

# DE GRÃO EM GRÃO

**ALEXANDRE IGOR AZEVEDO PEREIRA  
(ORGANIZADOR)**

**Atena**  
Editora  
Ano 2019

Alexandre Igor Azevedo Pereira  
(Organizador)

# De Grão em Grão

Atena Editora  
2019

2019 by Atena Editora  
Copyright © Atena Editora  
Copyright do Texto © 2019 Os Autores  
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora  
Editora Executiva: Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Antonella Carvalho de Oliveira  
Diagramação: Natália Sandrini  
Edição de Arte: Lorena Prestes  
Revisão: Os Autores

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

### **Conselho Editorial**

#### **Ciências Humanas e Sociais Aplicadas**

Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas  
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná  
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília  
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Cristina Gaio – Universidade de Lisboa  
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia  
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice  
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande  
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

#### **Ciências Agrárias e Multidisciplinar**

Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul  
Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná  
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista  
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul  
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará  
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

#### **Ciências Biológicas e da Saúde**

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás  
Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina  
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria  
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará

Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte  
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão  
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

### **Ciências Exatas e da Terra e Engenharias**

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto  
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná  
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará  
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte  
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

### **Conselho Técnico Científico**

Prof. Msc. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo  
Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Seccional Paraíba  
Prof. Msc. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão  
Prof.ª Drª Andreza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico  
Prof. Msc. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro  
Prof. Msc. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará  
Prof. Msc. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista  
Prof.ª Msc. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia  
Prof. Msc. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Prof.ª Msc. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal  
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

<b>Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)</b>	
D278	De grão em grão [recurso eletrônico] / Organizador Alexandre Igor Azevedo Pereira. – Ponta Grossa, PR: Atena Editora, 2019.  Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader. Modo de acesso: World Wide Web. Inclui bibliografia ISBN 978-85-7247-655-3 DOI 10.22533/at.ed.553192709  1. Agronegócio. 2. Universidades e faculdades – Administração. I. Pereira, Alexandre Igor Azevedo.  CDD 338.1
<b>Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422</b>	

Atena Editora  
Ponta Grossa – Paraná - Brasil  
[www.atenaeditora.com.br](http://www.atenaeditora.com.br)  
contato@atenaeditora.com.br

## APRESENTAÇÃO

A obra “*De Grão em Grão*” é a mais recente iniciativa da Atena Editora no sentido de difusão de conhecimento, demonstração de aprimoramentos e divulgação de tecnologias, em forma de e-book, para o agronegócio brasileiro com foco na produção de grãos oriundos de plantas da família Poaceae. Esta edição aborda - de forma ampla, com leitura compreensível e envolvente - as principais contribuições ao estudo de grãos em território brasileiro, com foco em sorgo, teosinto, milho comum, milho híbrido e milho crioulo. Todas essas espécies possuem importância econômica para as 27 unidades federativas do Brasil, incluindo a Capital Federal, devido ao seu cultivo e, principalmente, pelo fato do agronegócio de grãos brasileiro significar uma fonte de receitas econômicas tanto na zona rural, como no âmbito agroindustrial e ao nível de exportações.

O Brasil ocupa posição de destaque na produção global de grãos, incluindo o milho, o que demonstra a relevância dos grãos para a economia nacional. Em termos não apenas de abastecimento interno, mas também como importantes insumos para o contexto da exportação brasileira. Esse panorama revela o papel prioritário do Brasil como grande produtor e exportador dessa *comoditie* agrícola: a divulgação de pesquisas imbuídas de caráter técnico-científico na área de produção de grãos, bem como a divulgação de metodologias e tecnologias que auxiliem o produtor a solucionar dilemas no cultivo das suas lavouras. Missão atribuída ao presente e-book “*De Grão em Grão*”.

