

Ana Caroline Basniak Konkol

**Seleção de genótipos de trigo para qualidade e produtividade quando em déficit hídrico**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Maicon Nardino

Coorientador: Aluizio Borém de Oliveira

Viçosa

2024

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

K82s  
2024

Konkol, Ana Caroline Basniak, 1999-  
Seleção de genótipos de trigo para qualidade e  
produtividade quando em déficit hídrico / Ana Caroline Basniak  
Konkol. – Viçosa, MG, 2024.  
1 dissertação eletrônica (59 f.): il. (algumas color.).

Inclui apêndices.

Orientador: Maicon Nardino.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Agronomia, 2024.

Referências bibliográficas: f. 48-56.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.241>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. *Triticum aestivum*. 2. Trigo - Melhoramento genético.  
3. Trigo - Seleção. 4. Déficit hídrico. 5. Genótipo.  
6. Antioxidantes. I. Nardino, Maicon, 1988-. II. Universidade  
Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de  
Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 633.152

Bibliotecário(a) responsável: Bruna Silva CRB-6/2552


Ana Caroline Basniak Konkol

**Seleção de genótipos de trigo para qualidade e produtividade quando em déficit hídrico**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.


APROVADA: 16 de fevereiro de 2024.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente  
 ANA CAROLINE BASNIAK KONKOL  
Data: 09/07/2024 12:29:24-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Ana Caroline Basniak Konkol  
Autora

Documento assinado digitalmente  
 MAICON NARDINO  
Data: 10/07/2024 10:22:05-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Maicon Nardino  
Orientador

## **AGRADECIMENTOS**

Em primeiro lugar, agradeço a Deus por me amparar e me guiar por toda essa jornada.

Aos meus pais, Eraldo e Salete, pelo incentivo aos estudos e apoio incondicional. O lugar onde estou hoje é prova que seus esforços e sacrifícios para que eu pudesse ter uma educação de qualidade não foram em vão.

Ao meu noivo, Andrei, que não mediu esforços para me ajudar e me acompanhar durante toda essa jornada. Ter você ao meu lado foi essencial para eu finalizar mais essa etapa!

Aos meus irmãos, Mauricio, Paula e Thais que me animaram quando as coisas ficaram difíceis e a distância era insuportável.

Às minhas amigas Natália e Natasha, que mesmo de longe, sempre me apoiaram e ouviram meus desabafos.

Aos meus amigos Diana, Léo e Victor pela amizade e por tornarem minha passagem por Viçosa mais leve.

Aos meus colegas do Programa Trigo UFV, Caique, Amario, Mendes, Natally, Rafael, Wolter, Estéfano, João Paulo e demais, pela ajuda com os experimentos e pela troca de conhecimento. E aos meus colegas do PPG em Genética e Melhoramento, Thais, Mauricio, Saulo, Bruna e demais, obrigada pelo apoio.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Maicon Nardino, que, com paciência e dedicação, acompanhou todo o processo de elaboração deste trabalho, fornecendo orientações valiosas e contribuindo para seu desenvolvimento. E ao meu coorientador, Prof. Dr. Aluizio Borém, que profissionalmente é uma inspiração para mim.

À Universidade Federal de Viçosa e ao corpo docente do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento que demonstrou estar comprometido com a qualidade e excelência do ensino.

A equipe da Universidade Tecnológica Federal do Paraná pelo apoio nas avaliações bioquímicas.

Agradeço às agências de fomento, pois o presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – FAPEMIG e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq.

Meus sinceros agradecimentos a todos!

## RESUMO

KONKOL, Ana Caroline Basniak. Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2024. **Seleção de genótipos de trigo para qualidade e produtividade quando em déficit hídrico.** Orientador: Maicon Nardino. Coorientador: Aluizio Borém de Oliveira.

Em déficit hídrico, a planta produz compostos antioxidantes a fim de evitar o estresse oxidativo ocasionado pelas espécies reativas de oxigênio (EROs). Estes compostos antioxidantes são conhecidos por apresentarem efeito anti-proliferativos e anti-câncer, que são bem atrativos para o mercado consumidor. Entretanto, a capacidade da planta em produzir estes compostos depende do ambiente, do genótipo e da interação genótipo × ambiente. Por este motivo, esse estudo teve como objetivo avaliar o comportamento de genótipos de trigo em condições hídricas normais e em déficit por meio de características bioquímicas e agronômicas, visando a seleção dos mais promissores em termos de qualidade nutricional e produtividade de grãos. Para isso, conduzimos dois experimentos a campo, em Viçosa/MG: um em condições normais de irrigação (controle) e outro submetido ao déficit hídrico por 16 dias durante o período de enchimento de grãos (estresse). Foram avaliados caracteres agronômicos em 12 genótipos de trigo como, altura de planta (AP – cm), dias para espigamento (DE), dias para florescimento (DF), ME (massa de espigas – g), número de grãos por espiga (NGE), número de espiguetas por espiga (NE), massa de 100 grãos (M100 – g), produtividade de grãos (PG - kg ha<sup>-1</sup>) e peso do hectolitro (PH – kg 100 L<sup>-1</sup>); e, caracteres bioquímicos em grão como, atividade de eliminação de radicais livres DPPH (2,2-difenil-1-picrilhidrazil – mM TEAC g<sup>-1</sup>), poder antioxidante de redução férrica (FRAP – mM de Fe<sup>2+</sup> g<sup>-1</sup>) e de compostos fenólicos totais (CFT – mg EAG 100 g<sup>-1</sup>). Os dados obtidos foram analisados com um modelo linear misto. A partir disso, foi feita uma análise de componentes principais e seleção de genótipos pelo índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI). A análise de ambientes contrastantes (irrigado e déficit) revelou que existe a interação G × A para caracteres bioquímicos e produtivos quando analisados conjuntamente. No ambiente controle, é possível verificar o potencial genético dos genótipos avaliados. Isso pode ser confirmado através dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos. Através dos valores de BLUPs, foi possível verificar que os genótipos V114950, V114050, BRS404, BRS254 e V114026 apresentaram altos níveis de atividade antioxidante quando submetidos ao déficit hídrico, indicando superioridade. Porém, o déficit hídrico durante o enchimento de grãos reduziu a PG em até 80,41% mesmo

com o mecanismo de defesa das plantas ativado. Para compreender a estrutura das variáveis, a análise multivariada de componentes principais indicou que os caracteres de DPPH, NE e M100 (CP1) e PG, AP e NGE (CP2) foram responsáveis por explicar 74,51% da variância total observada. Além disso, esta análise permitiu verificar que PG esteve associado ao ambiente controle, enquanto que os caracteres bioquímicos, ao ambiente de déficit. Por meio do MGIDI foi possível selecionar os genótipos BRS254 e BRS264 na análise conjunta dos ambientes; VI14950 e BRS264 no ambiente controle; e, BRS254 e VI14050 no ambiente de déficit. Para os genótipos selecionados, os ganhos individuais para os caracteres avaliados foram moderados, mas isso é esperado ao selecionar para vários caracteres simultaneamente. Os resultados apresentados neste estudo mostram que os genótipos possuem diferentes mecanismos de resposta ao déficit hídrico com impactos variados em caracteres agrônômicos e que o ambiente é um importante coadjuvante para essa resposta. Os genótipos selecionados são candidatos promissores para integrar novos blocos de cruzamentos, em programas de melhoramento visando qualidade nutricional.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L.; Déficit hídrico; Genótipos de trigo; Compostos antioxidantes; Seleção multicaracterística.

## ABSTRACT

KONKOL, Ana Caroline Basniak. Federal University of Viçosa, February, 2024. **Selection of wheat genotypes for grain quality and productivity when in water deficit.** Advisor: Maicon Nardino. Co-advisor: Aluázio Borém de Oliveira

In water deficit conditions, wheat plant produces antioxidant compounds to prevent oxidative stress caused by reactive oxygen species (ROS). These antioxidant compounds are known for their anti-proliferative and anti-cancer effects, which are highly attractive to the consumer market. However, the plant's ability to produce these compounds depends on the environment, genotype, and genotype  $\times$  environment interaction. Therefore, this study aimed to evaluate the behavior of tropical wheat genotypes under normal and water deficit conditions through biochemical and agronomic traits, aiming to select the most promising ones in terms of nutritional quality and grain productivity. For this purpose, we conducted two field experiments in Viçosa/MG: under normal irrigation conditions (control) and another subjected to water stress for 16 days during the grain filling period (deficit). We evaluated agronomic traits in twelve genotypes, including plant height (PH - cm), days to heading (DH), days to flowering (DF), spike mass (SM - g), number of grains per spike (NGS), number of spikelets per spike (NSS), mass of 100 grains (M100 - g), grain yield ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) and hectoliter weight (HW -  $\text{kg 100 L}^{-1}$ ). Additionally, we assessed biochemical grain traits, which encompassed the activity of 2,2-diphenyl-1-picrylhydrazyl free radical scavenging (DPPH -  $\text{mM TEAC g}^{-1}$ ), ferric reducing antioxidant power (FRAP -  $\text{mM Fe}^{2+} \text{g}^{-1}$ ), and total phenolic compounds (TPC -  $\text{mg GAE 100 g}^{-1}$ ). The data obtained were analyzed using a mixed linear model. Subsequently, we performed a principal component analysis and selection of genotypes by multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI). The analysis of contrasting environments (control and deficit) revealed a  $G \times A$  interaction for biochemical and productive traits when analyzed together. In the control environment, the genetic potential of the evaluated genotypes could be observed and confirmed through variance components and genetic parameters. The BLUP values for the genotypes VI14950, VI14050, BRS404, BRS254, and VI14026 showed high levels of antioxidant activity when subjected to water deficit, indicating superiority. However, the water deficit during grain filling reduced grain yield by up to 80.41%, even with activated plant defense mechanisms. The multivariate principal component analysis indicated that the traits DPPH, NSS, and M100 (PC1) and SM, PH, and NGS (PC2) explained 74.51% of the total observed

variance. This analysis revealed that grain yield was more associated with the control environment, while biochemical traits were linked to deficit. Using MGIDI, we selected genotypes BRS254 and BRS264 in the joint analysis of environments; VI14950 and BRS264 in the control environment; and BRS254 and VI14050 in the deficit environment. For the selected genotypes, the individual gains for the evaluated traits were moderate, as expected when selecting multiple traits simultaneously. The results presented in this study demonstrate that genotypes possess different mechanisms of response to water stress, with varied impacts on other agronomic traits, and the environment plays a crucial role in this response. The selected genotypes are promising candidates to integrate crossing blocks in breeding programs aiming nutritional quality.

**Keywords:** *Triticum aestivum* L.; Water deficit; Wheat genotypes; Antioxidant compounds; Multi-trait selection.

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>11</b>
	<b>Capítulo 1 – Modelos mistos e técnicas multivariadas na seleção de genitores de trigo visando tolerância à seca.....</b>	<b>13</b>
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO .....</b>	<b>13</b>
<b>2</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>15</b>
2.1	EXPERIMENTO A CAMPO.....	15
2.2	CONDUÇÃO E MANEJO DO EXPERIMENTO.....	17
2.3	AVALIAÇÕES .....	19
2.4	ANÁLISE ESTATÍSTICA.....	21
<b>2.4.1</b>	<b>Modelos mistos .....</b>	<b>21</b>
<b>2.4.2</b>	<b>Correlação de Pearson e análise de componentes principais .....</b>	<b>23</b>
<b>2.4.3</b>	<b>Índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI).....</b>	<b>23</b>
<b>3</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>26</b>
3.1	ANÁLISE DE DESVIO E DESCRITIVA.....	26
3.2	COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS.....	29
3.3	MELHOR PREDITOR LINEAR NÃO VIESADO (BLUP).....	33
<b>3.3.1</b>	<b>BLUP<sub>ge</sub> .....</b>	<b>33</b>
<b>3.3.2</b>	<b>BLUP<sub>g</sub> .....</b>	<b>37</b>
3.4	ANÁLISE MULTIVARIADA.....	40
<b>3.4.1</b>	<b>Correlação de Pearson .....</b>	<b>40</b>
<b>3.4.2</b>	<b>Análise de componentes principais .....</b>	<b>41</b>
<b>3.4.3</b>	<b>Índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI) .....</b>	<b>43</b>
<b>4</b>	<b>CONCLUSÃO .....</b>	<b>48</b>
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>49</b>
	<b>APÊNDICE A.....</b>	<b>58</b>
	<b>APÊNDICE B.....</b>	<b>59</b>
	<b>APÊNDICE C.....</b>	<b>60</b>

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

O trigo (*Triticum aestivum* L.) destaca-se como um dos cereais fundamentais para a alimentação humana. A ascendência da cultura iniciou no Crescente Fértil, sua região de origem, e expandiu gradativamente para outras regiões (Charmet, 2011), atingindo uma ampla variedade de latitudes e altitudes nos dias atuais (Singh *et al.*, 2008). Essa expansão permitiu que o trigo se posicionasse como o terceiro cereal mais cultivado e consumido globalmente, ficando atrás apenas do milho e do arroz (FAOSTAT, 2023).

