



Evento: XXVIII Seminário de Iniciação Científica

## INTERRELAÇÕES DA PRODUTIVIDADE E QUANTIFICAÇÃO DE ASSIMILADOS EM GENÓTIPOS DE MILHO<sup>1</sup>

### INTERRELATIONS OF PRODUCTIVITY AND QUANTIFICATION OF ASSIMILATES IN MAIZE GENOTYPES

**Thalia Aparecida Segatto<sup>2</sup>, Ivan Ricardo Carvalho<sup>3</sup>, Danieli Jacoboski Hutra<sup>4</sup>, Murilo Vieira Loro<sup>5</sup>, Aline Danielle Novello da Silva<sup>6</sup>, Pedro Nascimento Pinheiro Machado<sup>7</sup>**

<sup>1</sup>Projeto de pesquisa desenvolvido no Programa de Melhoramento Genético (UNIJUI);

<sup>2</sup>Engenheira agrônoma, voluntária do Programa de Melhoramento Genético (UNIJUI), thalia\_segatto1@hotmail.com;

<sup>3</sup>Ivan Ricardo Carvalho – Pós Doutor, docente da Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul – (UNIJUI), carvalho.irc@gmail.com;

<sup>4</sup>Engenheira agrônoma mestranda do Programa de Pós-Graduação em Sistemas Ambientais e Sustentabilidade (PPGSAS) – (UNIJUI), danielihutra@gmail.com;

<sup>5</sup>Engenheiro agrônomo pós-graduando em Estatística e Modelagem Quantitativa (UFSM). Pós-graduando em biotecnologia (UEM). Mestrando no Programa de Pós Graduação em Agronomia (PPGA) - (UFSM), muriloloro@gmail.com;

<sup>6</sup>Aluna de graduação em Agronomia, bolsista Programa de Melhoramento Genético (UNIJUI), aline.silva@sou.unijui.edu.br;

<sup>7</sup>Aluno de graduação em Agronomia, bolsista Programa de Melhoramento Genético (UNIJUI), pedro0105.5@gmail.com

### RESUMO

O milho (*Zea mays* L.) é uma das mais importantes culturas agrícolas, possui diversos usos, como fabricação de biocombustível, alimentação animal e principalmente na alimentação humana, sendo um dos grãos de maior relevância no consumo. Possui teores de proteínas baixos e pobres em aminoácidos essenciais, o que pode ser melhorado com o uso da biotecnologia e melhoramento genético. Diante disso o objetivo desse trabalho foi identificar correlações lineares e de herdabilidade no que tange a interação dos ambientes na quantificação de assimilados encontrados nos diferentes genótipos de milho. O trabalho foi conduzido na safra 2015/2016 em Capão do Leão – RS, utilizou-se delineamento de blocos casualizados com um genitor paterno (híbrido testador), e cinco linhagens endogâmicas (S5) considerados genitores maternos progênes (híbridos Top Cross) totalizando 11 genótipos de milho em 6 repetições. Realizou-se a avaliação das variáveis de fenóis, aminoácidos e minerais. Onde apresentaram maiores correlações para massa de cem grãos e produtividade de grãos, triptofano, metionina, zinco e manganês. A linhagem que apresentou maior quantificação dos metabólitos foi H265/CD308. Onde pode-se concluir que os genótipos apresentaram variabilidade para esse fator.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L. Genética. Alimentação.

### INTRODUÇÃO



O milho é considerado uma das maiores culturas agrícolas do mundo, ficando à frente de cereais muito importantes como arroz e trigo e ultrapassando um bilhão de toneladas de grãos. Esse fato se deve as diversas funções que o grão apresenta, de muita importância para alimentação humana e também animal, além do cultivo em todas as partes do país (CONTINI et al., 2019). Atualmente apenas o consumo doméstico total de milho corresponde a 72,9 milhões de toneladas de grãos no Brasil (CONAB, 2020).

Entretanto quando analisada como fonte proteica o milho apresenta insuficiências, por apresentar além de baixo teor de proteína (cerca de 10%) uma baixa qualidade biológica em termos de aminoácidos essenciais para a alimentação humana (SANTOS et al., 2018). De mesma forma, é importante a quantificação centesimal do milho para conhecer o teor de aminoácidos dos elementos utilizados na fabricação de rações para os animais, buscando uma maior eficácia na utilização dos alimentos, e também proporcionando uma nutrição mais adequada a esses animais (PIOVESAN et al., 2010).

É de extrema importância quantificar e identificar os ambientes com uma maior propensão a expressão de aminoácidos e minerais, para que se possa incrementar esses teores e ainda podendo destinar esses produtos enriquecidos naturalmente a um nicho de mercado específico. Diante disso o objetivo desse trabalho foi identificar correlações lineares e de herdabilidade no que tange a interação dos ambientes na quantificação de assimilados encontrados nos diferentes genótipos de milho.