Abordagens de interesse à comunidade científica, acadêmica e civil-organizada envolvidas de forma direta e indireta com a produção, comercialização, exportação, processamento industrial e experimentação das culturas, acima reportadas, são descritas na presente obra. O raio X das temáticas envolvidas nessa importante fonte de conhecimento, tanto no âmbito teórico como prático, indica uma amplitude de temáticas com imediata possibilidade de aglutinação de conhecimento por parte do leitor, seja da área técnica envolvida com o agronegócio de grãos, bem como ao seu beneficiamento. Ainda, muito do que se encontra no presente e-book “*De Grão em Grão*” pode ser extrapolado para outras plantas de onde se obtém os grãos, como matéria-prima, e que não se enquadrem necessariamente na família Poaceae. Identificação e comparação do aparato gênico inerente a diferentes espécies da família Poaceae, Estudo do arranjo espacial em milho sob condições de campo, Inoculação de plantas de milho com microrganismos com vistas ao incremento produtivo, Manejo de irrigação para o sorgo em condições do Semiárido, Performance do milho com uso manejo biológico e sementes e adubação nitrogenada, Indução de resistência química no milho contra patógenos e, por fim, Vigor de sementes de milho tendo por base respostas de diferentes híbridos são as principais abordagens técnicas aqui contidas e esmiuçadas por intermédio de trabalhos com qualidade

técnico-científica comprovada. Todas essas referindo-se à elucidação de dilemas contemporâneos da produção de grãos nos atuais sistemas de produção agrícola brasileiros.

Esperamos que o presente e-book, de publicação da Atena Editora, possa representar como legado, a oferta de conhecimento para capacitação de mão-de-obra através da aquisição de conhecimentos técnico-científicos de vanguarda praticados por diversas instituições em âmbito nacional; instigando professores, pesquisadores, estudantes, profissionais (envolvidos direta e indiretamente) com a produção de grãos e a sociedade (como um todo) frente ao acúmulo constante de conhecimento, de grão em grão, com potencial de transpor o conhecimento atual acerca dos processos envolvidos com a produção de grãos no Brasil.

Alexandre Igor de Azevedo Pereira

## SUMÁRIO

<b>CAPÍTULO 1</b> .....	<b>1</b>
ANÁLISE “IN SILICO” DE GENES DE RESISTÊNCIA ORTÓLOGOS NOS GENOMAS DE <i>Sorghum bicolor</i> , <i>Zea mays</i> E TEOSINTO	
Ronaldo Omizolo de Souza	
Ramir Bavaresco Junior	
Isabella da Cruz Franco	
Liliam Silvia Candido	
Rodrigo Matheus Pereira	
<b>DOI 10.22533/at.ed.5531927091</b>	
<b>CAPÍTULO 2</b> .....	<b>9</b>
AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE DUAS VARIEDADES DE MILHOCRIOULO SOB DIFERENTES DENSIDADES POPULACIONAIS	
Daelcio Vieira Spadotto	
Francieli da Silva Santos	
Maurício Maraschin Neumann	
Natan Crestani	
Jefferson Gonçalves Acunha	
Welington Rogério Zanini	
<b>DOI 10.22533/at.ed.5531927092</b>	
<b>CAPÍTULO 3</b> .....	<b>15</b>
AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE DUAS VARIEDADES DE MILHO CRIOULO SUBMETIDAS A DIFERENTES DOSES DE <i>Azospirillum Brasilense</i>	
Daelcio Vieira Spadotto	
Francieli da Silva Santos	
Maurício Maraschin Neumann	
Natan Crestani	
Jefferson Gonçalves Acunha	
Welington Rogério Zanini	
<b>DOI 10.22533/at.ed.5531927093</b>	
<b>CAPÍTULO 4</b> .....	<b>22</b>
AVALIAÇÃO DE DIFERENTES CULTIVARES DE SORGO IRRIGADOS E SUBMETIDOS A QUATRO CICLOS SUCESSIVOS, NO SEMIÁRIDO ALAGOANO	
Josimar Bento Simplício	
José Nildo Tabosa	
Alexandre Hugo Cesar Barros	
Fernando Gomes da Silva	
Francisco José Filho	
Joel José de Andrade	
<b>DOI 10.22533/at.ed.5531927094</b>	