A elevada produção mundial de trigo se justifica pela sua importância como fonte primária de carboidratos, sendo o principal macronutriente na dieta humana (Awika, 2011). Sua versatilidade na preparação de alimentos também desempenha um papel fundamental neste cenário. Além disso, estudos apontam evidências dos potenciais benefícios dos produtos derivados do trigo, incluindo a redução do risco de doenças crônicas (Jonnalagadda *et al.*, 2011). Os compostos fenólicos despontam como o grupo de fitoquímicos mais proeminente no trigo. Esses compostos apresentam propriedades como efeito anti-inflamatório, atividade antioxidante, bem como características anti-câncer e anti-proliferativas (Jonnalagadda *et al.*, 2011; Kowalska *et al.*, 2022). Tais atributos tornam os compostos bioativos particularmente atrativos para consumidores e programas de melhoramento da cultura.

A relevância nutricional e as propriedades benéficas do trigo e seus derivados (Peña-Bautista *et al.*, 2017), assim como a distribuição geográfica do seu cultivo (Singh *et al.*, 2008), desempenham papel fundamental na segurança alimentar global (Peña-Bautista *et al.*, 2017). Com projeções da Organização das Nações Unidas (ONU) indicando um crescimento populacional global para 9,7 bilhões até 2050 (United Nations, 2022), espera-se um aumento anual de 1,1% na produção de cereais para atender a essa demanda (Peña-Bautista *et al.*, 2017). No entanto, eventos recentes socioeconômicos, como a guerra entre Rússia e Ucrânia, dois dos principais exportadores de trigo (Jagtap *et al.*, 2022), e climáticos, como a quebra na produção de trigo devido à estiagem prolongada na Argentina (Colussi *et al.*, 2022), afetaram significativamente tanto a produção quanto a exportação mundial de trigo. Essas situações abrem oportunidades para o Brasil aumentar sua produção, especialmente para atender à demanda interna estimada em 12,23 milhões de toneladas em 2023 (CONAB, 2022).

Este cenário ajudou a promover a expansão do cultivo de trigo, a qual era predominante na região sul do Brasil (Regiões Homogêneas de Adaptação I e II) (Scheeren *et al.*, 2008; Souza; Vieira Filho, 2021), para o Cerrado brasileiro (Região Homogênea de Adaptação IV) (Scheeren *et al.*, 2008). Esse movimento é impulsionado pelo potencial de produção de grãos de alta qualidade e pela necessidade de garantir a segurança do estoque nacional, especialmente em cenários de limitação de suprimento do cereal (Pereira; Cunha; Moresco, 2019). Contudo, o bioma do Cerrado apresenta um padrão de chuvas bem definido, com um período de escassez de chuvas coincidindo com a fase de cultivo do trigo, o que se torna um fator limitante para a produtividade, mas uma possibilidade de incremento na concentração de compostos antioxidantes nos grãos por meio da biofortificação.

A redução na disponibilidade de água durante o ciclo de desenvolvimento do trigo pode afetar diretamente o crescimento e o desenvolvimento da mesma (Zhang *et al.*, 2021). As fases de antese e enchimento de grãos são os momentos mais sensíveis ao déficit hídrico, impactando significativamente na produtividade (Ahmad *et al.*, 2018). Entretanto, a exposição prolongada da planta ao déficit hídrico pode provocar a ativação do metabolismo especializado na planta que, através de compostos antioxidantes, possibilita à planta a superação de condições adversas, sobrevivência e a manutenção da sua capacidade de reprodução (Fritsche-Neto; DoVale, 2012).

Diante dessa perspectiva, torna-se evidente a necessidade de avaliar o comportamento de genótipos brasileiros de trigo tropical em ambientes que possibilitem alcançar a qualidade nutricional desejada pelo mercado consumidor e manter produtividades elevadas que permitam a viabilidade do negócio para o agricultor. Portanto, este estudo teve como objetivo avaliar o comportamento de genótipos de trigo em condições hídricas distintas a fim de selecionar os superiores para qualidade nutricional e produtividade de grãos. A partir dos resultados obtidos é possível direcionar a seleção de plantas com concentrações aumentadas de antioxidantes, assim como inserir os genótipos selecionados em novos blocos de cruzamentos.

## Capítulo 1 – Seleção de genótipos de trigo para qualidade e produtividade quando em déficit hídrico

### 1 INTRODUÇÃO

A produção de compostos antioxidantes na planta, geralmente ocorre quando a planta passa por estresse oxidativo, ocasionado por estresses abióticos, como o déficit hídrico severo, alta salinidade, altas temperaturas e toxidez por alumínio. O estresse hídrico é o que mais acomete a produção de trigo mundialmente e tem como efeito principal a desidratação celular, que acaba por acarretar em diversos efeitos secundários (Taiz *et al.*, 2017). Sob déficit hídrico, a planta aumenta a sua concentração de ácido abscísico, ocasionando o fechamento estomático e, dessa forma, a redução das trocas gasosas e da fotossíntese (Taiz *et al.*, 2017). A redução na condutância estomática e na taxa fotossintética está associada com a queda da produtividade (DaMatta, 2003), afetando componentes produtivos importantes, como, o número de grãos por espiga (Pour-Aboughadareh *et al.*, 2020; Javed *et al.*, 2023) e produtividade de grãos final (Pour-Aboughadareh *et al.*, 2020; Javed *et al.*, 2023).

Paralelamente, o desligamento dos fotossistemas resulta na produção de espécies reativas de oxigênio (EROs), em virtude da não transferência dos elétrons livres para NADP<sup>+</sup>, causando um estresse oxidativo (Taiz *et al.*, 2017). O estresse induzido pelo desequilíbrio entre compostos oxidantes e antioxidantes (mecanismo de defesa) danifica o DNA, inibe a síntese de proteínas e oxida pigmentos fotossintéticos (Sharma *et al.*, 2012; Taiz *et al.*, 2017). Para eliminar o excedente de compostos oxidantes, a planta ativa seu metabolismo especializado, produzindo metabólitos antioxidantes que podem neutralizar, sequestrar ou doar elétrons para os radicais livres (Caverzan; Casassola; Brammer, 2016). A capacidade antioxidante da planta proporciona uma proteção celular ampliada, garantindo a funcionalidade da fotossíntese, a integridade da área foliar e, conseqüentemente, com menor impacto na produtividade final, mesmo em condições de escassez hídrica severa (Lima *et al.* 2002; Posch and Bennett 2009).

A forma como a planta enfrenta o estresse oxidativo, sua capacidade de produzir compostos antioxidantes e o impacto na sua produtividade dependem da intensidade e duração do estresse acometido (Cavatte *et al.*, 2012; Daryanto; Wang; Jacinthe, 2016; Sarto *et al.*, 2017), da fase fenológica (Santos, Carlesso, 1998;

Fritsche-Neto; DoVale, 2012), do ambiente (Hoffman *et al.*, 2009; Fernandez-Orozco *et al.*, 2010; Kowalska *et al.*, 2022), do genótipo (Hoffman *et al.*, 2009; Hernandez *et al.*, 2011; Fritsche-Neto; DoVale, 2012; Kowalska *et al.*, 2022) e da interação genótipo × ambiente (Hoffman *et al.*, 2009; Wang *et al.*, 2021).

A possibilidade de incrementar a composição de compostos antioxidantes no grão por meio do déficit hídrico sem comprometer significativamente o rendimento final de grãos demonstra a relevância do estudo. Portanto, é imperativo avaliar como os fatores genéticos e ambientais impactam a composição de componentes antioxidantes e produtivos em genótipos de trigo tropical brasileiros. Assim, o objetivo deste estudo foi investigar o desempenho de genótipos de trigo em condições hídricas normais e em déficit por meio de características bioquímicas e agronômicas, visando a seleção dos mais promissores em termos de qualidade nutricional e produtividade de grãos. Os resultados obtidos podem direcionar a seleção de genótipos com concentrações aumentadas de antioxidantes e boa capacidade produtiva, bem como facilitar a inclusão dos genótipos selecionados em novos blocos de cruzamento.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 EXPERIMENTO A CAMPO

Para a seleção de genótipos para produtividade e qualidade de grão foram conduzidos dois experimentos a campo a fim de verificar as repostas diferenciais dos genótipos. Um deles, intitulado “controle” foi conduzido sob irrigação de acordo com a necessidade da cultura por todo o ciclo; enquanto o outro, intitulado “déficit” foi conduzido com irrigação até a fase de enchimento de grãos, onde foi suspendida. Cada experimento foi feito em delineamento de blocos casualizados com três repetições e foi composto por 12 tratamentos, sendo eles, seis cultivares comerciais (OR Guardiã, OR Senna, BRS 404, BRS 264, BRS 254 e IAC 375 – Parintins) e seis linhagens desenvolvidas pelo Programa Trigo UFV em fase de ensaios de Valor Cultivo e Uso (VCU) (VI14026, VI14050, VI14055, VI14214, VI14426 e VI14950) (Quadro 1). O critério de escolha das cultivares foi a sua importância na região do Cerrado e/ou a superioridade para características de interesse agrônomo, como ciclo e produtividade. Com relação às linhagens elite do Programa Trigo UFV, foram escolhidas as que possuem maior potencial comercial.

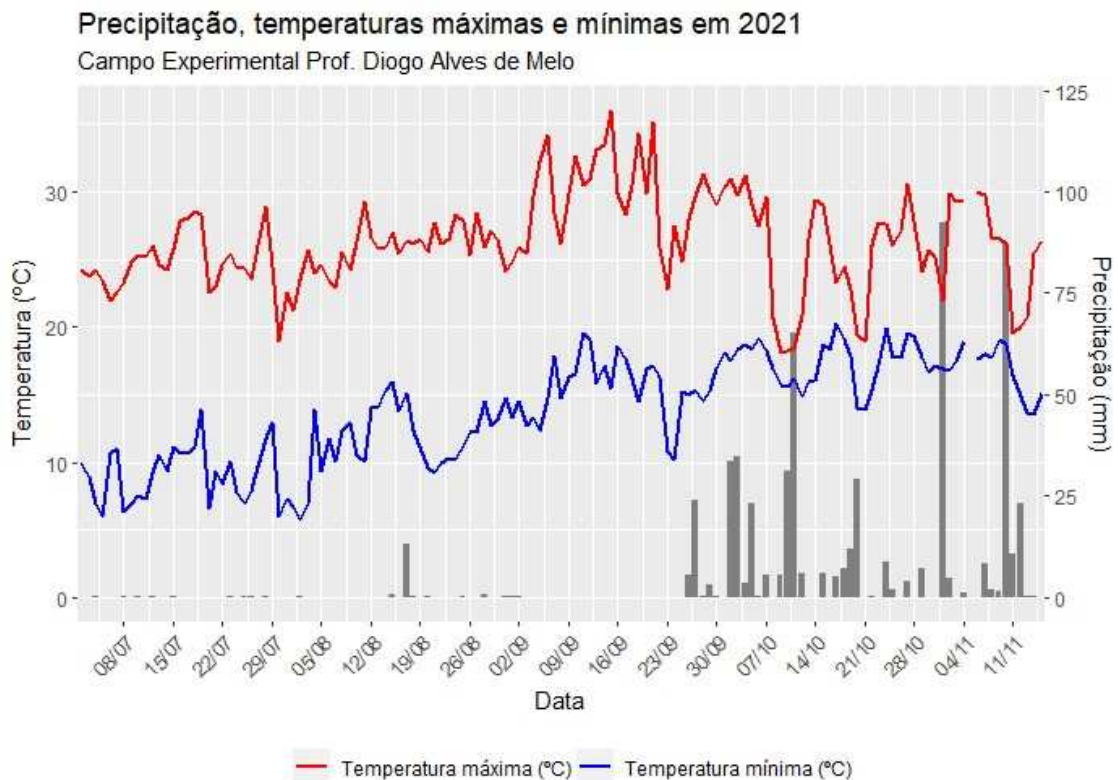
Quadro 1 – Descrição dos genótipos quanto a origem, ano de lançamento, ciclo e Região Homogênea de Adaptação de que melhor se enquadra.

<b>Genótipo</b>	<b>Obtentor</b>	<b>Ano</b>	<b>Ciclo</b>	<b>RHA</b>
ORS Guardiã	OR Sementes	2021	Médio/ precoce	I, II, III e IV
ORS Senna	OR Sementes	2021	Hiperprecoce	I, II, III e IV
BRS 254	Embrapa	2005	Precoce	IV
BRS 264	Embrapa	2005	Super precoce	IV
BRS 404	Embrapa	2014	Precoce	IV
IAC 375 – Parintins	IAC	2003	Médio	IV
VI14026	UFV	-	Precoce	IV
VI14050	UFV	-	Precoce	IV
VI14055	UFV	-	Precoce	IV
VI14214	UFV	-	Precoce	IV
VI14426	UFV	-	Precoce	IV
VI14950	UFV	-	Precoce	IV

RHA: Região Homogênea de Adaptação. I: RHA 1 – fria e úmida; II: RHA 2 – moderadamente quente e úmida; III: RHA 3 – quente e moderadamente seca; IV: RHA 4 – quente e seca (Cerrado) (Scheeren *et al.*, 2008).