## **METODOLOGIA**

O experimento foi realizado no ano agrícola de 2015/2016 no Centro de Genômica e Fitomelhoramento da Universidade Federal de Pelotas no Centro Agropecuário da Palma em Capão do Leão – RS. Utilizou-se delineamento de blocos casualizados com um genitor paterno (híbrido testador) e cinco linhagens endogâmicas (S5) considerados genitores maternos progênies (híbridos Top Cross) totalizando 11 genótipos de milho em 6 repetições. A semeadura foi realizada na primeira quinzena do mês de dezembro de 2015, utilizando densidade de 80 mil plantas por hectare. Foi feita adubação de base de 350 kg ha<sup>-1</sup> de NPK na concentração 10-20-20, realizou-se aplicação de cobertura de 112 kg ha<sup>-1</sup> de nitrogênio durante o estágio V4, os tratos culturais foram realizados conforme recomendação da cultura. As unidades experimentais eram compostas por duas linhas de semeadura contendo cinco metros de



comprimento e espaçamento de 0,5 metros entre linhas, a colheita foi realizada na última quinzena de abril de 2016. Uma fração da amostra foi destinada as avaliações dos caracteres nutricionais, trituradas em moinho Marconi MA020 com peneira de 0,053 mm, as amostras de cada genótipo foi subdivida em seis amostras de 100 gramas, posteriormente foram mensurados os teores de ferro (Fe, mg kg<sup>-1</sup>), cobre (Cu, mg kg<sup>-1</sup>), zinco (Zn, mg kg<sup>-1</sup>), sódio (Na, mg kg<sup>-1</sup>) e manganês (Mn, mg kg<sup>-1</sup>), flavonoides, carotenoides, fenóis, potencial antioxidante pelo radical DPPH (DPPH) e potencial antioxidante pelo radical ABTS (ABTS) contidos nas sementes. Também foi realizada a avaliação das variáveis Massa de cem grãos (MCG, g) e rendimento de grãos (RG, g) e com o auxílio do método LC-ESI-qToFMS de espectrometria de massas foram avaliadas as intensidades de aminoácidos contidos nas sementes sendo eles alanina (AL), arginina (AR), asparagina (AS), cisteína (CI), glutamina (GLU), glicina (GL), prolina (PR), serina (SE), histidina (HI), treonina (TI), triptofano (TO), metionina (MT) e fenilalanina (PH).

Foi realizada análise de variância a 5% de probabilidade, buscando verificar as pressuposições, realizou-se o teste de normalidade por Shapiro-Wilk e homogeneidade das variâncias pelo teste de *Oneillmathews*. Realizou-se o teste de Scott Knott para comparação das médias, identificado correlações lineares buscando associações para as expressões dos caracteres e seleção indireta para as variáveis.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os genótipos submetidos ao teste de Scott Knott apresentaram diferentes níveis de médias, onde os que possuem maiores médias obtiveram a classificação mais alta (1-10) (figura 1). De acordo com os resultados de médias obtidos, pode ser identificado que para os metabólitos Ferro, Cisteína, Serina e Histidina os genótipos apresentaram pouca ou nenhuma diferença estatística, ou seja, ambos apresentaram as médias muito semelhantes.

O tratamento que obteve maior destaque na quantificação de metabólitos foi H265/CD308, obtendo maiores médias para a maioria das variáveis, seguido por L389 (30), H258/CD308, L225(29) e L258(32), que apresentaram um melhor desempenho, respectivamente, quando comparados ao restante dos tratamentos.

Ao realizar-se o teste de normalidade de resíduos de acordo com o teste de Shapiro-Wilk e homogeneidade de variância de acordo com o teste de *Oneillmathews* a 5% de probabilidade





## CONSIDERAÇÕES FINAIS

As análises evidenciaram que há variabilidade entre as linhagens e a produção de assimilados, assim como significância para todas as variáveis. O genótipo que apresentou maior quantificação de metabólitos foi o cruzamento H265/CD308.

As correlações lineares expressaram grandes correlações para rendimento de grãos e massa de cem grãos, assim como relação negativa para flavonoides e rendimento de grãos, alta correlação para triptofano e metionina e zinco com manganês.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CARVALHO, I. R. **Melhoramento Genético e Biometria Aplicada a Produtividade e Biofortificação de Grãos de Milho**. 2018. Tese (Doutorado em Fitomelhoramento). Universidade Federal de Pelotas- UFPel, Pelotas, 2018. Disponível em : <<http://guaiaca.ufpel.edu.br/bitstream/prefix/3812/1/Tese%20Ivan%20Ricardo%2005.03%20Ajustada%20e%20correta.pdf>>. Acesso em: 15/07/2021.

CONTINI, E.; MOTA, M. M.; MARRA, R.; BORGHI, E.; DE MIRANDA, R. A.; DA SILVA, A. F.; DA SILVA, D. D.; MACHADO, J. R. A.; COTA, L. V.; DA COSTA, R. V.; MENDES, S. M. **Milho: caracterização e desafios tecnológicos**. Brasília: Embrapa. (Desafios do Agronegócio Brasileiro, 2), 2019.

KIMURA, M.; KOBORI, C. N.; RODRIGUEZ-AMAYA, D. B.; NESTEL, P. Screening and HPLC methods for carotenoids in sweet potato, cassava and maize for plant breeding trials. *Food Chemistry*. v.100, n.1, p.1734-1746, 2007.

SANTOS, D. da S., MONTEIRO, S. S.; MOREIRA, E. P.; MARINI, F. S.; LIMA, J. F. **Composição centesimal de milho Crioulo coletado em localidades do estado da Paraíba**. *Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável*. 2018.

PIOVESAN, V.; OLIVEIRA V. de; ARAÚJO, J. dos S.; Predição do conteúdo de aminoácidos essenciais do grão de milho. *Ciência e Agrotecnologia*, [S.L.], v. 34, n. 3, p. 758-764, jun. 2010. Fap UNIFESP.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. *Acomp. safra brasileira de grãos, v.8 – Safra 2020, n. 3- Terceiro levantamento*, Brasília, p. 1-86, 2021.