<b>CAPÍTULO 5</b> .....	<b>33</b>
EFEITO DE DIFERENTES DOSES DE <i>Azospirillum brasilense</i> VIA SEMENTE E APLICAÇÃO DE NITROGÊNIO EM COBERTURA NA CULTURA DO MILHO ( <i>Zea mays</i> L.)	
Maurício Maraschin Neumann	
Daelcio Vieira Spadotto	
Natan Crestani	
Lucas Almeida da Silva	
Francieli da Silva Santos	
Fernando Machado dos Santos	
<b>DOI 10.22533/at.ed.5531927095</b>	
<b>CAPÍTULO 6</b> .....	<b>40</b>
EFEITO DO INDUTOR DE RESISTÊNCIA ACIBENZOLAR-S-methyl (ASM) ASSOCIADO A FUNGICIDAS NO CONTROLE DE DOENÇAS FOLIARES EM MILHO ( <i>Zea mays</i> L.)	
Maurício Maraschin Neumann	
Daelcio Vieira Spadotto	
Natan Crestani	
Francieli da Silva Santos	
Jefferson Gonçalves Acunha	
<b>DOI 10.22533/at.ed.5531927096</b>	
<b>CAPÍTULO 7</b> .....	<b>48</b>
MANEJO DE HÍBRIDO DE MILHO ASSOCIADO A FONTES DE NITROGÊNIO EM DIFERENTES DENSIDADES DE SEMEADURA	
Kathia Szeuczuk de Oliveira	
Jean Carlos Zocche	
Cieli Berardi Renczeczzen Moraes	
<b>DOI 10.22533/at.ed.5531927097</b>	
<b>CAPÍTULO 8</b> .....	<b>56</b>
REDUÇÃO DE NITROGÊNIO NA CULTURA DO MILHO E USO DE <i>Azospirillum brasilense</i> EM ESPAÇAMENTO REDUZIDO	
Kathia Szeuczuk de Oliveira	
Jean Carlos Zocche	
Cieli Berardi Renczeczzen Moraes	
<b>DOI 10.22533/at.ed.5531927098</b>	
<b>CAPÍTULO 9</b> .....	<b>62</b>
VIGOR DE SEMENTES E A INFLUÊNCIA NO FILOCRONO EM HÍBRIDOS DE MILHO	
Miguel Fredrich	
Juliano Dalcin Martins	
Marcos Paulo Ludwig	
Greisson Alex Kunz	
Iago Samuel Bohrz	
Lucas Henrique Henrichsen	
Rodrigo Porto Veronez	
Betina Wottrich	
<b>DOI 10.22533/at.ed.5531927099</b>	
<b>SOBRE O ORGANIZADOR</b> .....	<b>69</b>
<b>ÍNDICE REMISSIVO</b> .....	<b>70</b>

## ANÁLISE “IN SILICO” DE GENES DE RESISTÊNCIA ORTÓLOGOS NOS GENOMAS DE *Sorghum bicolor*, *Zea mays* E TEOSINTO

### **Ronaldo Omizolo de Souza**

Bacharel em Biotecnologia; Universidade Federal da Grande Dourados, Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais – FCBA.  
Dourados – Mato Grosso do Sul

### **Ramir Bavaresco Junior**

Bacharel em Biotecnologia; Universidade Federal da Grande Dourados, Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais – FCBA.  
Dourados – Mato Grosso do Sul

### **Isabella da Cruz Franco**

Bacharel em Biotecnologia; Universidade Federal da Grande Dourados, Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais – FCBA.  
Dourados – Mato Grosso do Sul

### **Liliam Silvia Candido**

Professora adjunta; Universidade Federal da Grande Dourados, Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais – FCBA.  
Dourados – Mato Grosso do Sul

### **Rodrigo Matheus Pereira**

Professor adjunto; Universidade Federal da Grande Dourados, Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais – FCBA.  
Dourados – Mato Grosso do Sul

classificados em cinco classes, a CNL, TNL, RLP, RLK e outros. O objetivo deste trabalho foi identificar genes R comuns entre a espécie *Zea mays subsp. mays* com *Zea mays subsp. parviglumis*, *Teosinto* e *Sorghum bicolor*. As sequências foram coletadas de bancos de dados biológicos e a análise foi realizada com o auxílio de ferramentas da bioinformática. No entanto, não foi possível encontrar o transcriptoma completo de todas as espécies, somente a do *Sorghum bicolor* e *Zea mays subsp. mays*. Para as outras duas espécies, foram utilizadas informações parciais encontradas no GenBank e no European Nucleotide Archive (ENA). Foi possível a identificação de 1085 genes R comuns entre o transcriptoma de *Zea mays subsp. mays* e as sequências utilizadas de cada uma das espécies. A comparação com o *Sorghum bicolor* retornou 930 genes R divididos em todas as classes. A comparação entre *Zea mays subsp. mays* e *Zea mays subsp. parviglumis*, possível ancestral do milho, totalizou 109 genes R comuns, enquanto que a análise com o *Teosinto* retornou 44 genes R. Também foram encontrados dois genes ortólogos entre todas as espécies. Assim, os resultados obtidos neste estudo poderão servir como base para futuros estudos sobre o compartilhamento de genes de resistência entre estas plantas.