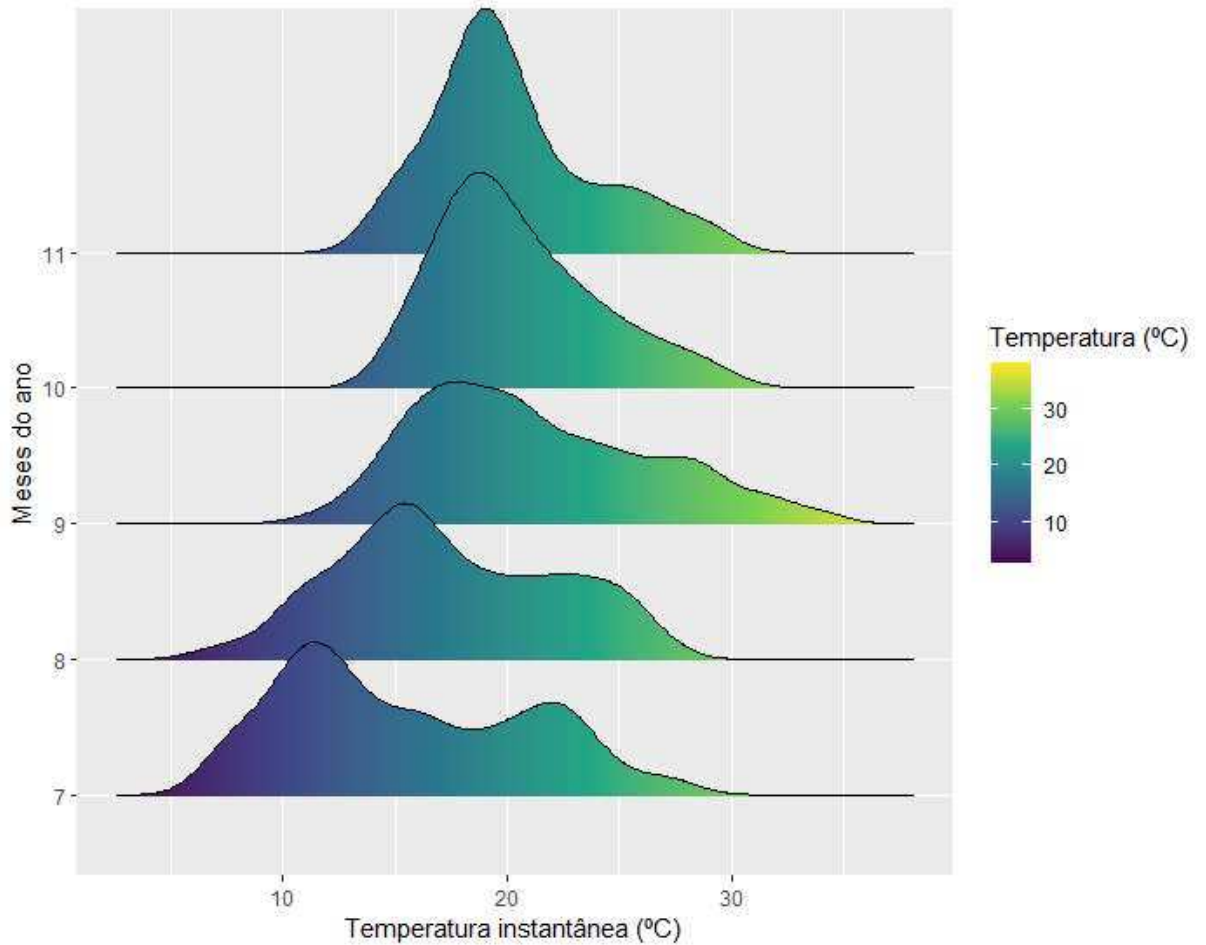
A fim de facilitar o acesso, manejo e condução dos experimentos, esses foram realizados em Viçosa/MG, no Campo Experimental Professor Diogo Alves de Melo, pertencente ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (UFV) (20° 45' 14" S e 42° 52' 53" O). O município de Viçosa/MG fica situado dentro da região Zona da Mata, a 649 m de altitude, com clima caracterizado com estiagem no inverno e presença de chuvas durante o verão (mesotérmico Cwa) (Köppen; Geiger, 1928). A temperatura média anual é de 20,4°C, com oscilações entre 14 e 32°C, e a precipitação média é de 1.251 mm anuais (Fialho; Dos Santos, 2022). O solo é classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo, antigo Podzólico Vermelho-Amarelo (Embrapa, 2013). Os dados climatológicos referente ao período de condução do experimento a campo, encontram-se nas Figuras 1 e 2.

Figura 1 – Dados climatológicos diários de precipitação, temperaturas máximas e mínimas, para o período de julho a novembro de 2021, no município de Viçosa, Minas Gerais, Brasil.



Fonte: adaptado de Instituto Nacional de Meteorologia (2021).

Figura 2 – Densidade de temperaturas instantâneas registradas entre os meses de julho (7) e novembro (11) em Viçosa, Minas Gerais, Brasil.



Fonte: elaborado pela autora (2024).

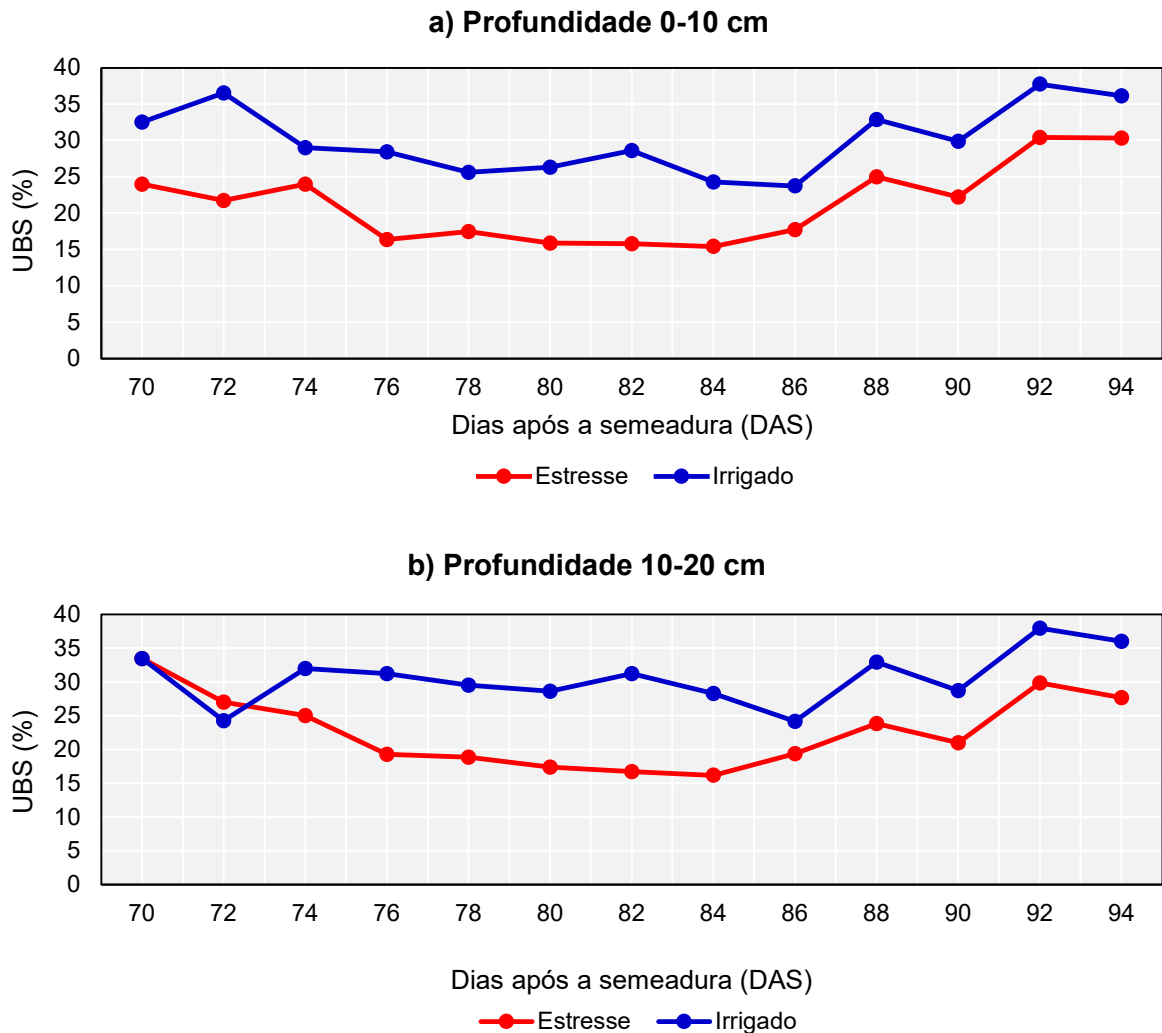
## 2.2 CONDUÇÃO E MANEJO DO EXPERIMENTO

Para que os experimentos fossem conduzidos mais próximos das condições ideais e reais de cultivo, a implementação foi realizada dentro da janela de semeadura e o manejo foi feito de acordo com as necessidades da cultura. A semeadura foi realizada na estação de inverno, no dia 02 de julho de 2021, na densidade de 350 plantas  $m^{-2}$ , com três linhas de cinco metros e espaçamento entre linhas de 0,20 m. Juntamente a semeadura, foi feita uma adubação de base com formulado 08-28-16 na dosagem de 250 kg  $ha^{-1}$ , de acordo com as exigências da área, determinada por análise de solo. A adubação de cobertura (200 kg  $ha^{-1}$ ) foi feita com ureia (45% de N) parcelada em duas doses, sendo metade da dose aplicada 10 DAS (Dias Após a Semeadura) e a outra metade 59 DAS. Para controle de alguns sintomas de doenças

fúngicas e plantas daninhas, foram feitas aplicações de fungicida e herbicida durante o ciclo da cultura.

O manejo da irrigação foi realizado semanalmente, ajustando-se à demanda hídrica da cultura até o florescimento de todos os genótipos. A partir dos 70 dias após a semeadura (DAS), em 10 de setembro de 2021, foi instaurado um período de déficit hídrico que perdurou por 16 dias, devido ao retorno da precipitação aos 86 dias de ciclo. A imposição do déficit aos 70 DAS teve como objetivo impactar a fase de enchimento de grãos (fase 70 da escala fenológica do trigo) (Zadoks et al, 1974) da maioria dos genótipos. Para avaliar o déficit hídrico, monitoramos a umidade do solo em base seca (UBS%) nos dois ambientes (controle e déficit) por meio da coleta de amostras de solo obtidas em cada parcela experimental. As amostras foram coletadas por 24 dias, no fim da tarde, em duas profundidades, 0-10 cm (Figura 3a) e 10-20 cm (Figura 3b). Além disso, obtivemos a Curva de Retenção de Água (CRA) para essas mesmas profundidades (0-10 e 10-20 cm) por meio da análise física do solo realizada no Laboratório de Análise de Solo, Tecido Vegetal e Fertilizante do Departamento de Solos da Universidade Federal de Viçosa (Apêndice A).

Figura 3 – Dados da umidade do solo em base seca (UBS - %) para os ambientes de estresse e irrigado nas profundidades a) 0-10 cm e b) 10-20 cm.



Fonte: elaborado pela autora (2024).

## 2.3 AVALIAÇÕES

### 2.3.1 Agronômicas

Para a obtenção de dados agronômicos que permitam a classificação de genótipos tolerantes ou sensíveis ao estresse, foram feitas avaliações durante a condução do experimento (pré-colheita) e pós-colheita. As avaliações pré-colheita foram: altura de planta (AP – cm), medição, com régua, de cinco plantas, a partir do nível do solo até a porção final da espiga de cinco plantas; dias para espigamento (DE

– dias), o qual foi contabilizado pelo intervalo de dias entre a emergência e o momento que 50% da parcela apresentasse plantas com espigas visíveis; e, dias para florescimento (DF – dias), o qual foi contabilizado pelo intervalo de dias entre a semeadura e a floração de 50% das espigas da parcela.

As avaliações pós-colheita foram: massa de espigas (ME – g), contabilizada a partir da pesagem de três espigas aleatórias da parcela e obtida por meio da média aritmética; número de grãos por espiga (NGE), referente à média aritmética da contagem do conteúdo de grãos em três espigas tomadas aleatoriamente na parcela; número de espiguetas por espiga (NE), determinado a partir da média aritmética do número de espiguetas contabilizadas em três espigas tomadas ao acaso em cada parcela; massa de cem grãos (M100 – g), referente a contagem e pesagem de cem grãos, com correção do teor de umidade para 13%; peso do hectolitro (PH – kg 100 L<sup>-1</sup>), o qual foi medido de acordo com as Regras para Análise de Sementes (Brasil, 2009); e, produtividade de grãos (PG – kg ha<sup>-1</sup>), o qual foi quantificado através da pesagem em gramas do total de grãos colhidos em cada tratamento, corrigido para um teor de umidade de 13% e, em seguida, convertido para o rendimento em 1 (um) hectare de área.

