

**Evento:** XXVII Seminário de Iniciação Científica

## **EXPRESSÃO ISOENZIMÁTICA DE LINHAGES ENDOGÂMICAS S1 DE MILHO<sup>1</sup>**

### **ISOZYMATIC EXPRESSION OF ENDOGAMIC CORN S1 LINES**

**Ricardo De Oliveira Schneider<sup>2</sup>, Jaqueline Piesanti Sangiovo<sup>3</sup>, Leomir Morizzo<sup>4</sup>, Valéria Escao Bubans<sup>5</sup>, Ivan Ricardo Carvalho<sup>6</sup>**

<sup>1</sup> projeto de pesquisa realizado no curso de agronomia da unijui

<sup>2</sup> Aluno do Curso de Graduação em Agronomia da UNIJUI, rricardoschneider@hotmail.com

<sup>3</sup> Aluno do Curso de Graduação em Agronomia da UNIJUI, jaquelinesangiovo@hotmail.com

<sup>4</sup> Aluno do Curso de Graduação em Direito da UNIJUI, leomirmorizzo@hotmail.com

<sup>5</sup> Aluno do Curso de Graduação em Direito da UNIJUI, valeriabubans@hotmail.com

<sup>6</sup> Prof. Orientador Pós Dr DEAg/UNIJUI, ivan.carvalho@unijui.edu.br

#### **INTRODUÇÃO**

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie pertencente à família Poaceae e é considerado uma das culturas mais exploradas no mundo, sendo o Brasil o terceiro maior produtor e o segundo maior exportador de grãos de milho (PEIXOTO, 2014). Em 2017, o Brasil produziu mais de um bilhão de toneladas de grãos através de várias culturas agrícolas, destes 97,84 milhões foram de milho (CONAB, 2018). Esta tem importância no agronegócio sendo a base da sustentação para a propriedade rural. Contudo, evidencia papel crucial para a rotação de culturas pois minimiza os ciclos de patógenos e reflete em alto índice de colheita tanto para silagem como grãos.

Muitos são os estudos que refletem os principais aspectos de importância agrônômica para a cultura do milho, no entanto, poucos são aqueles que atribuem noções do perfil isoenzimático das sementes do milho. As isoenzimas podem ser compreendidas como variações atribuídas a uma determinada enzima, ou seja, um complexo isoenzimático. Estes aspectos são imprescindíveis para a seleção através de marcadores bioquímicos para o melhoramento genético da cultura. Dentre as principais isoenzimas estudadas destacam-se a esterase (EST, EC 3.1.1.1), fosfatase ácida (ACP, EC 3.1.3.2), glutamato oxaloacetato transaminase (GOT, EC 2.6.1.1). Desta forma, o objetivo deste trabalho foi evidenciar as alterações nos caracteres de importância agrônômica e nas isoenzimas intrínsecas às sementes de linhagens endogâmicas S1 de milho

#### **MATERIAL E MÉTODOS**

O experimento foi conduzido no município de Capão do Leão-RS, na safra agrícola de 2018/2019, onde o clima é caracterizado por Köppen-Geiger, como Cfa, Subtropical Úmido (WREGE et al., 2011). O solo é classificado como Planossolo Háplico Eutrófico Solódico.

O experimento foi conduzido em delineamento de blocos aumentados, onde utilizou-se dois híbridos simples como testemunhas sendo estas dispostas em três repetições, e 50 linhagens endogâmicas S1. Implantou-se o experimento na primeira quinzena de dezembro de 2018 e

**Evento:** XXVII Seminário de Iniciação Científica

posteriormente a colheita foi realizada na segunda quinzena de abril de 2019. Os caracteres mensurados foram: comprimento da espiga (CE: cm), condutividade elétrica (CES:  $\mu\text{S cm}^{-1} \text{g}^{-1}$ ), diâmetro da espiga (DE: cm), massa da espiga (ME: g), número de sementes por fileira da espiga (NGF: unidades), número de fileiras de sementes da espiga (NF: unidades), massa de sementes da espiga (MGE: g), diâmetro do sabugo (DS: mm), massa do sabugo (MS: g), massa de cem sementes (MCG: g), comprimento da semente (CG:mm), largura da semente (LG:mm), espessura da semente (EG:mm), fosfatase ácida (ACP: Mol w-1), esterase (EST: Mol w-1), Oxalacetato Transaminase (GOT: Mol w-1).