**PALAVRAS-CHAVE:** Bioinformática, Genômica, Milho, Sorgo, Teosinto

**RESUMO:** Durante a domesticação da cultura do milho (*Zea mays L.*) pode ter ocorrido a transferência de genes de resistência (R) das espécies ancestrais e entre espécies aparentadas. Os genes R podem ser

## “IN SILICO” ANALYSIS OF ORTHOLOGOUS RESISTANCE GENES IN THE GENOMES OF *Sorghum bicolor*, *Zea mays* AND TEOSINTE

**ABSTRACT:** During the domestication of the corn crop (*Zea mays* L.) resistance genes (R) may have been transferred from the ancestral species and among related species. R genes can be classified into five classes, CNL, TNL, RLP, RLK and others. The objective of this work was to identify common R genes among the species *Zea mays subsp. mays* with *Zea mays subsp. parviglumis*, *Teosinte* and *Sorghum bicolor*. Sequences were collected from biological databases and the analysis was performed using bioinformatics tools. However, it was not possible to find the complete transcriptome of all species, only the *Sorghum bicolor* and *Zea mays subsp. mays*. For the other two species, partial information found in GenBank and in the European Nucleotide Archive (ENA) was used. It was possible to identify 1085 common R genes between the transcriptome of *Zea mays subsp. mays* and the sequences used of each of the species. The comparison with *Sorghum bicolor* returned 930 R genes divided into all classes. The comparison between *Zea mays subsp. mays* and *Zea mays subsp. parviglumis*, a possible corn ancestor, totaled 109 common R genes, whereas the analysis with the *Teosinte* returned 44 R genes. Two orthologous genes were also found among all species. Thus, the results obtained in this study may serve as a basis for future studies on the sharing of resistance genes between these plants.

**KEYWORDS:** Bioinformatics, Genomics, Corn, Sorghum, Teosinte

### 1 | INTRODUÇÃO

Há mais de 8000 anos o milho é cultivado em diversas partes do mundo e graças a sua adaptabilidade, representada por vários genótipos, pode ser cultivado desde o Equador até o limite das terras temperadas. Possui importância econômica, devido sua utilização para alimentação humana e animal (Barros & Calado, 2014).

O sorgo (*Sorghum bicolor*) é uma Poacea originária da África, utilizado principalmente na alimentação animal, na cadeia produtiva da suinocultura e avicultura. Também pode ser utilizado para a fabricação de bebidas alcoólicas. (Purcino, 2011).

O sorgo é um parente próximo do milho (*Zea mays*) e da cana-de-açúcar (*Saccharum spp*) (Springer et al., 1989). Entre estes, o milho é o melhor caracterizado geneticamente, possuindo um mapa genético bem desenvolvido (Beavis & Grant 1991; Burr et al., 1988). O sorgo e o milho apresentam o mesmo número de cromossomos (n=10). Entretanto o milho contém, no mínimo, três vezes mais DNA nuclear do que o sorgo (Michaelson et al., 1991).

O milho é uma planta cultivada de grande versatilidade. Os programas de melhoramento genético vêm desenvolvendo ao longo das décadas tipos diversificados de cultivares, entre outras razões, devido a existência de alta variabilidade genética

do germoplasma da espécie. Com o advento da biotecnologia foram desenvolvidas tecnologias que permitem acesso a novas e variadas fontes de variabilidade genética, além das existentes naturalmente. Em especial, é possível citar o aprimoramento da tecnologia do DNA recombinante e da bioinformática (Coulter, 2014; Oliveira, 2010).

Nos últimos 10 anos, o mapeamento comparativo em plantas tem fornecido evidências para uma conservação importante de marcadores e a ordem de genes entre genomas similares, o que resultou no surgimento das técnicas de comparação de genomas. Estudos comparativos realizados com gramíneas demonstraram consistência em relação à colinearidade entre os genomas dentro da família (Feuillet & Keller, 2002). A maioria destas análises foi realizada com gramíneas de importância econômica, como arroz, trigo, cevada, milho, milheto, aveia e o sorgo (Gale & Devos, 1998; Bennetzen, 2000; Keller & Feuillet, 2000).

