

Evento: XXVII Seminário de Iniciação Científica

AMINOÁCIDOS E MINERAIS ACUMULADOS NOS GRÃOS DE GENÓTIPOS DE MILHO¹

AMINO ACIDS AND MINERALS ACCUMULATED IN GRAINS OF CORN GENOTYPES

**Ester Mafalda Matter², Maurício Horbach Barbosa³, Vitor Quadros⁴,
Jaqueline Piesanti Sangiovo⁵, Robison Davi Patias Furlan⁶, Ivan Ricardo
Carvalho⁷**

¹ Pesquisa Institucional desenvolvida no Departamento de Estudos Agrários- DEAg/UNIJUI

² Estudante Agronomia/bolsista PIBIC/CNPq, DEAg/UNIJUI, estermafaldamatter@gmail.com

³ Estudante de Agronomia mestrando em agronomia, UFPel, hbmauricio95@gmail.com

⁴ Engenheiro Agrônomo, vitorquadrosde@gmail.com

⁵ Estudante de Agronomia/bolsista voluntário, DEAg/UNIJUI, jaquelinesangiovo@hotmail.com

⁶ Estudante de Agronomia/bolsista voluntário, DEAg/UNIJUI, robsonpatiasfurlan@hotmail.com

⁷ Professor orientador, Pós Doutor, DEAg/UNIJUI, ivan.carvalho@unijui.edu.br

INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) originário da América Central e cultivado em todo o Brasil tem grande importância econômica, devido às diversas formas de sua utilização, desde a alimentação humana e animal até a indústria de alta tecnologia e utilização na produção de biocombustíveis (FORNASIERI FILHO, 2007). Na atualidade, o melhoramento genético do milho em muitos casos evidencia o incremento quantitativo da produtividade de grãos (LIMA; BELLAVER, 1999).

Alguns nichos do mercado consumidor preconizam e ou necessitam de um maior valor nutricional agregado aos grãos produzidos. Diante disto, é pertinente a necessidade de obter genótipos nutricionalmente superiores, pois o consumo do milho com elevada qualidade poderá minimizar a carência alimentar, nutricional e ainda prevenir algumas doenças (COSTA; BORÉM, 2013), melhorar a conformação da dieta de populações subnutridas que utilizam o milho como base da alimentação diária, conforme alguns pesquisadores ressaltam estes casos em populações do nordeste brasileiro (OLIVEIRA JUNIOR et al., 2011), México e África (PAES, 2006). Neste contexto, é necessário incrementar constantemente os níveis produtivos do milho, o que se tornaria possível através do aumento da área semeada, uso das melhores tecnologias de manejo e genótipos mais produtivos (CARVALHO et al., 2014). Assim para que se tenha uma contribuição ao melhoramento genético de plantas, se faz a utilização de ferramentas estatísticas, que proporcionam agilidade e auxílio técnico nas etapas de seleção para que se alcance os objetivos de forma mais rápida. As contribuições do que tange a expressão genética da resposta está atribuída a ações alélicas e não alélicas, as quais definem os caracteres de acordo com o arranjo alélico e gênico do indivíduo. O objetivo desse trabalho foi estimar a heterose, componentes de a variância e parâmetros genéticos utilizando uma abordagem multivariada para definir a herdabilidade para os componentes do rendimento e nutricionais em progênies de meios-irmãos de milho.