### **2.3.2 Bioquímicas**

Após a colheita e a avaliação dos componentes produtivos, foram coletadas amostras de grãos de cada unidade experimental para realizar as análises bioquímicas a fim de detectar a presença de compostos antioxidantes que foram produzidos durante o período de déficit hídrico e translocados para o grão. Para isso os grãos de trigo foram moídos e a farinha foi avaliada por meio da atividade de eliminação de radicais livres DPPH (2,2-difenil-1-picrilhidrazil – mM TEAC g<sup>-1</sup>), poder antioxidante de redução férrica (FRAP – mM de Fe<sup>2+</sup> g<sup>-1</sup>) e pela concentração de compostos fenólicos totais (CFT – mg EAG 100 g<sup>-1</sup>). As análises foram realizadas no Laboratório de Química da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Pato Branco, Paraná, Brasil.

A análise da atividade de eliminação de radicais DPPH, tem como objetivo avaliar a atividade sequestrante de compostos específicos pela rapidez e facilidade. Esta, foi realizada de acordo com a metodologia descrita por Brand-Williams, Cuvelier e Berset (1995). Para avaliação da atividade antioxidante os extratos foram reagidos

com o radical estável DPPH em uma solução de etanol. A mistura de reação foi constituída da adição de 0,5 mL de extrato, 2,8 mL de etanol absoluto e 0,5 mL da solução do radical DPPH 0,3 mM em etanol. O antioxidante sintético Trolox foi utilizado para construção da curva padrão. As leituras foram realizadas em espectrofotômetro a 517 nm.

A avaliação do poder antioxidante de redução férrica (FRAP) tem como objetivo medir o poder antioxidante total de forma direta por meio da habilidade do antioxidante reduzir  $\text{Fe}^{3+}$  para  $\text{Fe}^{2+}$  na presença de 2,4,6-tri(2-piridil) -1,3,5-triazina (TPTZ) (Benzie; Strain, 1999). Para isso, grãos de trigo foram triturados e a farinha desses grãos foi previamente liofilizada, (aproximadamente 0,1 gramas) adicionada em tubos Falcon contendo 10 mL de agente extrator (Etanol 90%), homogeneizada em vórtice e, posteriormente, submetida ao banho maria por 30 minutos a 60°C. Em seguida, as amostras foram centrifugadas a 10000 rpm por 10 minutos e o sobrenadante foi coletado para leitura de absorbância em espectrofotômetro a 595 nm, de acordo com Pulido, Bravo e Saura-Calixto (2000).

E por fim, foi feita a quantificação de compostos fenólicos totais (CFT), a qual também tem como objetivo a verificação da atividade antioxidante. Para esta avaliação, foi utilizada a metodologia de Folin-Ciocalteu, descrita por Singleton, Orthofer e Lamuela-Raventós (1999). Os extratos de grãos de trigo obtidos pela técnica foram submetidos à leitura de absorbância em espectrofotômetro a 740 nm.

## 2.4 ANÁLISE ESTATÍSTICA

### 2.4.1 Modelos mistos

Os dados obtidos foram avaliados de forma conjunta e individualmente no software R 4.2.2, utilizando as funções `gamem()` e `gamem_met()`, do pacote `metan` (Olivoto; Lúcio, 2020), baseando-se no modelo linear misto. Para a análise individual dos ambientes foi utilizado o seguinte modelo (Equação 1):

$$y = Xr + Zg + e \quad (1)$$

Em que  $y$  é o vetor de dados fenotípicos;  $r$  é o vetor de efeitos de repetição (assumidos como efeito fixo), que contempla todas as repetições, acrescidos da média

geral;  $\mathbf{g}$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios) ( $\mathbf{g} \sim N(0, \sigma_g^2)$ ), sendo que  $\sigma_g^2$  representa a variância genotípica; e,  $\mathbf{e}$  é o vetor de erros ou resíduos (assumidos como aleatórios) ( $\mathbf{e} \sim N(0, \sigma_e^2)$ ), sendo que  $\sigma_e^2$  representa a matriz de variância residual. As letras  $\mathbf{X}$  e  $\mathbf{Z}$  representam as matrizes de incidência para os efeitos descritos. Já para a análise conjunta, foi utilizado o modelo da Equação 2.

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{r} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{W}\mathbf{ge} + \mathbf{e} \quad (2)$$

Em que  $\mathbf{y}$  é o vetor de dados fenotípicos;  $\mathbf{r}$  é o vetor de efeitos de repetição (assumidos como efeito fixo), que contempla todas as repetições de todos os ambientes (controle e estresse), englobando o efeito de ambiente e das repetições dentro dos ambientes, acrescidos da média geral;  $\mathbf{g}$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios) ( $\mathbf{g} \sim N(0, \sigma_g^2)$ ), sendo que  $\sigma_g^2$  representa a variância genotípica;  $\mathbf{ge}$  é o vetor dos efeitos da interação  $G \times E$  (assumidos como aleatórios) ( $\mathbf{ge} \sim N(0, \sigma_{ge}^2)$ ), sendo que  $\sigma_{ge}^2$  representa a variância da interação  $G \times E$ ; e,  $\mathbf{e}$  é o vetor de erros ou resíduos (assumidos como aleatórios) ( $\mathbf{e} \sim N(0, \sigma_e^2)$ ), sendo que  $\sigma_e^2$  representa a matriz de variância residual. As letras  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  e  $\mathbf{W}$  representam as matrizes de incidência para os efeitos descritos. A significância dos efeitos aleatórios foi testada via LRT (Likelihood Ratio Test) (Equação 3), que consiste na diferença entre o logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual entre um modelo completo e um modelo reduzido.

$$LRT = (-2 \times \log L_R) - (-2 \times \log L) \quad (3)$$

Para estimação dos componentes de variância foi utilizado o método da máxima verossimilhança restrita (REML – Residual Maximum Likelihood) (Patterson; Thompson, 1971). No intuito de identificar genótipos superiores nas características avaliadas neste estudo, foram preditos os valores genotípicos por meio da melhor predição linear não viesada (BLUP - Best Linear Unbiased Predictor) (Henderson, 1975). Para as características que apresentaram interação significativa para o efeito aleatório da interação  $G \times A$ , foram empregados os valores de BLUP<sub>ge</sub>. Já para aquelas que exibiram significância apenas para o efeito de genótipos, os valores de BLUP<sub>g</sub> foram adotados.

### 2.4.2 Correlação de Pearson e análise de componentes principais

Para determinar o grau de associação entre as variáveis nos dois ambientes foi utilizada a correlação de Pearson, utilizando a função `corr_coef()` do pacote `metan` (Olivoto; Lúcio, 2020). A análise resulta em uma lista de coeficientes de correlação com seus p-valores. A partir da correlação entre características, também foi avaliado o padrão de variação e a diversidade nos genótipos de trigo por meio da análise de componentes principais (PCA). Esta abordagem multivariada é essencial para simplificar um conjunto extenso e complexo de dados. A análise de PCA tem como princípio a combinação linear de variáveis, permitindo a máxima retenção da variação total contida nos dados originais, por ordem de estimação (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012). Esta análise também foi realizada no software R 4.2.2, utilizando os pacotes `factoextra` (Kassambara; Mundt, 2020), `factoMineR` (Lê; Josse; Husson, 2008) e `ggplot2` (Wickham, 2016).

### 2.4.3 Índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI)

A seleção de genótipos foi baseada no índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI), proposto por Olivoto e Nardino (2021). O cálculo desse índice foi obtido por meio da função `mgidi()`, integrante do pacote `metan` (Olivoto; Lúcio, 2020). Para isto, foram adotadas três estratégias distintas: a primeira consiste na seleção com base na análise conjunta dos ambientes, enquanto as outras duas focam na seleção individual, uma para o ambiente controle e a outra para o ambiente de estresse. Essas abordagens estratégicas possibilitam a avaliação dos genótipos que apresentam melhor adaptação tanto em ambos os ambientes simultaneamente quanto em cada ambiente separadamente.

Primeiramente, foi necessário reescalar os valores das  $j$  características dos  $i$  genótipos. Para isso, a matriz  $X$  foi reescalada com valores variando de 0 a 100, sendo  $rX_{ij}$  (Equação 4).

$$rX_{ij} = \frac{n_{nj} - \varphi_{nj}}{n_{oj} - \varphi_{oj}} \times (\theta_{ij} - n_{ij}) + n_{nj} \quad (4)$$

Onde,  $n_{nj}$  e  $\varphi_{nj}$  são os novos valores máximos e mínimos, respectivamente;  $n_{oj}$  e  $\varphi_{oj}$  são os valores originais de máximo e mínimo, respectivamente; e  $\theta_{ij}$  é o valor original da  $j$ -ésima característica no  $i$ -ésimo genótipo. Para características que se deseja um menor valor, será considerado  $n_{nj} = 0$  e  $\varphi_{nj} = 100$ . Para características com maior valor,  $n_{nj} = 100$   $\varphi_{nj} = 0$ . Os valores e sentidos estabelecidos para as variáveis estudadas foram apresentados no Quadro 2.

Quadro 2 – Novo valor máximo ( $n_{nj}$ ) e sentido estabelecido para as 12 características avaliadas.

Variável	Sentido	$n_{nj}$	Variável	Sentido	$n_{nj}$	Variável	Sentido	$n_{nj}$
DPPH	↑	100	AP	↓	0	DE	↓	0
FRAP	↑	100	ME	↑	100	DF	↓	0
CFT	↑	100	NE	↓	100	M100	↑	100
PG	↑	100	NGE	↑	100	PH	↑	100

O segundo passo teve como objetivo estabelecer um score fatorial para cada genótipo. Para isso foi necessário agrupar variáveis correlacionadas em fatores por meio de uma análise fatorial exploratória. Os autovalores e autovetores foram obtidos pela correlação da matriz  $rX_{ij}$ . Isso permite o agrupamento de variáveis correlacionadas, estabelecendo um score fatorial para cada genótipo, por meio da matriz  $F$  (Equação 5).

$$F = Z(A^T R^{-1})^T \quad (5)$$

Onde  $F$  é a matriz ( $g \times f$ ) de escores fatoriais;  $Z$  é a matriz ( $g \times p$ ) com as médias padronizadas reescaladas;  $A$  é a matriz ( $p \times f$ ) de lodgings canônicas; e  $R$  é a matriz ( $p \times p$ ) de correlação entre índices;  $g$ ,  $f$  e  $p$  correspondem, respectivamente, a genótipos, fatores e índices calculados.

A partir disso, foi possível calcular o MGIDI, considerando que o ideótipo apresenta o maior valor reescalado para todas as características (Equação 6).

$$MGIDI_i = \sum_{j=1}^f [(y_{ij} - y_j)^2]^{0,5} \quad (6)$$

Onde,  $MGIDI_i$  é o índice de distância ideótipo-genótipo multicaracterística para o genótipo  $i$  ( $i = 1, 2, 3 \dots g$ ) no fator  $j$  ( $j = 1, 2, 3 \dots f$ );  $y_{ij}$  é o escore para o genótipo  $i$  ( $i = 1, 2, 3 \dots g$ ) no fator  $j$  ( $j = 1, 2, 3 \dots f$ ); e  $y_j$ , o  $j$ -ésimo ( $j = 1, 2, 3 \dots f$ ) escore para o ideótipo. O genótipo que apresentou o menor valor para o MGIDI ficou mais próximo do ideótipo estabelecido para todas as características. A proporção do índice do genótipo  $i$ , explicado pelo fator  $j$  é dada pela Equação 7.

$$\omega_{ij} = \frac{\sqrt{D_{ij}^2}}{\sum_{j=1}^f \sqrt{D_{ij}^2}} \quad (7)$$

Onde  $D_{ij}$  é a distância entre o genótipo  $i$  e o ideótipo para o fator  $j$ . Baixas contribuições de um fator indicam que os traços dentro de tal fator estão próximos do ideótipo. O ganho de seleção (GS%) (Equação 8) para cada característica foi calculado considerando uma proporção de seleção de 30%.