A utilização de recursos aplicados à seleção de sequências de DNA unidos as técnicas de bioinformática tornaram-se um pré-requisito para construção de modelos teóricos e experimentais. (Saeys et al., 2007).

Alguns estudos indicam que algumas variedades de teosinto, possível ancestral de *Zea mays*, são citologicamente indistinguíveis do milho e, portanto, são capazes de formar híbridos completamente férteis com o milho (Doebley, 2004).

Vários trabalhos têm discutido e pesquisado as diferenças entre estas espécies, alguns com análises moleculares identificaram uma variação de teosinto (*Zea mays* ssp. *parviglumis*) como o progenitor do milho (Doebley, 2004; Barros & Calado, 2014).

As plantas expressam genes de resistência (R) para reconhecer invasores e evitar a disseminação de agentes patogênicos. As plantas que não têm células imunológicas especializadas devem ser capazes de reconhecer de forma autônoma possíveis proteínas efetoras. Em resposta a proteínas efetoras liberadas por patógenos, as plantas necessitam manter um grande número de genes R que, direta ou indiretamente reconhecem os efetores e iniciam uma resposta efetiva de disparo de imunidade (ETI) (McDowell & Simon, 2008).

Os genes de resistência têm um importante papel para o reconhecimento de proteínas específicas, que são expressas por genes de avirulência (*Avr*) durante um possível ataque de micro-organismos ou pragas, e podem ser agrupados em cinco distintas classes funcionais, com base na presença de domínios específicos (Bent, 1996; Van Ooijen et al., 2007; Kim et al., 2012): a classe CNL compreende genes de resistência que codificam proteínas com pelo menos um domínio de filamento helicoidal, um nucleotídeo local de ligação e uma repetição rica em leucina (CC-NB-LRR); a classe TNL inclui aqueles com um receptor com um domínio do tipo Toll-interleucina, um sítio de ligação de nucleotídeos e uma repetição rica em leucina (TIR- NB-LRR); a classe RLP, sigla de proteína do tipo receptora, grupos estes, que contém um receptor com um domínio do tipo serina-treonina-quinase, e uma repetição extracelular rica em leucina (Ser/Tre - LRR); a classe RLK contém aqueles com um domínio de cinase, e uma repetição extracelular rica em leucina extracelular

(Kin-LRR); a classe “Outros” inclui todos os outros genes que têm sido descritos como conferindo resistência através de mecanismos moleculares diferentes, por exemplo MLO e ASC – 1. O grupo de genes R “Unknown” representa aqueles genes cuja função exata ou tipo ainda não foram estabelecidos (Sanseverino et al., 2012; Hammond-Kosack & Jones, 1997; Chisholm et al., 2006).

Devido à forte relação entre a função dos genes R e sua complexidade no genoma das plantas, uma comparação de conteúdos de genes R entre diferentes espécies de plantas, por meio de ferramentas da bioinformática, poderá fornecer informações úteis para aplicações práticas e importantes descobertas quanto à presença destes genes em diferentes espécies (Kim et al., 2012).

Levando este fato em consideração, esse trabalho foi realizado com o objetivo de verificar a presença de genes de resistência comuns entre *Zea mays* subsp. *mays* em relação a *Zea mays* subsp. *Parviglumis*, *Teosinto* e *Sorghum bicolor*.

## 2 | MATERIAL E MÉTODOS

Para a execução deste trabalho foram utilizadas as informações dos seguintes genomas: *Sorghum bicolor*, *Teosinto* e *Zea mays* subsp. *Pavirglumis*. Sendo que os genomas dessas plantas foram comparados com *Zea mays* subsp. *mays* na busca de genes de resistências comuns. As comparações realizadas foram feitas uma a uma, sendo que os genes de resistência encontrados em *Zea mays* subsp. *mays* foram pesquisados entre os genes de resistência encontrados em cada uma das espécies.

As sequências de dados biológicos no formato FASTA foram obtidas de diversas fontes, sendo os transcriptomas do *Sorghum bicolor* e *Zea mays* subsp. *mays*, obtidos do banco de dados Phytozome V11.0; sequências de *Zea mays* subsp. *pavirglumis*, obtidas do ENA (European Nucleotide Archive) e sequências de *Teosinto*, obtidos do GenBank, o banco de dados de nuceotídeos do NCBI (National Center for Biotechnology Information).