METODOLOGIA

Evento: XXVII Seminário de Iniciação Científica

O experimento foi realizado no ano safra agrícola de 2015/2016 no Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Universidade Federal de Pelotas. Os genótipos que foram utilizados, tiveram seu cultivo no Centro Agropecuário da Palma em Capão do Leão - RS. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com um genitor paterno (híbrido testador), cinco linhagens endogâmicas (S5) consideradas genitoras maternas progênes (híbridos Top Cross) totalizando 11 genótipos de milho em 6 repetições. A semeadura foi realizada nas primeiras semanas do mês de dezembro de 2015, de forma manual se empregando a densidade de 80 mil plantas por hectare. Se utilizou uma adubação de base de 350 kg.ha⁻¹ de NPK na Formula 10-20-20, no estágio fenológico de V4 realização de aplicação de cobertura de 112 kg.ha⁻¹ de nitrogênio, os tratos culturais foram realizados de acordo com as necessidades da cultura. Cada unidade experimental era composta por duas linhas de semeadura com cinco metros de comprimento e espaçamento de 0,5 metros entre linhas, a colheita realizada nas últimas duas semanas do mês de abril de 2016. Os caracteres nutricionais foram mensurados antes da semeadura, trituradas em moinho Marconi MA020 com peneira de 0,053 mm para que assim cada genótipo fosse subdividido em seis amostras de 100 gramas, posteriormente foram mensurados os teores de ferro (Fe, mg kg⁻¹), cobre (Cu, mg kg⁻¹), zinco (Zn, mg kg⁻¹), sódio (Na, mg kg⁻¹) e manganês (Mn, mg kg⁻¹) contidos nas sementes utilizadas. Para tanto foram realizadas também a mensuração dos caracteres de Rendimento de Grãos (RG) e com o auxílio do método LC-ESI-qToF-MS de espectrometria de massas para quantificar as intensidades de aminoácidos contidos nas sementes sendo eles Alanina (AL), Arginina (AR), Asparagina (AS), Cisteína (CI), Glutamina (GU), Glicina (GL), Prolina (PR), Serina (SE), Histidina (HI), Triptofano (TO), Treonina (TI), Metionina (MT), Fenilalanina (PH). Com os resultados obtidos foram realizados alguns testes estatísticos, sendo eles, análise de variância (ANOVA), teste de Scott e Knott (1974), Rede de Correlações, Agrupamento de Tocher, com a utilização da Distancia Euclidiana Média se empregou o método Unweighted Pair Grouping Method with Arithmetic Mean (UPGMA), e também a utilização do método de Singh (1981), para revelar qual caractere contribuiu para diferencia-los (CRUZ et al., 2012). As análises foram realizadas através do Microsoft Excel e GENES (CRUZ, 2013).**RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Para o teste de Skott & Knott (1974), que é um agrupamento realizado através de resultados de média foram obtidos diversos grupos de acordo com a característica que foi analisada, onde que para Alanina (AL), Arginina (AR), Asparagina (AS), Cisteína (CI), Glutamina (GU), Glicina (GL), Prolina (PR), Histidina (HI), Triptofano (TO), Treonina (TI), Metionina (MT), Fenilalanina (PH), cobre (Cu), sódio (Na) e manganês (Mn) o teste apresentou alta variabilidade genética. Já para as características de Serina (SE), Histidina (HI), ferro (Fe), zinco (Zn) o teste apresentou baixa variabilidade genética. É possível notar a divergência genética entre as populações utilizadas de acordo com a estatística S_j proposta por Singh (1981), de modo que a característica que contribui para a maior variabilidade genética é o de Prolina, representando 30,13% do total. Outros caracteres também tiveram alta contribuição como o caso do Manganês, Arginina, Asparagina e Triptofano, tendo resultados de 19,5%, 18,62%, 10,72%, e 10,88% respectivamente.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para o agrupamento de médias, os caracteres analisados não diferiram estatisticamente, para o teste de Skott & Knott (1974), que é um agrupamento realizado através de resultados das médias

Evento: XXVII Seminário de Iniciação Científica

foram obtidos diversos grupos de acordo com a característica que foi analisada, onde que para Alanina (AL), Arginina (AR), Asparagina (AS), Cisteína (CI), Glutamina (GU), Glicina (GL), Prolina (PR), Histidina (HI), Triptofano (TO), Treonina (TI), Metionina (MT), Fenilalanina (PH), cobre (Cu), sódio (Na) e manganês (Mn) o teste apresentou alta variabilidade genética. Já para as características de Serina (SE), Histidina (HI), ferro (Fe), zinco (Zn) o teste apresentou baixa variabilidade genética. É possível notar a divergência genética entre as populações utilizadas de acordo com a estatística S_j proposta por Singh (1981), de modo que a característica que contribui para a maior variabilidade genética é o de Prolina, representando 30,13% do total. Outros caracteres também tiveram alta contribuição como o caso do Manganês, Arginina, Asparagina e Triptofano, tendo resultados de 19,5%, 18,62%, 10,72%, e 10,88% respectivamente.