$$GS(\%) = \frac{(\bar{X}_s - \bar{X}_o)}{\bar{X}_o} \times 100 \quad (8)$$

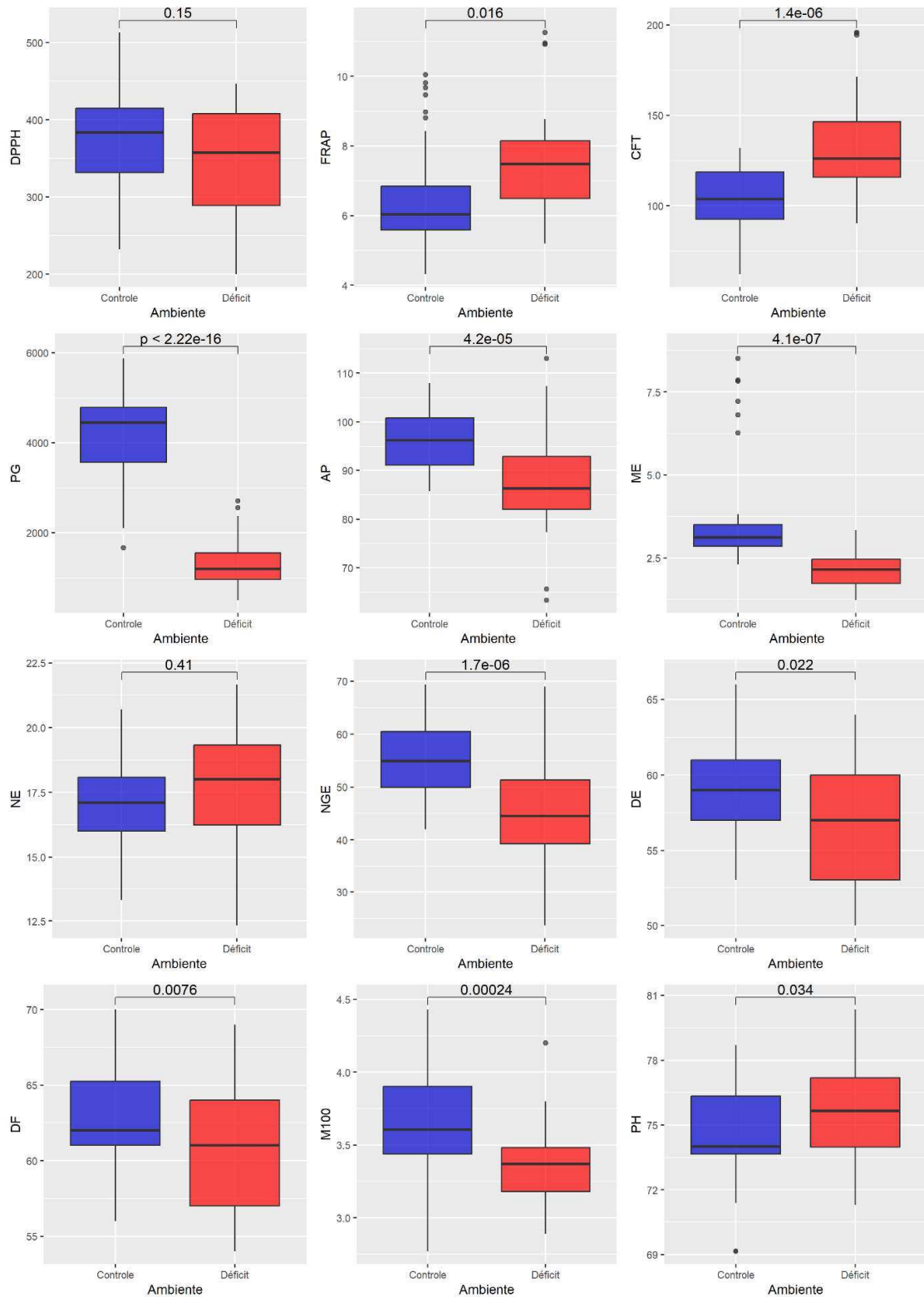
### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 ANÁLISE DE DESVIO E DESCRITIVA

A Figura 4 detalha a variação observada para cada variável em ambos os ambientes. Foi observada diferença significativa, detectada pelo teste t, entre os ambientes controle e de déficit para as variáveis CFT, PG, AP, ME, NGE, DF e M100. Caracteres bioquímicos como DPPH e FRAP não apresentaram diferenças significativas entre os ambientes estudados, apesar de que estudos anteriores (Fernandez-Orozco *et al.*, 2010; Kowalska *et al.*, 2022) já reportaram que o ambiente exerce maior influência sobre as concentrações dos metabólitos especializados do que a constituição genética.

Com relação aos componentes produtivos, notavelmente, PG foi a característica mais impactada (Figura 4). Observou-se variação considerável no ambiente de déficit, variando de 912,39 kg ha<sup>-1</sup> (VI14026) a 1.858,37 kg ha<sup>-1</sup> (BRS264), enquanto no controle, as oscilações foram de 2.445,40 kg ha<sup>-1</sup> (IAC 375) a 5.050,66 kg ha<sup>-1</sup> (BRS 254). A redução observada na PG tem relação com a redução na M100. Isso porque, o peso de grãos, que influencia diretamente no rendimento final, é dependente das condições ambientais durante o período de enchimento de grãos (Mehraban *et al.*, 2019). Esta discrepância observada entre os ambientes para componentes produtivos e os valores encontrados pela curva de retenção de água (Apêndice A), confirmam o impacto significativo do déficit hídrico na fase de enchimento de grãos. Outros estudos também já relataram o impacto do déficit hídrico na produtividade de grãos (Chowdhury *et al.*, 2017; Qaseem; Qureshi; Shaheen, 2019; Soares *et al.*, 2021; Nardino *et al.*, 2022a).

Figura 4 – Box-plots representando a variação observada para as 12 características avaliadas em ambiente irrigado (controle) e em déficit.



DPPH: 2,2-difenil-1-picrilhidrazil; FRAP: poder antioxidante de redução férrica; CFT: concentração de componentes fenólicos totais; PG: produtividade de grãos; AP: altura de planta; ME: massa de espiga; NE: número de espiguetas por espigas; NGE: número de grãos por espiga; DE: dias para espigamento; DF: dias para florescimento; M100: massa de cem grãos; PH: peso do hectolitro.

Fonte: elaborada pela autora (2024).

Os resultados da significância dos efeitos aleatórios, testados via LRT para as análises conjunta e individuais são apresentados na Tabela 1. Na análise conjunta, foi observada significância ( $p < 0,05$ ) para os efeitos aleatórios da interação genótipo  $\times$  ambientes ( $G \times A$ ) para as seguintes variáveis: DPPH, FRAP, CFT, PG, ME e M100. Isso demonstra que o desempenho dos genótipos para essas características é variável dependendo do ambiente (controle ou déficit). Quanto aos efeitos aleatórios de genótipos, foi constatada significância ( $p > 0,05$ ) para as variáveis: AP, NE, NGE, DE, DF e M100, evidenciando diferenças entre genótipos para essas características.

A influência da interação genótipos  $\times$  ambientes é comumente destacada como um fator determinante nos resultados tanto dos componentes produtivos (Thungo *et al.*, 2020) quanto dos compostos do metabolismo especializado (Kowalska *et al.*, 2022). Entretanto, outros estudos atribuem a presença destes compostos antioxidantes principalmente aos efeitos genotípicos (Hernandez *et al.*, 2011; Shamloo *et al.*, 2017) e outros destacam a influência do ambiente (Fernandez-Orozco *et al.*, 2010; Lu *et al.*, 2015).

Na análise individual do ambiente irrigado (controle) (Tabela 1), observou-se significância para o efeito aleatório de genótipos para todas as características, exceto NE. Por outro lado, no ambiente de estresse (Tabela 1), foi constatada significância apenas para as características bioquímicas (DPPH, FRAP e CFT), além de M100. Estes resultados sugerem que o ambiente pode mascarar a expressão genética de alguns caracteres, visto que características quantitativas, como as avaliadas no presente estudo, são mais suscetíveis à influência do ambiente (Kaya; Akcura, 2014). Contudo, no caso de caracteres bioquímicos, mesmo em condições de déficit, foi possível identificar variabilidade genética, indicando uma oportunidade para selecionar genótipos com maior conteúdo de compostos antioxidantes.

Tabela 1 – Probabilidade pelo teste de qui-quadrado  $Pr (> \chi^2)$  do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos aleatórios da análise conjunta e das análises individuais do ambiente irrigado (controle) e de déficit.

Modelo	Conjunta		Controle	Déficit
	G x A	Gen	Gen	Gen
DPPH	1,18.10 <sup>-24</sup>	0,1028	1,79.10 <sup>-23</sup>	1,09.10 <sup>-14</sup>
FRAP	1,97.10 <sup>-37</sup>	0,7820	4,56.10 <sup>-21</sup>	1,67.10 <sup>-22</sup>
CFT	4,66.10 <sup>-30</sup>	0,1259	7,96.10 <sup>-20</sup>	1,59.10 <sup>-20</sup>
PG	3,42.10 <sup>-6</sup>	1,0000	2,65.10 <sup>-5</sup>	0,2016
AP	1,0000	0,0349	0,0037	0,7801
ME	5,44.10 <sup>-15</sup>	1,0000	1,74.10 <sup>-12</sup>	1,0000
NE	1,0000	0,0331	1,0000	0,3105
NGE	1,0000	0,0128	0,0106	0,1965
DE	0,6757	0,0264	2,83.10 <sup>-8</sup>	0,4768
DF	1,0000	0,0090	7,07.10 <sup>-8</sup>	0,7421
M100	0,0112	0,0427	3,30.10 <sup>-6</sup>	0,0208
PH	0,7455	0,1500	1,14.10 <sup>-4</sup>	1,0000

DPPH: 2,2-difenil-1-picrilhidrazil; FRAP: poder antioxidante de redução férrica; CFT: concentração de componentes fenólicos totais; PG: produtividade de grãos; AP: altura de planta; ME: massa de espiga; NE: número de espiguetas por espigas; NGE: número de grãos por espiga; DE: dias para espigamento; DF: dias para florescimento; M100: massa de cem grãos; PH: peso do hectolitro.

### 3.2 COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS

Os parâmetros genéticos estão detalhados na Tabela 2. Os valores de herdabilidade individuais ( $h^2$ ) variaram de 0,00 (PG e ME) a 0,46 (DPPH). Valores baixos a moderados foram observados devido à grande proporção de variância da interação genótipos x ambientes e da residual conforme pode ser verificado na Figura 5. Além disso, tanto PG quanto ME não demonstraram uma parcela de variância genotípica, levando à nulidade de seus coeficientes de herdabilidade. Do mesmo modo, os coeficientes de variação residual ( $CV_r$ ) foram mais elevados para essas mesmas características (PG – 19,10% e ME – 16,02%). As demais características analisadas exibiram variações de  $CV_r$ , oscilando entre 2,15% (FRAP) a 13,72% (NGE). Esses valores são considerados de baixa magnitude e encontram-se dentro das expectativas para os caracteres avaliados em trigo (Nardino *et al.*, 2022b). Contudo, é importante ressaltar que, para uma avaliação da qualidade experimental, apenas o  $CV_r$  não é suficiente (Resende; Alves, 2020).

Tabela 2 – Parâmetros genéticos de caracteres agronômicos e bioquímicos avaliados em genótipos de trigo baseados na análise conjunta dos ambientes.

Variável	$h^2$	$h$	$r_{ge}$	$CV_g$	$CV_r$	$CV_g/CV_r$
DPPH	0,46	0,80	0,96	14,60	3,11	4,69
FRAP	0,08	0,39	0,99	6,51	2,15	3,02
CFT	0,43	0,78	0,98	14,29	2,39	5,98
PG	0,00	0,00	0,63	0,00	19,10	0,00
AP	0,25	0,81	0,00	4,45	7,75	0,57
ME	0,00	0,00	0,87	0,01	16,02	0,00
NE	0,21	0,79	0,00	5,36	10,31	0,52
NGE	0,34	0,87	0,00	9,93	13,72	0,72
DE	0,36	0,87	0,07	3,75	4,79	0,78
DF	0,36	0,88	0,00	3,52	4,68	0,75
M100	0,43	0,85	0,40	6,27	5,57	1,13
PH	0,24	0,77	0,05	1,44	2,73	0,53

DPPH: 2,2-difenil-1-picrilhidrazil; FRAP: poder antioxidante de redução férrica; CFT: concentração de componentes fenólicos totais; PG: produtividade de grãos; AP: altura de planta; ME: massa de espiga; NE: número de espiguetas por espigas; NGE: número de grãos por espiga; DE: dias para espigamento; DF: dias para florescimento; M100: massa de cem grãos; PH: peso do hectolitro.

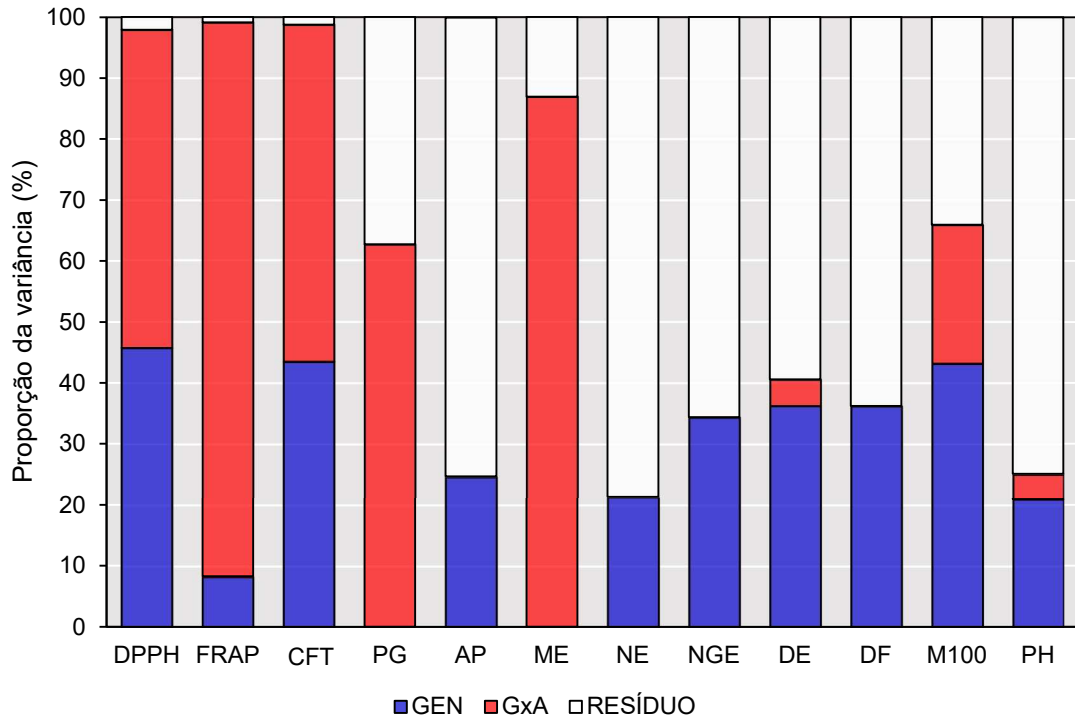
$h^2$  = herdabilidade;  $h_{mg}^2$  = herdabilidade média;  $h$  = acurácia de seleção;  $r_{ge}$  = correlação genotípica-ambiental;  $CV_g$  = coeficiente de variação genotípico;  $CV_r$  = coeficiente de variação residual; e,  $CV_g / CV_r$  = razão dos coeficientes de variação.

