05: a comprehensive program for Griffing's and Gardner-eberhart analyses. *Agronomy Journal*, Madison, v.97, p.1097-1106, 2005.

Tabela 1. Análise de variância conjunta dos genitores e de suas gerações S₁ para os caracteres: massa verde (MV), matéria de seca (MS), rendimento de grãos (RG), *stay green* (SG), porcentagem de espiga, porcentagem de colmo, porcentagem de folha, altura de planta (AP) e altura de espiga (AE).

Caracteres	QM				CV (%)	Média
	Genótipos	Ambientes	Gen. x Amb.	Resíduo		
GL	17	1	17	68	-	-
MV (t.ha ⁻¹)	209,63*	3981,92*	84,01ns	53,90	14,52	50,54
MS (t.ha ⁻¹)	34,34ns	311,20ns	17,60*	7,61	16,49	16,72
RG (t.ha ⁻¹)	25,43*	13,93ns	1,25ns	1,19	15,72	6,94
SG ¹	2,48*	17,44*	0,17ns	0,24	22,88	2,17
% Espiga	31,46*	36,13ns	10,06ns	7,03	6,85	38,72
% Colmo	28,93*	100,51ns	9,57ns	7,16	6,05	44,23
% Folha	8,30*	257,39*	3,51ns	3,59	11,11	17,04
AP (m)	0,22*	0,65*	0,01*	0,01	3,68	2,12
AE (m)	0,06	1,47	0,01	0,01	5,40	1,15

* Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade; ns não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.
1 Número de folhas senescentes por planta.

Tabela 2. Análise de variância dos genitores e de suas gerações S₁ para os caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).

Caracteres	QM			Média
	Genótipos	Resíduo	CV	
GL	17	34	-	-
Proteína (%)	1,36*	0,36	8,25	7,30
FDN (%)	39,23*	7,36	4,04	67,07
FDA (%)	15,04*	4,40	7,23	29,01
Lignina (%)	2,38ns	1,35	15,32	7,58
MM (%)	0,63*	0,24	11,62	4,21
MO (%)	0,63*	0,24	0,51	95,78

* Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade; ns não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 3. Depressão por endogamia em porcentagem dos caracteres: massa verde (MV), rendimento de grãos (RG), *stay green* (SG) e altura de espiga (AE).

Genitores	MV (t.ha ⁻¹)	RG (t.ha ⁻¹)	SG ¹	AE (m)
1: Impacto	-0,31ns	34,98*	-7,50ns	11,95ns
2: Cargo	18,00ns	41,51*	-40,68ns	9,63ns
3: P30B39	11,84ns	45,82*	30,43ns	17,00ns
4: P30P34	16,36ns	40,95*	18,35ns	13,83ns
5: P30R50	12,78ns	47,79*	-5,20ns	11,12ns
6: CD304	9,64ns	38,77ns	21,11ns	10,90ns
7: CD308	18,83ns	44,42*	-20,91ns	13,87ns
8: 2B710	17,34ns	12,28ns	-8,34ns	0,74ns
9: DKB390	7,44ns	34,97*	32,88ns	13,30ns

* Significativo pelo teste t a 5% de probabilidade; ns não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

1 Número de folhas senescentes por planta.

Valores negativos diz respeito a superioridade dos S_{1's} e valores positivos diz respeito a superioridade dos genitores.

Tabela 4. Depressão por endogamia em porcentagem dos caracteres: massa verde (MV), rendimento de grãos (RG), *stay green* (SG) e altura de espiga (AE).

Genitores	%Espiga	%Colmo	%Folha
1: Impacto	3,87ns	-2,91ns	-2,13ns
2: Cargo	7,32ns	-9,89ns	8,61ns
3: P30B39	-7,29ns	3,45ns	8,70ns
4: P30P34	9,25ns	-12,29ns	8,10ns
5: P30R50	4,91ns	-3,85ns	-0,85ns
6: CD304	-4,64ns	-3,10ns	17,03ns
7: CD308	6,26ns	-5,69ns	-0,42ns
8: 2B710	3,59ns	-1,61ns	-5,07ns
9: DKB390	7,39ns	-4,67ns	-4,19ns

* Significativo pelo teste t a 5% de probabilidade; ns não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

Valores negativos diz respeito a superioridade dos S_{1's} e valores positivos diz respeito a superioridade dos genitores.

Tabela 5. Depressão por endogamia em porcentagem dos caracteres: matéria seca (MS) e altura de planta (AP).

Genitores	MS (t.ha ⁻¹)		AP (m)	
	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2
1: Impacto	9,60ns	-10,18ns	12,38ns	10,35ns
2: Cargo	10,81ns	33,40*	6,84ns	5,38ns
3: P30B39	47,33*	16,69ns	16,00*	17,89*
4: P30P34	26,07ns	18,30ns	10,62ns	6,68ns
5: P30R50	24,35ns	8,01ns	6,95ns	13,28*
6: CD304	18,10ns	-9,09ns	10,34ns	9,98ns
7: CD308	29,41ns	9,93ns	8,70ns	18,54*
8: 2B710	-10,62ns	20,26ns	7,19ns	1,36ns
9: DKB390	34,69ns	18,24ns	9,45ns	14,79*

* Significativo pelo teste t a 5% de probabilidade; ns não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

Valores negativos diz respeito a superioridade dos S_{1s} e valores positivos diz respeito a superioridade dos genitores.

Tabela 6. Depressão por endogamia em porcentagem dos caracteres: proteína, fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina, matéria mineral (MM) e matéria orgânica (MO).

Genitores	Proteína	FDN (%)	FDA (%)	Lignina	MM (%)	MO (%)
	(%)			(%)		
1: Impacto	9,04ns	-4,91ns	-7,14ns	-1,20ns	-37,95ns	1,29ns
2: Cargo	-7,05ns	0,49ns	12,06ns	-34,76ns	-28,69ns	1,18ns
3: P30B39	-25,17ns	14,73*	4,40ns	4,29ns	-7,37ns	0,29ns
4: P30P34	-24,80*	0,26ns	-3,73ns	-12,86ns	-6,81ns	0,31ns
5: P30R50	4,54ns	2,81ns	-5,43ns	0,89ns	11,65ns	-0,59ns
6: CD304	-4,86ns	1,46ns	-2,28ns	10,45ns	8,19ns	-0,37ns
7: CD308	-10,98ns	3,89ns	4,71ns	1,18ns	-3,80ns	0,17ns
8: 2B710	6,08ns	-0,07ns	-2,65ns	11,21ns	18,39ns	-0,84ns
9: DKB390	-0,97ns	3,80ns	-22,02*	-27,18ns	-24,91ns	0,92ns

* Significativo pelo teste t a 5% de probabilidade; ns não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

Valores negativos diz respeito a superioridade dos S_{1s} e valores positivos diz respeito a superioridade dos genitores.