As sequências de dados biológicos das plantas foram alinhadas contra sequências FASTA do PRG-Wiki, um banco de dados de genes de resistência de plantas, utilizando o BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), uma ferramenta de alinhamento local de sequências. Para realizar o alinhamento entre as sequências similares foi utilizado o parâmetro de nota de corte para e-value de pelo menos  $1e-5$ , sendo o e-value a probabilidade de o alinhamento ter ocorrido ao acaso. O alinhamento resultou em um conjunto de informações tabuladas.

Em seguida, criou-se um banco de dados local, utilizando o MySQL, uma ferramenta de gerenciamento de banco de dados gratuita. Foi adicionada uma tabela com informações anotadas sobre os genes de resistência de plantas, obtida do PRG-Wiki para consecução de anotação dos dados alinhados.

Foram criadas novas tabelas no banco de dados com genes ortólogos entre *Zea mays* subsp. *mays* e as demais espécies utilizadas neste trabalho. Na sequência, informações provenientes da tabela Annotation (tabela que contém informações anotadas sobre os genes de resistência) foram adicionadas às tabelas de genes ortólogos.

## 2.1 Tratamentos e amostragens

A partir dos resultados obtidos entre os alinhamentos realizados de cada uma das plantas com as informações do BLAST de *Zea mays* subsp. *mays*, verificou-se a necessidade de filtrar as informações repetidas nos arquivos. Na **tabela 1** está o comparativo entre o número de sequências de entrada, o número de resultados obtidos demonstrando sequências de genes de resistência similares, bem como o resultado da comparação entre as demais espécies com *Zea mays* subsp. *mays*.

Espécies e (Fonte da Informação)	Nº de sequencias obtidas	Nº após BLAST vs Genes R	Nº sequencias sem repetição	Nº sequencias filtradas vs <i>Z. mays</i> subsp. <i>mays</i>
<i>Z. mays</i> subsp. <i>mays</i> (Phytozome)	88760	10951	3032	-
<i>S. bicolor</i> (Phytozome)	47205	10086	2581	930
<i>Teosinto</i> (GenBank)	21395	1994	64	44
<i>Z. mays</i> subsp. <i>pavirglumis</i> (ENA)	23139	3226	145	109
TOTAL	180499	26257	5822	1085

Tabela 1. Distribuição do número de sequências obtidas em relação às análises de bioinformática realizadas.

Por fim, foi possível observar o número final de resultados obtidos após a filtragem de sequências repetidas que foi realizada.

## 3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

Durante a busca pelas informações biológicas das espécies de milho e das outras espécies nos diferentes bancos de dados, não foi possível encontrar o transcriptoma completo de todas as plantas, informação especialmente importante para que as comparações fossem realizadas. Entretanto, foi possível utilizar os transcriptomas completos de *Sorghum bicolor* e *Zea mays* subsp. *mays*. Para as outras espécies utilizadas na comparação foram utilizadas todas as informações encontradas a partir do GenBank e do ENA.

Apesar destas limitações foram encontrados resultados significativos, apresentados na **tabela 1**. O número de informações disponíveis para cada uma das espécies analisadas é consideravelmente grande. Conforme as análises foram sendo executadas foi possível filtrar as informações para a conferência de quais e quantos genes de resistência estão similarmente compartilhados entre *Zea mays* subsp. *mays* e as outras espécies. A **tabela 2** apresenta os resultados encontrados quando a comparação entre *Zea mays* subsp. *mays* e as outras espécies foi realizada. Cada um dos genes de resistência similares foi dividido nas diferentes classificações. O número total de genes R (N) encontrados na comparação também foi obtido.

Espécies comparadas com <i>Zea mays</i>	TNL	CN	CNL	Mlo-like	N	NL	RLK	RLK-GNK2	RLP	T	Outros	Unknown	Total
<i>S. bicolor</i>	18	10	38	5	48	59	2	15	111	5	3	616	930
<i>Teosinto</i>	1	-	2	-	4	2	8	-	-	-	-	27	44
<i>Z. mays</i> subsp. <i>pavirglumis</i>	3	1	10	-	5	3	2	1	15	-	3	66	109
Comum à todos	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
<b>TOTAL</b>													<b>1085</b>

Tabela 2. Distribuição de classes de genes R encontradas nas espécies *S. bicolor*, *Zea mays* subsp. *parvirglumis* e *Teosinto* comparadas a *Zea mays* subsp. *mays*.