A acurácia seletiva ( $h$ ) (Tabela 2), que representa a correlação entre o valor genotípico verdadeiro do genótipo com o valor genotípico predito, é uma forma de validar os valores preditos e inferidos e de avaliação de qualidade dos experimentos (Resende; Alves, 2022). Neste estudo, observaram-se resultados adequados para a acurácia na maioria das características, com exceção de PG e ME, oscilando entre 0,39 (FRAP) a 0,88 (DF). Das características avaliadas, nove apresentaram valores de acurácia altos (0,70 – 0,89), sugerindo uma qualidade experimental adequada (Resende; Duarte, 2007).

O coeficiente de variação genotípico ( $CV_g$ ) que mede a variabilidade genética intrínseca ao experimento (Resende; Alves, 2020), variou de 0,00 (PG) a 14,60% (DPPH) (Tabela 2). A relação entre  $CV_g$  e  $CV_r$ , que indica a relevância da variação genética em relação à variação ambiental, variou de 0,00 (PG) a 5,98 (CFT). Resultados acima de um são desejados, pois demonstram que a variação genética teve maior destaque e indica maior sucesso na seleção dentro dessa população (Casagrande *et al.*, 2020). Este destaque da variação genética em relação à variação

ambiental é observado para as características bioquímicas (DPPH, FRAP e CFT) e M100.

Figura 5 – Proporção da variância de caracteres agrônômicos e bioquímicos avaliados em genótipos de trigo baseados na análise conjunta dos ambientes.



GEN: proporção da variância genotípica; GxA: proporção da variância da interação genótipos × ambientes; RESÍDUO: proporção da variância residual.

DPPH: 2,2-difenil-1-picrilhidrazil; FRAP: poder antioxidante de redução férrica; CFT: concentração de componentes fenólicos totais; PG: produtividade de grãos; AP: altura de planta; ME: massa de espiga; NE: número de espiguetas por espigas; NGE: número de grãos por espiga; DE: dias para espigamento; DF: dias para florescimento; M100: massa de cem grãos; PH: peso do hectolitro.

Fonte: elaborada pela autora (2024).

A correlação genotípica-ambiental ( $r_{ge}$ ) (Tabela 2) expressa a proporção da variância da interação dentro da variância genética de certa característica. Valores inferiores a 0,5 indicam que a interação não é necessariamente um obstáculo para o melhoramento, prevalecendo os efeitos genéticos. No entanto, quando valores acima de 0,5 são observados, como é o caso de DPPH, FRAP, CFT, PG e ME, o ambiente é o principal responsável por mascarar os efeitos genéticos. Valores acima de 0,5 também foram reportados por Nardino *et al.* (2022a) para FRAP e PG. Grande parte da variação fenotípica desses caracteres é composta pela variância da interação genótipos por ambientes (Figura 5), fator que dificulta a seleção. Este estudo, ao analisar um número limitado de ambientes, apresenta restrições para uma avaliação

detalhada da interação genótipos por ambientes. Para uma compreensão mais precisa dessa interação, a avaliação de genótipos em ambientes contrastantes deve ser realizada em múltiplos anos e locais diferentes, fornecendo informações mais robustas sobre a interação.

Dentre as características que apresentaram maior porção da variância fenotípica associada à variância da interação  $G \times A$ , os caracteres bioquímicos obtiveram menor variância residual em comparação com PG e ME. Este desempenho pode ser verificado ao analisar individualmente os dois ambientes de estudo (Tabela 3). DPPH, FRAP e CFT exibiram altos valores de herdabilidade em ambas as análises, indicando variabilidade genética entre os genótipos estudados com menor influência ambiental na expressão destas características. Em contraste, PG e ME obtiveram coeficientes baixos de herdabilidade apenas no ambiente de estresse, confirmando a necessidade de um volume hídrico adequado para a expressão do potencial genético dos genótipos. Essa mesma tendência foi observada em outras características relacionadas à produtividade, estatura e ciclo no ambiente de déficit.

Tabela 3 – Parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos e bioquímicos avaliados em genótipos de trigo baseados na análise individual dos ambientes.

Controle								
Var.	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_r^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	$h^2$	$h$	$CV_g$	$CV_r$	$CV_g/CV_r$
DPPH	6660,22	41,75	6701,97	0,99	1,00	21,82	1,73	12,63
FRAP	2,67	0,03	2,70	0,99	1,00	24,95	2,54	9,82
CFT	461,88	6,22	468,10	0,99	1,00	21,10	2,45	8,61
PG	8,21.10 <sup>5</sup>	3,15.10 <sup>5</sup>	1,13.10 <sup>6</sup>	0,72	0,94	22,06	13,68	1,61
AP	21,21	19,30	40,51	0,52	0,88	4,80	4,58	1,05
ME	2,94	0,19	3,14	0,94	0,99	45,59	11,66	3,91
NE	0,00	3,16	3,16	0,00	0,00	0,00	10,38	0,00
NGE	23,39	26,91	50,29	0,47	0,85	8,78	9,41	0,93
DE	8,46	1,49	9,95	0,85	0,97	4,94	2,08	2,38
DF	7,75	1,51	9,26	0,84	0,97	4,40	1,95	2,26
M100	0,12	0,04	0,15	0,76	0,95	9,41	5,22	1,80
PH	3,70	1,76	5,46	0,68	0,93	2,58	1,78	1,45
Déficit								
Var.	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_r^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	$h^2$	$h$	$CV_g$	$CV_r$	$CV_g/CV_r$
DPPH	5225,05	210,45	5435,50	0,96	0,99	20,79	4,17	4,98
FRAP	2,29	0,02	2,31	0,99	1,00	20,33	1,78	11,41
CFT	814,36	9,47	823,83	0,99	1,00	21,53	2,32	9,27
PG	6,41.10 <sup>4</sup>	2,11.10 <sup>4</sup>	2,75.10 <sup>5</sup>	0,23	0,69	19,57	35,48	0,55
AP	4,71	90,07	94,79	0,05	0,37	2,49	10,87	0,23
ME	0,00	0,23	0,23	0,00	0,00	0,00	23,07	0,00
NE	0,91	4,03	4,94	0,18	0,64	5,44	11,46	0,48
NGE	21,70	70,27	91,97	0,24	0,69	10,47	18,85	0,56
DE	2,04	13,90	15,94	0,13	0,55	2,51	6,55	0,38
DF	1,00	16,12	17,12	0,06	0,40	1,64	6,59	0,25
M100	0,03	0,04	0,07	0,42	0,83	5,09	5,96	0,86
PH	0,00	5,73	5,73	0,00	0,00	0,00	3,16	0,00

DPPH: 2,2-difenil-1-picrilhidrazil; FRAP: poder antioxidante de redução férrica; CFT: concentração de componentes fenólicos totais; PG: produtividade de grãos; AP: altura de planta; ME: massa de espiga; NE: número de espiguetas por espigas; NGE: número de grãos por espiga; DE: dias para espigamento; DF: dias para florescimento; M100: massa de cem grãos; PH: peso do hectolitro.

$\hat{\sigma}_g^2$  = variância genotípica;  $\hat{\sigma}_r^2$  = variância residual;  $\hat{\sigma}_f^2$  = variância fenotípica;  $h^2$  = herdabilidade individual;  $h$  = acurácia seletiva;  $CV_g$  = coeficiente de variação genotípico;  $CV_r$  = coeficiente de variação residual.

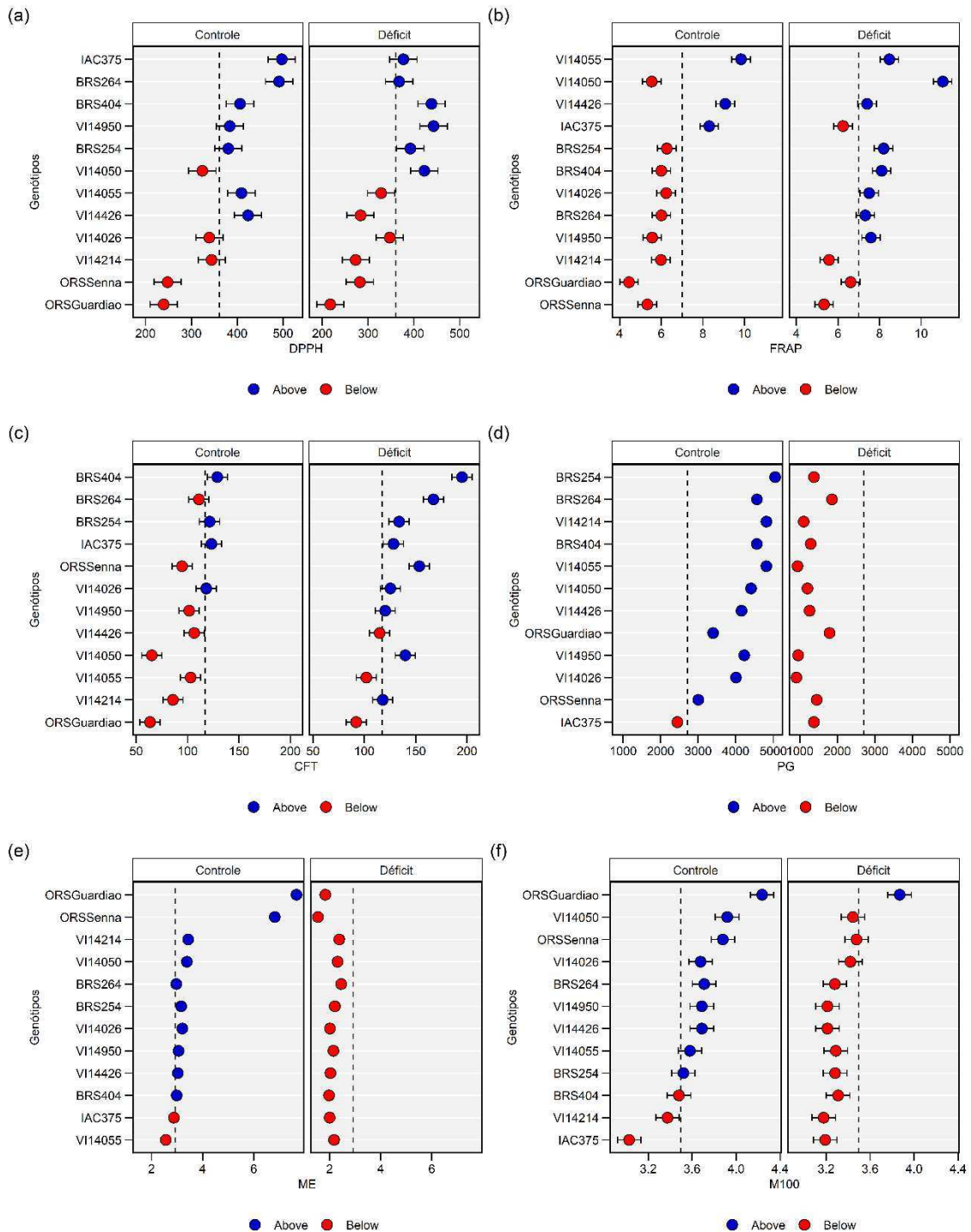
### 3.3 MELHOR PREDITOR LINEAR NÃO VIESADO (BLUP)

#### 3.3.1 BLUPge

Os valores de BLUPge para as características DPPH, FRAP, CFT, PG, ME, e M100 dos genótipos estão apresentados na Figura 6. Observou-se diferença no comportamento dos genótipos em relação ao ambiente em que estavam inseridos para essas características específicas. A atividade antioxidante dos genótipos foi avaliada por meio de DPPH e FRAP (Figura 6a e 6b, respectivamente). A análise com a molécula DPPH tem sido amplamente utilizada como um radical livre sintético para detectar genótipos redutores (Taie *et al.*, 2019). Além disso, o poder redutor é um mecanismo adicional empregado para avaliar a atividade antioxidante, medindo a capacidade de doação de elétrons, que atua como uma defesa contra o estresse oxidativo (Kiani; Arzani; Maibody, 2021).