Os dados obtidos foram submetidos às pressuposições do modelo estatístico normalidade e homogeneidade das variâncias residuais. Posteriormente, realizou-se a análise descritiva dos caracteres de importância, estimou-se a correlação linear com intuito de estabelecer a tendência de associação entre os caracteres a 5% de probabilidade pelo teste t. Após empregou-se o algoritmo Euclidiano médio com a finalidade de obter as distâncias genéticas entre os genótipos e estabelecer o perfil multivariado destes. Obteve-se a importância relativa dos caracteres pelo método do Singh (1981) e o agrupamento otimizado de Tocher após empregou-se o agrupamento UPGMA para confeccionar o dendrograma.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados evidenciam que espigas com maiores dimensões tanto em extensão como diâmetro (CE  $r=0,29$ ; DE  $r=0,51$ ) resultam em maior expressão do complexo isoenzimático da enzima esterase. Espigas com elevada massa de sementes e número de sementes por fileira, bem como, maiores dimensões do sabugo incrementam a expressão da esterase (ME  $r=0,24$ ; NGF  $r=0,31$ ; MGE  $r=0,41$ ; DS  $r=0,44$  e MS  $r=0,41$ ).

O método referente a contribuição relativa de Singh (1981) tem a finalidade de definir quais foram os caracteres determinantes para a distinção das linhagens endogâmicas S1, sendo estes: massa de sementes por espiga (9,56%), comprimento de espiga (8,91%), diâmetro da espiga (8,48%), número de sementes por fileira da espiga (8,29%). Sendo estes caracteres imprescindíveis para as mensurações em trabalhos futuros de melhoramento, estes auxiliaram na seleção de genótipos promissores através de sua alta variabilidade.

O agrupamento otimizado de Tocher é baseado na distância Euclidiana média, onde agrupa de maneira multivariada os genótipos mais homogêneos internamente ao grupo e maximiza a heterogeneidade entre os grupos. Desta forma, o grupo I é composto por 90% dos genótipos estudados, sendo estes: L8, L11, L37, L23, L32, L21, L7, L10, L1, L19, L25, L4, L13, L17, L12, L34, L24, L22, L9, L20, L29, L27, L30, L39, L43, L41, L49, L38, L31, L50, L42, L35, L44, L48, L40, L46, L33, L2, L45, L15, L28, L5, L26, L14 e L36. Contudo, o grupo II foi composto por 6% dos genótipos sendo estes: L16, L28, L3. Para o grupo III e IV, agrupou-se 2% dos genótipos estudados em cada grupo, sendo estes L6, L47 respectivamente. Define-se, portanto que o melhorista que tiver o interesse em obter efeitos heteróticos deve combinar linhagens que estejam alocados em grupos distintos.

**Evento:** XXVII Seminário de Iniciação Científica

Diante das 50 linhagens endogâmicas S1 estudadas e representadas no dendrograma foi possível visualizar a formação de três grandes grupos. No grupo I foi composto por 58% dos genótipos, sendo estes: L8, L11, L9, L19, L17, L16, L18, L5, L12, L20, L22, L15, L10, L7, L21, L4, L13, L32, L37, L23, L24, L25, L27, L34, L3, L15, L2, L14, L28. O grupo II foi composto por 40% dos genótipos, sendo estes: L41, L28, L41, L42, L35, L40, L48, L33, L45, L29, L30, L38, L39, L43, L50, L46, L49, 31, L44, L47, L26, L36. Já o grupo III foi composto por 2% dos genótipos, sendo este: L6.