Foram encontrados 1085 genes de resistência compartilhados entre o transcriptoma de *Zea mays* subsp. *mays* e as sequências utilizadas das outras espécies estudadas (**tabela 1**). Os resultados de comparação mais expressivos foram os encontrados com *Sorghum bicolor*, que mostrou ter genes R de todas as classes compartilhados com *Zea mays* subsp. *mays*, num total de 930 genes. A comparação entre *Zea mays* subsp. *mays* e *Zea mays* subsp. *pavirglumis*, que é considerado o ancestral do milho atual, resultou em 109 genes R compartilhados, pertencentes à todas as classes, excluindo as do tipo Mlo-like e T. Para o *Teosinto* também foram encontrados a presença de 44 genes R ortólogos, podendo ser resultado de uma possível ancestralidade. A comparação realizada entre as quatro espécies demonstrou a presença de 2 genes R em comum, ortólogos, porém ambos de classe ainda desconhecida.

Para todas as plantas estudadas, foi observado o prevaletimento para presença dos genes R das classes CNL, N, NL e RLP entre as sequências das plantas comparadas com *Zea mays* subsp. *mays*. Ambas as classes TNL e CNL visam especificamente proteínas efetoras patogênicas no interior da célula hospedeira, o que inicia a resposta imune desencadeada (ETI) (Hammond-Kosack e Jones, 1997). Já as classes RLP e RLK são receptores padrões de reconhecimento do patógeno/micro-organismo que desencadeia a imunidade para permitir o reconhecimento de

uma ampla gama de agentes patogênicos, como vírus e bactérias (Chisholm et al., 2006). Enquanto que na classe “Outros” estão os genes responsáveis por facilitar a comunicação entre os meios intracelular e extracelular, embora não contenham domínios completos do tipo RLP, NBS ou RLK. Por isso o termo “Outros” ou oth-R foi proposto por Sanseverino et al. (2012), e é utilizado para classificar estes tipos peculiares de análogos de genes de resistência.

## 4 | CONCLUSÕES

Foi possível encontrar dois genes de resistência ortólogos a todas as plantas estudadas, porém estes genes ainda não possuem informações completas com relação à sua funcionalidade, além disso algumas das espécies estudadas continham poucas sequências, ou não continham o transcriptoma disponíveis nos bancos.

A ferramenta de anotação manual dos genes de resistência encontrados demonstrou capacidade de ampliar os resultados e possibilitou a observação de genes de resistência ortólogos a todas as plantas. Isso poderá servir como base para um possível entendimento e futuros estudos a respeito da funcionalidade destes genes compartilhados entre estas espécies.

## REFERÊNCIAS

BARROS, J. F. C.; CALADO, J. G. **A Cultura do Milho**. Universidade de Évora- Escola de Ciências e Tecnologia- Departamento de Fitotecnia, 2014.

BEAVIS, W. D.; GRANT, D. **A linkage map based on information from four F2 populations of maize (*Zea mays* L.)**. Theoretical and Applied Genetics, v. 82, n. 5, p. 636-644, 1991.

BENNETZEN, J. L. **Transposable element contributions to plant gene and genome evolution**. Plant molecular biology, v. 42, n. 1, p. 251-269, 2000.

BENT, A. F. **Plant disease resistance genes: function meets structure**. The Plant Cell, v. 8, n. 10, p. 1757, 1996.

CHISHOLM, S. T. et al. **Host-microbe interactions: shaping the evolution of the plant immune response**. Cell, v. 124, n. 4, p. 803-814, 2006.

COULTER, J. **Advance corn hybrid selection with new trial results**. Minnesota Crop News. University of Minnesota. Minnesota. 2014.

DOEBLEY, J. **The Genetics of Maize Evolution**. University of Wisconsin. Annual Reviews of Genetics, 38:37-59, 2004.

FEUILLET, C.; KELLER, B. **Comparative genomics in the grass family: molecular characterization of grass genome structure and evolution**. Annals of botany, v. 89, n. 1, p. 3-10, 2002.

GALE, M. D.; DEVOS, K. M. **Comparative genetics in the grasses**. Proceedings of the National Academy of Sciences, v. 95, n. 5, p. 1971-1974, 1998.