Para ambas as características bioquímicas (DPPH e FRAP), foi detectado aumento na atividade antioxidante em diferentes níveis para os genótipos VI14950, VI14050, BRS404, BRS254 e VI14026 em resposta ao déficit hídrico. Notavelmente, o genótipo VI14050 se destacou, apresentando um aumento de 30,44% na concentração de Trolox e de 99,17% na concentração de  $Fe^{2+}$ . Por outro lado, os genótipos VI14055, VI14426, VI14214 e IAC375 mostraram uma resposta oposta. Quando submetidos ao déficit hídrico, a atividade antioxidante medida por DPPH e FRAP reduziu em comparação com o ambiente controle. Essas respostas indicam que o ambiente influencia diferentemente a produção de metabólitos especializados nos genótipos avaliados.

Figura 6 – Resultados dos valores de BLUPge para os 12 genótipos de trigo avaliados nos ambientes controle e déficit.



DPPH: 2,2-difenil-1-picrilhidrazil (mM TEAC g<sup>-1</sup>); FRAP: poder antioxidante de redução férrica (mM Fe<sup>2+</sup> g<sup>-1</sup>); CFT: concentração de componentes fenólicos totais (mg GAE g<sup>-1</sup>); PG: produtividade de grãos (Kg ha<sup>-1</sup>); ME: massa de espiga (g); M100: massa de cem grãos (g).

Fonte: elaborada pela autora (2024).

A atividade antioxidante está estreitamente relacionada à presença de compostos fenólicos totais na planta (Kiani; Arzani; Maibody, 2021), considerando que

o aumento no destes compostos fenólicos, pode impulsionar uma maior atividade antioxidante, (Ali *et al.*, 2018). No contexto de CFT (Figura 6c), 11 genótipos apresentaram um aumento na concentração quando em déficit hídrico, em comparação ao ambiente controle. Destaca-se novamente a linhagem VI14050 que evidenciou um aumento de 114,34% na concentração de compostos fenólicos no ambiente de déficit. O aumento na presença desses compostos está relacionado com a atividade antioxidante da planta que possui como objetivo reduzir o estresse oxidativo ocasionado pelos estresses abióticos, como o hídrico (Zrckova *et al.*, 2018; Nardino *et al.*, 2022a) ou térmico (Moore *et al.*, 2006). Isso mostra uma oportunidade de seleção de genótipos com maior qualidade nutricional em ambientes estressante, visto que os antioxidantes encontrados no trigo, como os compostos fenólicos, apresentam efeitos benéficos à saúde (Chen *et al.*, 2020).

A abordagem de análise em grãos se tornou fundamental na seleção de genótipos com maior qualidade nutricional, uma vez que o grão atua como o dreno final. Durante a fase de enchimento de grãos, os fotoassimilados produzidos ao longo do ciclo da planta são translocados para essa estrutura, que representa o produto final a ser consumido. Além disso, a análise bioquímica dos grãos permite utilizar o rendimento de grãos como um elo entre a resposta de defesa antioxidante da planta e o nível de déficit imposto (Arzani; Ashraf, 2017). Com base nisso, podemos avaliar por meio de PG até que ponto é possível incrementar a resposta antioxidante diante do déficit hídrico sem comprometer o rendimento final.

Para componentes produtivos como PG (Figura 6d) e ME (Figura 6e), o déficit hídrico durante o enchimento de grãos afetou significativamente o rendimento de grãos, ocasionando redução de 80,41% para PG e de 77,25% para ME. O estresse hídrico no período pós-antese pode reduzir a produção e absorção de fotoassimilados, assim como o período de duração do enchimento de grãos (Chowdhury *et al.*, 2017). Todos esses fatores afetam, conseqüentemente, o rendimento final de grãos. Os genótipos com menores reduções para PG foram IAC375 (43,69%), ORS Guardiã (47,30%), ORS Senna (51,66%) e BRS 264 (59,28%). Mesmo com a redução de quase 60%, BRS264 apresentou o maior valor de BLUP no ambiente de déficit, com 1.858,37 kg ha<sup>-1</sup> e se destacou entre as superiores no ambiente controle.

A cultivar BRS264 foi lançada pela Embrapa para ambiente irrigado (Albretch *et al.*, 2006). Entretanto, em 2020, foi indicada para ambiente de sequeiro em algumas regiões do Cerrado. Os resultados deste estudo demonstram que BRS264 pode ser

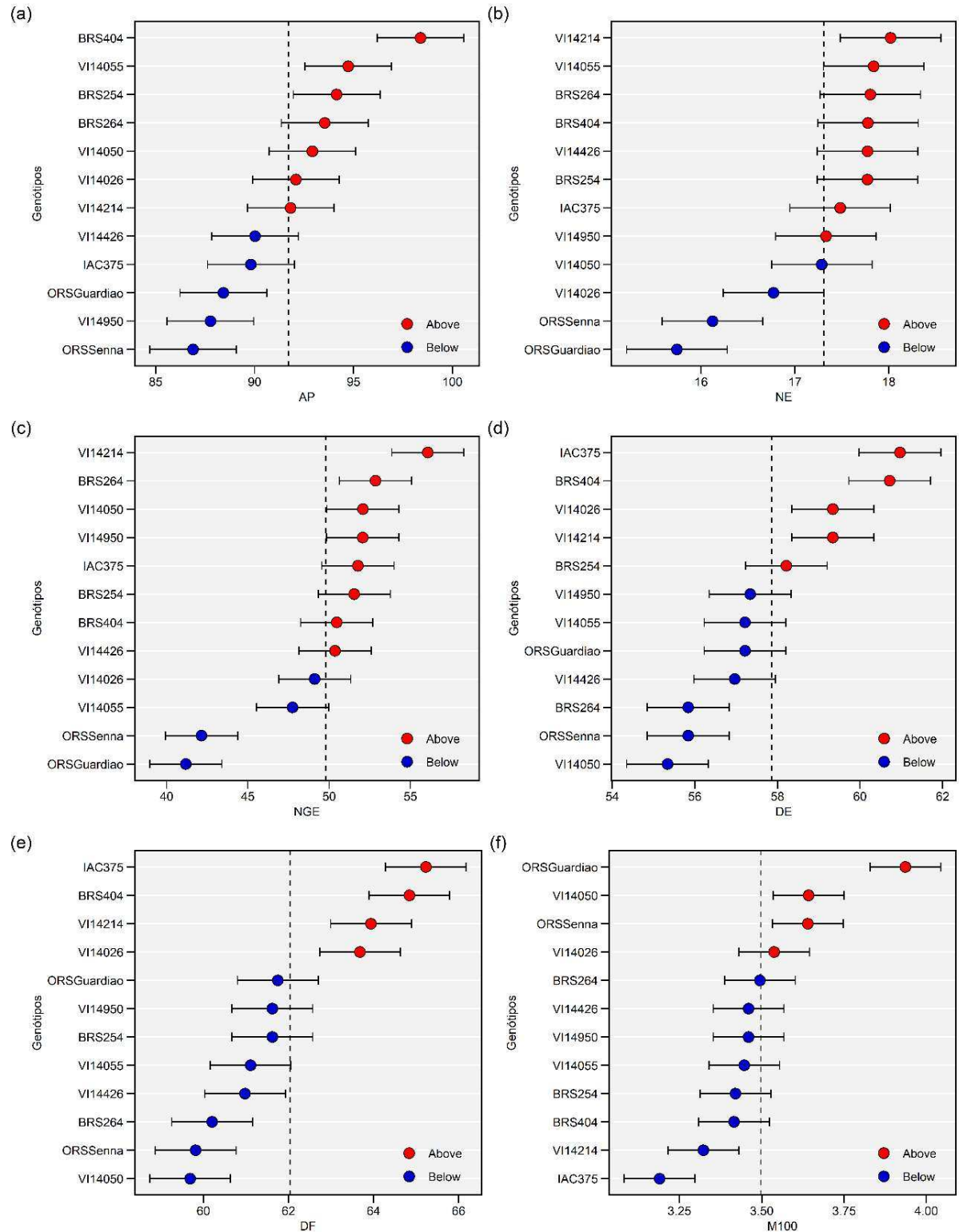
considerado um genótipo superior devido ao seu conteúdo antioxidante detectado por FRAP, e concentração mais elevada de compostos fenólicos que acabaram por contribuir para a defesa do estresse oxidativo e mitigação de impactos no rendimento final.

### 3.3.2 BLUPg

Os valores de BLUPg e o ranking dos genótipos para as características de AP, NE, NGE, DE, DF e M100 são apresentados na Figura 7. Adicionalmente, os valores de BLUPg das análises individuais realizadas nos ambientes irrigado (controle) e de estresse estão disponíveis como arquivo suplementar (Apêndices B e C). Vale ressaltar que essas análises individuais refletem um desempenho semelhante ao verificado na análise conjunta.

No que se refere à AP (Figura 7a), dentre os 12 genótipos avaliados, sete deles apresentaram valores acima da média (91,71 cm). Desde a introdução dos genes de nanismo (*Rht*) no Brasil na década de 80 (Beche *et al.*, 2014), os programas de melhoramento genético de trigo têm buscado cultivares com porte reduzido. Esse direcionamento é particularmente relevante para o cultivo irrigado na região do Cerrado, onde a combinação de altos níveis de adubação nitrogenada e grande volume de água pode resultar no acamamento das plantas, levando à perda de produtividade (Würschum *et al.*, 2017; Lima *et al.*, 2021). Nesse contexto, destacam-se os genótipos ORS Senna, VI14950, ORS Guardião, IAC 375 e VI14426 que estiveram abaixo da média.

Figura 7 – Resultados dos valores de BLUPg para os 12 genótipos avaliados nos ambientes controle e déficit.



AP: altura de planta (cm); NE: número de espiguetas por espigas (unidades); NGE: número de grãos por espiga (unidades); DE: dias para espigamento (dias); DF: dias para florescimento (dias); M100: massa de cem grãos (g).

Fonte: elaborada pela autora (2024).

Em relação aos caracteres produtivos de espiga (Figura 7b e 7c), observou-se um desempenho superior para NE (Figura 7b) dos genótipos que apresentaram valores de BLUP abaixo da média, como ORS Guardiã, ORS Senna, VI14026 e VI14050. Enquanto que para NGE (Figura 7c), foi observado desempenho superior para genótipos acima da média, como VI14214, BRS264, VI14050, VI14950, IAC 375, BRS254, BRS404 e VI14426. Para NGE foram considerados superiores aqueles genótipos com maior número de grãos na espiga visto que essa característica tem sido amplamente associada com o rendimento final de grãos (Mecha *et al.*, 2017; Guo *et al.*, 2018; Philipp *et al.*, 2018). No entanto, é essencial notar que um maior número de grãos por espiga não necessariamente resulta de um aumento no número de espiguetas, mas sim da taxa de fertilidade dessas espiguetas (Philipp *et al.*, 2018). Portanto, neste estudo, considerou-se que um genótipo superior deveria apresentar menos espiguetas por espiga. Isso se deve ao fato de que, embora essa característica influencie o NGE, estudos anteriores em linhagens de trigo elite revelaram uma correlação fraca ou negativa entre o número de espiguetas e outros caracteres produtivos (Philipp *et al.*, 2018), como o peso de mil sementes. Essa constatação é reforçada neste estudo, já que ambas as cultivares da OR Sementes, apesar de terem um baixo número de espiguetas, estão entre os genótipos com maiores BLUPs para M100 (Figura 6f).

Para os caracteres de ciclo (Figuras 7d e 7e), foram considerados superiores aqueles genótipos com menores valores de BLUP, como foi verificado para VI14050, ORS Senna e BRS264. Quanto menor for o número de dias que um genótipo leva para expor sua espiga e florescer, menor é o ciclo total da planta, visto que existe uma correlação entre dias para espigamento e dias até a maturação fisiológica (Mecha *et al.*, 2017; Baye *et al.*, 2020).

Ademais, o florescimento precoce pode ser caracterizado como um mecanismo de “*drought escape*” (Shavrukov *et al.*, 2017) em regiões que apresentam baixo volume hídrico ou épocas de ausência de chuvas, como é o caso do Cerrado brasileiro – passível de verificação na Figura 1, que demonstra apenas uma ocorrência de precipitação entre julho e o fim do mês de setembro. Este florescimento precoce atua como uma estratégia para evitar a desidratação celular propiciada pela concomitância entre os períodos de seca e as fases mais sensíveis do florescimento e do enchimento de grãos (Shavrukov *et al.*, 2017). Genótipos como BRS264 e ORS Senna apresentaram menores reduções na produtividade, quando comparados os dois

ambientes, devido à sua precocidade. É possível que a precocidade no florescimento adiantou a fase de enchimento de grãos, reduzindo o impacto do período de déficit hídrico na produtividade final. Apesar disso, o presente estudo demonstrou que o déficit hídrico durante a fase de enchimento de grãos tem grande impacto na produtividade final e que o florescimento precoce pode auxiliar na redução de impactos.