Tabela 1. Agrupamento de médias por Scott-Knott a partir dos caracteres de interesse

GENÓTIPOS		RG	AL	AR	AS	CI	GU	GL	PR	SE	HI	TO	TI	MT	PH	Fe	Cu	Zn	Na	Mn
HD	HD	1	3	2	5	3	3	5	4	2	1	2	1	1	3	1	3	2	1	5
LS5	L265	2	2	3	2	2	3	5	7	1	1	3	3	3	3	1	3	1	1	1
LS5	L389	3	1	4	1	1	2	4	1	2	1	4	2	2	2	1	3	2	3	5
LS5	L255	3	3	1	7	2	2	2	6	2	1	1	5	5	3	1	2	2	2	6
LS5	L262	3	2	7	2	2	2	6	7	2	1	5	3	3	2	1	3	2	3	4
LS5	L258	3	3	6	4	2	2	3	4	2	1	2	2	1	2	1	5	2	3	6
HTopC	H255/HD	2	4	5	8	2	2	5	2	2	1	3	4	4	3	1	4	2	3	7
HTopC	H265/HD	2	4	7	6	3	3	3	5	2	1	3	1	1	3	1	1	2	2	2
HTopC	L262/HD	2	3	7	6	2	2	6	5	2	1	5	4	4	3	1	3	2	2	3
HTopC	H258/HD	1	3	5	4	2	2	1	3	2	1	1	3	2	1	1	4	2	1	6
HTopC	H389/HD	3	3	4	2	2	2	5	4	2	1	5	3	2	2	1	2	2	3	4

Médias seguidas pelo mesmo número, na mesma coluna, pertencem a um mesmo grupo (Scott-Knott, 1974); Rendimento de grãos (RG) Alanina (AL), Arginina (AR), Asparagina (AS), Cisteína (CI), Glutamina (GU), Glicina (GL), Prolina (PR), Serina (SE), Histidina (HI), Triptofano (TO), Treonina (TI), Metionina (MT), Fenilalanina (PH), Cobre (Cu), Sódio (Na) e manganês (Mn), Ferro (Fe), Zinco (Zn)

Evento: XXVII Seminário de Iniciação Científica

Tabela 2. Contribuição relativa dos caracteres

Contribuição relativa (%)	
RG	0,6
AL	0,2
AR	18,6
AS	10,7
CI	0,2
GU	0,8
GL	0,4
PR	30,1
SE	0,2
HI	0,4
TO	10,9
TI	1,1
MT	2,3
PH	0,2
Fe	0,1
Cu	2,6
Zn	0,3
Na	0,7
Mn	19,5

Rendimento de grãos (RG) Alanina (AL), Arginina (AR), Asparagina (AS), Cisteína (CI), Glutamina (GU), Glicina (GL), Prolina (PR), Serina (SE), Histidina (HI), Triptofano (TO), Treonina (TI), Metionina (MT), Fenilalanina (PH), Cobre (Cu), Sódio (Na) e manganês (Mn), Ferro (Fe), Zinco (Zn)

Tabela 3. Agrupamento de Tocher

GENÓTIPOS		Tocher Multivariado
HD	HD	2
LS5	L265	3
LS5	L389	1
LS5	L255	2
LS5	L262	1
LS5	L258	1
HTopC	H255/HD	1
HTopC	H265/HD	1
HTopC	L262/HD	1
HTopC	H258/HD	1
HTopC	H389/HD	1