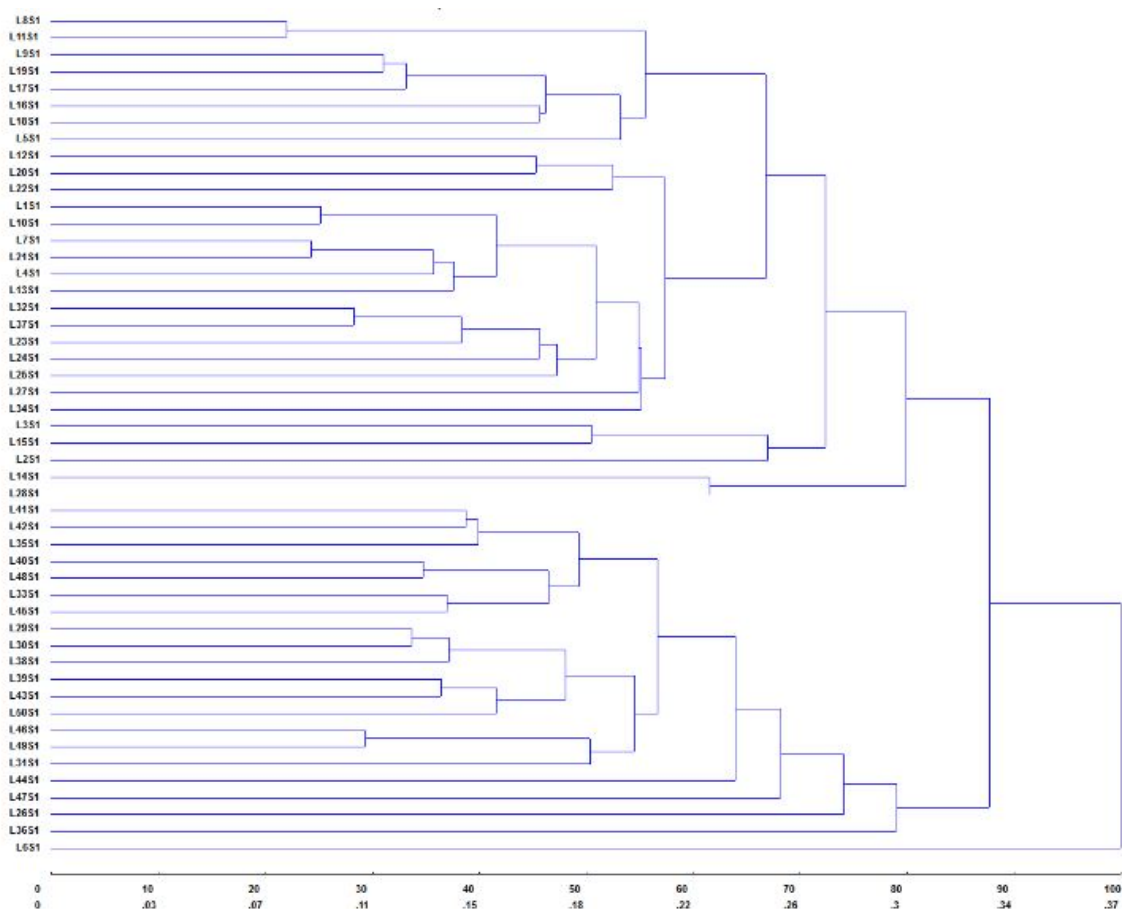


Figura 1: Dendrograma obtido pela distância genética das linhagens endogâmicas S1.

Estas atribuições remetem a grande variabilidade genética expressa nesta geração de melhoramento, logo o melhorista deve atenuar-se em selecionar a melhor linhagem que maximize os aspectos agronômicos, para que esta possa ser direcionada a futuros cruzamentos.

### CONSIDERAÇÕES FINAIS

**Evento:** XXVII Seminário de Iniciação Científica

Associações são expressas entre a esterase com espigas maiores e superiores em massa de sementes e número de sementes por fileira.

Os caracteres determinantes para distinguir as linhagens as linhagens endogâmicas são massa de sementes por espiga, comprimento, diâmetro e número de sementes por fileira.

Os métodos de agrupamento permitiram a formação de vários grupos, sendo imprescindíveis para direcionar as estratégias de seleção de linhagens superiores.

#### REFERÊNCIAS

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Séries históricas. 2018. Disponível em: Acesso em: 23 de maio de 2019.

PEIXOTO, C.M. O milho no Brasil, sua importância e evolução. 2014. Disponível em: Acesso em: 23 de maio de 2019.

WREGGE, Marcos Silveira et al. Atlas climático da região sul do Brasil: estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Pelotas: Embrapa Clima Temperado; Colombo: Embrapa Florestas, 2012., 2012.