



XIV CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE CAMPINA GRANDE

## NOVA PROPOSTA DE SELEÇÃO DE CULTIVARES DE MILHO TOLERANTES AO ESTRESSE HÍDRICO PARA O SEMIÁRIDO DA PARAÍBA

Mariana Cabral Pinto<sup>1</sup>; João de Andrade Dutra Filho<sup>2</sup>

### RESUMO

O milho é uma gramínea de grande importância econômica e versatilidade. Todavia, para que se atinja altos níveis de produtividade é necessário o suprimento adequado de água durante todo o seu ciclo. O semiárido nordestino, no entanto, apresenta baixa precipitação o que interfere diretamente no cultivo dessa planta. Os programas de melhoramento genéticos são imprescindíveis para o desenvolvimento de novos cultivares, os quais se adaptam as diferentes condições edafoclimáticas do Brasil. Objetivou-se com esse trabalho avaliar o comportamento agrônomo de seis variedades de milho submetidas a dois níveis de água no solo e identificar peptídeos associados ao estresse hídrico. O experimento foi conduzido em ambiente protegido no Centro de Ciências e Tecnologia Agroalimentar, da Universidade Federal de Campina Grande, Campus de Pombal (CCTA/UFPA). A semeadura foi realizada em vasos de 20 L, o delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado e as variedades utilizadas foram 2B604PW, 30F53YH, AG8677PR02, Robusto, AG1051 e 2B688PW. As variáveis, analisadas foram: altura da planta, área foliar, comprimento da folha, largura da folha, número de folhas, massa fresca da parte aérea, massa seca da parte aérea, massa fresca da raiz e massa seca da raiz. A extração de proteínas totais de folhas de milho submetido a diferentes tratamentos (controle e estressado) foram realizadas utilizando o método com fenol. Os dados foram submetidos à análise de variância multifatorial, as médias agrupadas pelo teste de Scott e Knott e também foram estimados parâmetros genéticos. Os géis

<sup>1</sup>Graduando (a) em <Agronomia>, <UAGRA>, UFPA, <Pombal>, PB, e-mail: cabralpmariana@gmail.com

<sup>2</sup><Genética> - <UFRPE>. <Doutor>, <UAGRA>, UFPA, <Pombal>, PB, e-mail: joaodutrafilho7@gmail.com

foram escaneados e as imagens processadas em editor de fotos PhotoScape (Mooii Tech). As bandas selecionadas foram excisadas dos géis, digeridos com tripsina e os peptídeos analisados via espectrometria de massas (AutoFlex III MALDI-ToF-ToF; Bruker Daltonics). Os espectros gerados foram avaliados no programa Mascot contra base de dados Swissprot e unidade taxonômica Viridiplantae. Foram detectadas diferenças significativas entre os tratamentos e formação de grupos superiores. Foram identificadas proteínas associadas a diversos processos biológicos como fotossíntese, defesa, metabolismo de carboidratos.

**Palavras-chave:** Proteínas, Estresse abiótico, *Zea mays* L

## **ABSTRACT**

Corn is a grass of great economic importance and versatility. However, to achieve high levels of productivity, adequate water supply is required throughout its cycle. The northeastern semi-arid region, however, presents low precipitation which interferes directly in the cultivation of this plant. Genetic improvement programs are essential for the development of new cultivars, which adapt to different soil and climatic conditions in Brazil. The objective of this work was to evaluate the agronomic behavior of six maize varieties submitted to two levels of water in the soil and to identify peptides associated with water stress. The experiment was conducted in a protected environment at the Center for Agro-Food Science and Technology, Federal University of Campina Grande, Campus de Pombal (CCTA / UFCG). The sowing was done in 20 L pots, the experimental design used was completely randomized and the varieties used were 2B604PW, 30F53YH, AG8677PR02, Robusto, AG1051 and 2B688PW. The variables analyzed were: plant height, leaf area, leaf length, leaf width, number of leaves, fresh shoot mass, shoot dry matter, fresh root mass and dry root mass. The extraction of total proteins from corn leaves submitted to different treatments (control and stress) were performed using the phenol method. Data were submitted to multivariate analysis of variance, the means grouped by the Scott and Knott test, and genetic parameters were also estimated. The gels were scanned and

<sup>1</sup>Graduando (a) em <Agronomia>, <UAGRA>, UFCG, <Pombal>, PB, e-mail: cabralpmariana@gmail.com

<sup>2</sup><Genética> - <UFRPE>. <Doutor>, <UAGRA>, UFCG, <Pombal>, PB, e-mail: joaodutrafilho7@gmail.com

the images processed in PhotoScape Photo Editor (Mooii Tech). The selected bands were excised from the gels, digested with trypsin and the peptides analyzed by mass spectrometry (AutoFlex III MALDI-ToF-ToF; Bruker Daltonics). The generated spectra were evaluated in the Mascot program against the Swissprot database and the Viridiplantae taxonomic unit. Significant differences were detected between treatments and formation of higher groups. Proteins associated to several biological processes were identified, such as photosynthesis, defense, carbohydrate metabolism.

**Key words:** Proteins, Abiotic stress, *Zea mays* L.

<sup>1</sup>Graduando (a) em <Agronomia>, <UAGRA>, UFCG, <Pombal>, PB, e-mail: cabralpmariana@gmail.com

<sup>2</sup><Genética> - <UFRPE>. <Doutor>, <UAGRA>, UFCG, <Pombal>, PB, e-mail: joaodutrafilho7@gmail.com