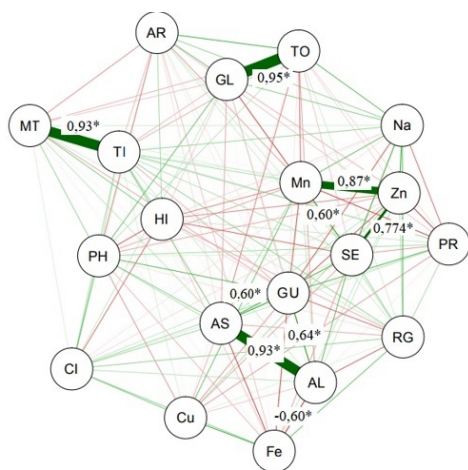


Figura 1. Rede de correlações fenotípicas de características químicas de sementes de milho. As linhas vermelhas representam correlações negativas e as verdes representam correlações positivas. A espessura da linha é proporcional à magnitude da correlação. Rendimento de grãos (RG) Alanina (AL), Arginina (AR), Asparagina (AS), Cisteína (CI), Glutamina (GU), Glicina (GL), Prolina (PR), Serina (SE), Histidina (HI), Triptofano (TO), Treonina (TI), Metionina (MT), Fenilalanina (PH), Cobre (Cu), Sódio (Na) e manganês (Mn), Ferro (Fe), Zinco (Zn)

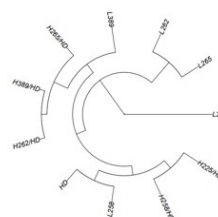


Figura 2. Dendrograma obtido pela distância genética a partir dos caracteres Rendimento de grãos (RG) Alanina (AL), Arginina (AR), Asparagina (AS), Cisteína (CI), Glutamina (GU), Glicina (GL), Prolina (PR), Serina (SE), Histidina (HI), Triptofano (TO), Treonina (TI), Metionina (MT), Fenilalanina (PH), Cobre (Cu), Sódio (Na) e manganês (Mn), Ferro (Fe), Zinco (Zn)

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O agrupamento revelou alta variabilidade para Alanina, Arginina, Asparagina, Cisteína, Glutamina, Glicina, Prolina, Serina, Histidina, Triptofano, Treonina, Metionina, Fenilalanina, Ferro, Cobre,

Evento: XXVII Seminário de Iniciação Científica

Zinco, Sódio e Manganês, estas características ficam em destaque pela importância de caracterizar a variabilidade entre cruzamento de indivíduos diferentes. Já as características de Serina, Histidina, Ferro e Zinco apresentaram baixa variabilidade genética. Houve correlação com amplitude de 0,2 a 30,1% entre as variáveis de estudo.

Palavras chave: Herdabilidade; Produtividade; *Zea mays* L.

Key Words: Heritability; Productivity; *Zea mays* L.

REFERÊNCIAS

- FORNASIERI FILHO, D. Manual da cultura do milho. Jaboticabal: FUNEP, 2007. 576 p.
- LIMA, G. J. M. M.; BELLAVER, C. Grãos de valor agregado na produção rações para aves, Embrapa - CNPSA, v.1, n.1, p.36-46, 1999.
- COSTA, N. M. B.; BORÉM, A. Biotecnologia em Saúde e Nutrição: Como o DNA pode enriquecer os alimentos. 2. ed. Rio de Janeiro: Editora Rubio, 2013. 250p.
- OLIVEIRA JUNIOR, G. I.; MORAES, V. B.; COSTA, N. M. B.; PAES, M. C. D. Importância nutricional do milho - Milho biofortificado. 1.ed.Viçosa: Suprema Gráfica e Editora, 2011. 124p.
- PAES, M. C. D. Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho.1.ed. Brasília: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 27p.
- CARVALHO, I.R.; DE SOUZA, V.Q.; FOLLMANN, D.N.; NARDINO, M.; SCHMIDT, D. Desempenho agrônomo de híbridos de milho em ambiente irrigado e sequeiro. Enciclopédia Biosfera. v.10, n.18, p.1144-1153, 2014.