HAMMOND-KOSACK, K. E.; JONES, J. D. G. **Plant disease resistance genes**. Annual review of plant biology, v. 48, n. 1, p. 575-607, 1997.

KELLER, B.; FEUILLET, C.. **Colinearity and gene density in grass genomes**. Trends in plant science, v. 5, n. 6, p. 246-251, 2000.

KIM, J. et al. **A genome-wide comparison of NB-LRR type of resistance gene analogs (RGA) in the plant kingdom**. Molecules and cells, v. 33, n. 4, p. 385-392, 2012.

MCDOWELL, J. M.; SIMON, S. A. **Molecular diversity at the plant–pathogen interface**. Developmental & Comparative Immunology, v. 32, n. 7, p. 736-744, 2008.

MICHAELSON, M. J. et al. **Comparison of plant DNA contents determined by Feulgen microspectrophotometry and laser flow cytometry**. American journal of botany, p. 183-188, 1991.

OLIVEIRA, E. C. **Marcadores ISSR na formação de grupos heteróticos e na inferência evolutiva de milho pipoca**. Universidade Estadual do Norte Fluminense. Campos dos Goytacazes. Rio de Janeiro – RJ. 2010.

PURCINO, A.A; **Sorgo sacarino na Embrapa: Histórico, importância e usos**. AGROENERGIA Ano II, Edição nº, p 6-7, 2011.

SAEYS, Y.; INZA, I.; LARRAÑAGA, P. **A review of feature selection techniques in bioinformatics**. Bioinformatics, v. 23, n. 19, p. 2507-2517, 2007.

SANSEVERINO, W.; ERCOLANO, M. R.. **In silico approach to predict candidate R proteins and to define their domain architecture**. BMC research notes, v. 5, n. 1, p. 1, 2012.

SPRINGER, P. S.; ZIMMER, E. A.; BENNETZEN, J. L. **Genomic organization of the ribosomal DNA of sorghum and its close relatives**. Theoretical and applied genetics, v. 77, n. 6, p. 844-850, 1989.

VAN OOIJEN, G., VAN DEN BURG, H. A., CORNELISSEN, B. J., TAKKEN, F.L. **Structure and function of resistance proteins in solanaceous plants**. Annual Review of Phytopathology., 45, 43–72. 2007.

## ÍNDICE REMISSIVO

### A

Adubação nitrogenada 34, 38, 48, 55, 56, 58, 61

Aparecimento de folhas 62, 63, 67, 68

### B

Bactéria diazotrófica 37, 56, 58, 60, 61

Bioinformática 1, 3, 4, 5

### C

Colheitas sucessivas 22, 31, 32

Corn 2, 7, 10, 15, 16, 20, 34, 39, 40, 41, 49, 56, 63, 67, 68

### D

Doenças foliares 40, 42, 47

### F

Fertilizantes nitrogenados 34, 37, 49, 53, 56, 57

Fungicidas 37, 40, 42, 43, 44, 45, 46, 63

### G

Genômica 1

Genomics 2, 7

### I

Indutor de resistência 40, 42, 43

Indutor de Resistência 40

Inoculação 15, 16, 20, 21, 33, 37, 38, 39, 50, 54, 56, 57, 58, 59, 60, 61

Inoculação de plantas 15

### M

Milho 1, 2, 3, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 19, 20, 21, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49, 50, 52, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68

Milho crioulo 9, 10, 11, 14, 15, 17, 19

## **N**

Nitrogênio 15, 16, 20, 21, 30, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61

## **P**

População de plantas 9, 14, 48, 51, 53, 54

Produção de biomassa 22, 32

## **R**

Rebrota 22, 24, 30, 31, 32

## **S**

Sementes crioulas 15

Sorghum bicolor 1, 2, 4, 5, 6, 22, 23

Sorgo 1, 2, 3, 8, 14, 21, 22, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 39, 47, 54, 55, 61, 67

## **T**

Temperatura 23, 24, 29, 35, 58, 62, 63, 64, 67, 68

Tempo térmico 62, 63, 65

Teosinte 2

Teosinto 1, 3, 4, 5, 6

## **Z**

Zeamays 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 15, 16, 17, 33, 34, 40, 41, 48, 49, 55, 56, 57

Agência Brasileira do ISBN  
ISBN 978-85-7247-655-3