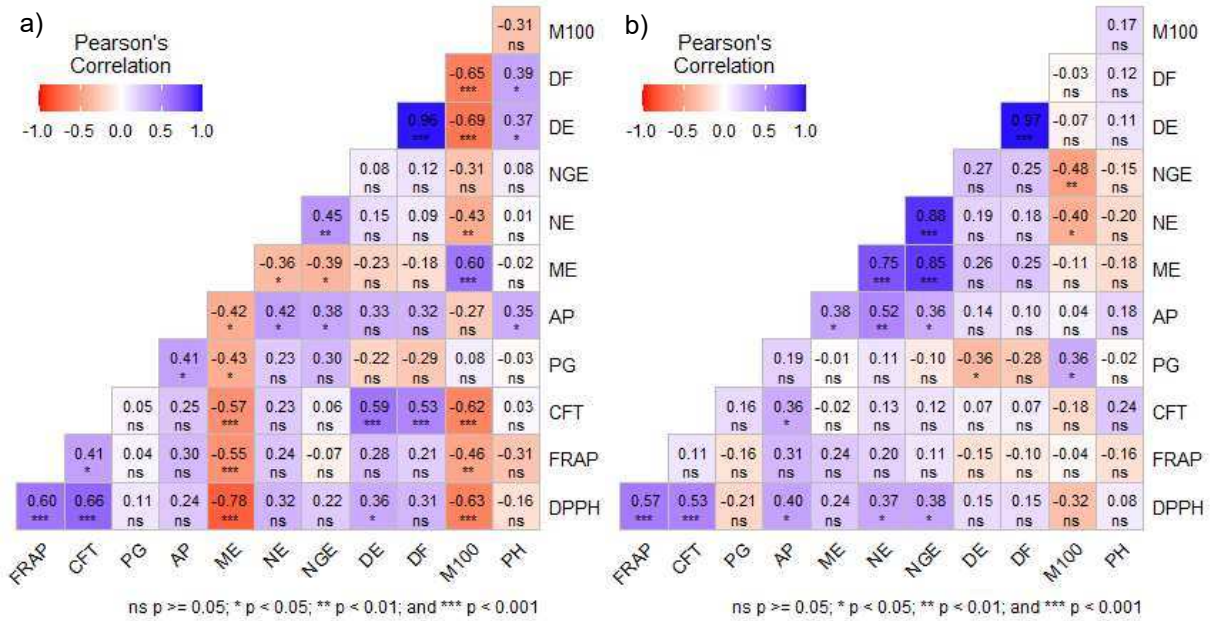
### 3.4 ANÁLISE MULTIVARIADA

#### 3.4.1 Correlação de Pearson

O grau de associação entre as 12 características avaliadas no presente estudo foi determinado pelos coeficientes da análise de correlação de Pearson (Figura 8). A correlação entre caracteres foi feita individualmente para cada ambiente. Houve correlações positivas significativas semelhantes em ambos os ambientes como é o caso dos caracteres bioquímicos e entre caracteres de espiga e AP (Figura 8a e 8b). A associação entre caracteres bioquímicos era de se esperar visto que, como foi mencionado anteriormente, a atividade antioxidante ocorre na presença de compostos metabólitos secundários, como é o caso dos compostos fenólicos.

Outras associações interessantes observadas foram: correlação positiva entre PG e AP no ambiente controle, indicando dificuldade de seleção de plantas com porte baixo e produtivas; e a correlação negativa entre DE e PG no ambiente de déficit, indicando que plantas precoces podem se sobressair em condições de déficit hídrico.

Figura 8 – Correlação linear de Pearson entre as 12 características avaliadas para os ambientes a) controle e b) déficit.



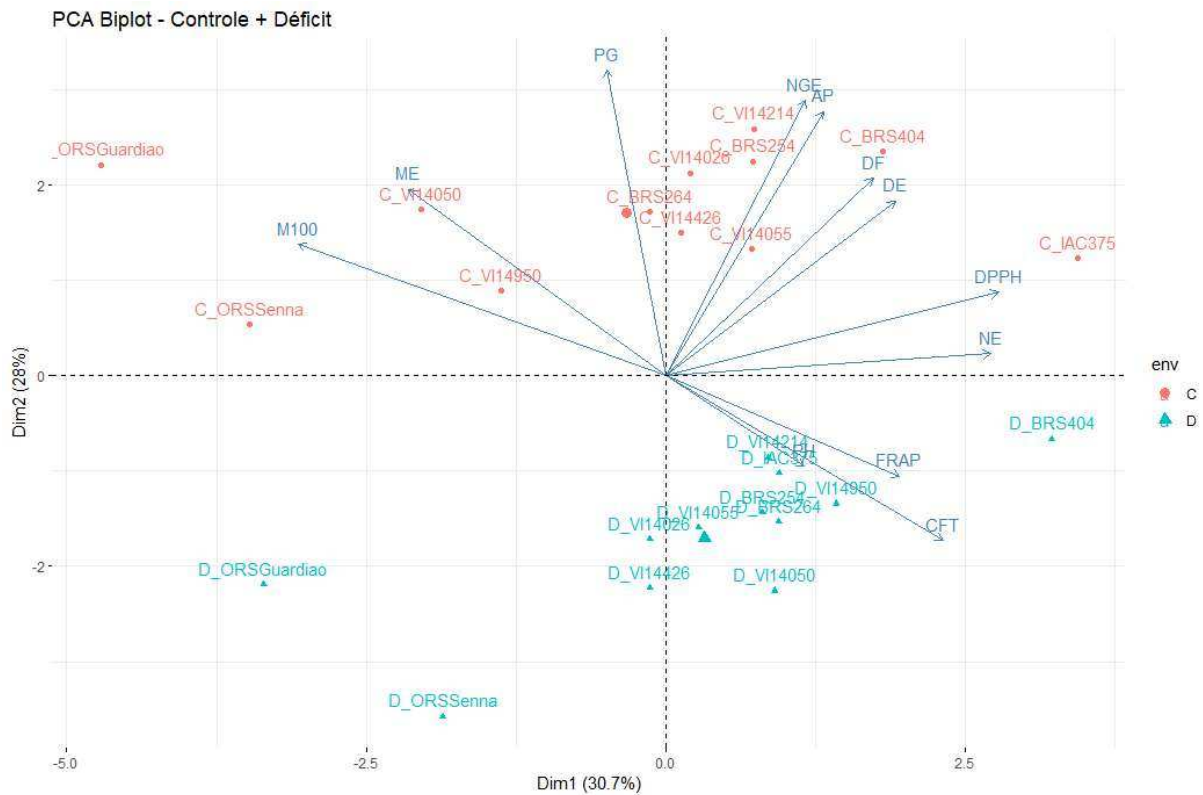
DPPH: 2,2-difenil-1-picrilhidrazil; FRAP: poder antioxidante de redução férrica; CFT: concentração de componentes fenólicos totais; PG: produtividade de grãos; AP: altura de planta; ME: massa de espiga; NE: número de espiguetas por espigas; NGE: número de grãos por espiga; DE: dias para espigamento; DF: dias para florescimento; M100: massa de cem grãos; PH: peso do hectolitro.

Fonte: elaborada pela autora (2024).

### 3.4.2 Análise de componentes principais

Um total de 12 componentes principais (CPs) foram obtidos, mas apenas três obtiveram autovalores superiores a um ( $\lambda > 1$ ), totalizando 74,51% da variância total acumulada. O biplot (Figura 9) revelou que o CP1, representado pelo eixo X, abrangeu aproximadamente 31% da variação total, com contribuição significativa das variáveis DPPH, NE e M100. Enquanto isso, o CP2, referente ao eixo Y, contabilizou 28% da variação total com maior contribuição das variáveis PG, AP e NGE. Esses resultados estão de acordo com a correlação linear encontrada em ambos os ambientes, apontando que essas variáveis desempenham um papel fundamental na distinção entre os genótipos neste estudo.

Figura 9 – Biplot da análise de componentes principais para os 12 genótipos avaliados em duas condições ambientais contrastantes.



C: ambiente controle (irrigado); D: ambiente de déficit. DPPH: 2,2-difenil-1-picrilhidrazil; FRAP: poder antioxidante de redução férrica; CFT: concentração de componentes fenólicos totais; PG: produtividade de grãos; AP: altura de planta; ME: massa de espiga; NE: número de espiguetas por espigas; NGE: número de grãos por espiga; DE: dias para espigamento; DF: dias para florescimento; M100: massa de cem grãos; PH: peso do hectolitro.

Fonte: elaborada pela autora (2024).

O impacto das características em cada ambiente estudado também foi avaliado por meio do biplot (Figura 9). Ficou evidente que PG exerce uma influência positiva considerável no CP2, e os genótipos do ambiente de déficit mostraram-se opostos ao vetor da característica no gráfico biplot, indicando que o déficit hídrico leva a respostas divergentes. Isso sugere que PG, acompanhada por M100, ME, NGE, AP, DF, DE e DPPH, está mais associada ao ambiente de controle. Por outro lado, para o ambiente de déficit, observa-se uma proximidade entre os genótipos e as características bioquímicas de FRAP e CFT, além de NE e PH. É esperado o acúmulo de metabólitos especializados em cenários de déficit hídrico (Cavatte *et al.*, 2012), pois isso auxilia as plantas a atingirem a homeostase celular (Nardino *et al.*, 2022a). Além disso, vale ressaltar que baixo rendimento de grãos está associado com a baixa capacidade de plantas em déficit hídrico acumularem metabólitos especializado (Kirova; Pecheva;

Simova-Stoilova, 2021; Nardino *et al.*, 2022a), como é o caso das cultivares ORS Senna e ORS Guardiã.

### 3.4.3 Índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI)

Para a seleção dos genótipos superiores dentre as 12 características estudadas, foi aplicado o índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI). Os resultados da análise fatorial estão detalhados na Tabela 4, considerando apenas os fatores com autovalores acima de um ( $\lambda > 1$ ), seguindo a metodologia de Kaiser (1958). Utilizamos o ideótipo estabelecido no Quadro 2 para selecionar genótipos, adotando uma taxa de seleção de 30%. Na Figura 10, apresentamos os genótipos selecionados para cada ambiente, destacando seus pontos fortes e fracos.

Tabela 4 – Variância acumulada e cargas fatoriais obtidas na análise de fatores.

A	Controle + déficit			Controle			Déficit			
	FA1	FA2	FA3	FA1	FA2	FA3	FA1	FA2	FA3	FA4
DPPH	<b>-0,85</b>	0,19	0,17	<b>-0,78</b>	0,32	0,31	-0,37	0,19	-0,14	<b>-0,78</b>
FRAP	<b>-0,73</b>	-0,37	-0,12	<b>-0,86</b>	0,08	0,13	-0,12	-0,29	0,22	<b>-0,86</b>
CFT	-0,33	<b>0,52</b>	-0,38	-0,56	0,18	<b>0,58</b>	-0,09	0,22	<b>-0,84</b>	-0,40
PG	-0,14	-0,26	<b>-0,89</b>	-0,06	<b>0,82</b>	-0,37	0,21	-0,50	<b>-0,68</b>	0,24
AP	0,41	-0,27	<b>0,77</b>	0,14	<b>-0,73</b>	-0,23	0,23	-0,09	0,40	<b>0,78</b>
ME	<b>0,95</b>	-0,15	0,17	0,59	<b>-0,71</b>	-0,19	<b>-0,80</b>	-0,11	0,10	-0,27
NE	<b>-0,85</b>	-0,11	0,41	0,43	<b>-0,83</b>	-0,16	<b>0,91</b>	-0,08	0,04	0,29
NGE	<b>-0,75</b>	0,23	-0,27	0,08	<b>0,82</b>	0,13	<b>-0,97</b>	0,16	-0,06	-0,13
DE	0,26	<b>-0,87</b>	-0,10	0,19	0,01	<b>-0,94</b>	0,10	<b>-0,95</b>	-0,09	0,04
DF	0,21	<b>-0,88</b>	-0,14	0,12	0,03	<b>-0,94</b>	0,10	<b>-0,94</b>	-0,06	0,07
M100	<b>0,80</b>	-0,48	-0,06	0,41	-0,33	<b>-0,78</b>	<b>0,89</b>	-0,25	0,00	0,03
PH	0,12	<b>0,82</b>	-0,15	0,59	0,25	<b>0,64</b>	-0,09	<b>0,77</b>	-0,35	0,23
$\lambda$	5,67	2,61	1,23	5,39	2,63	1,69	4,65	2,69	1,72	1,27
VA (%)	47,3	69,0	79,3	44,9	66,8	80,9	38,8	61,2	75,5	86,1

DPPH: 2,2-difenil-1-picrilhidrazil; FRAP: poder antioxidante de redução férrica; CFT: concentração de componentes fenólicos totais; PG: produtividade de grãos; AP: altura de planta; ME: massa de espiga; NE: número de espiguetas por espigas; NGE: número de grãos por espiga; DE: dias para espigamento; DF: dias para florescimento; M100: massa de cem grãos; PH: peso do hectolitro.

A: ambiente; F: fator;  $\lambda$ : autovalor; VA: variância acumulada.

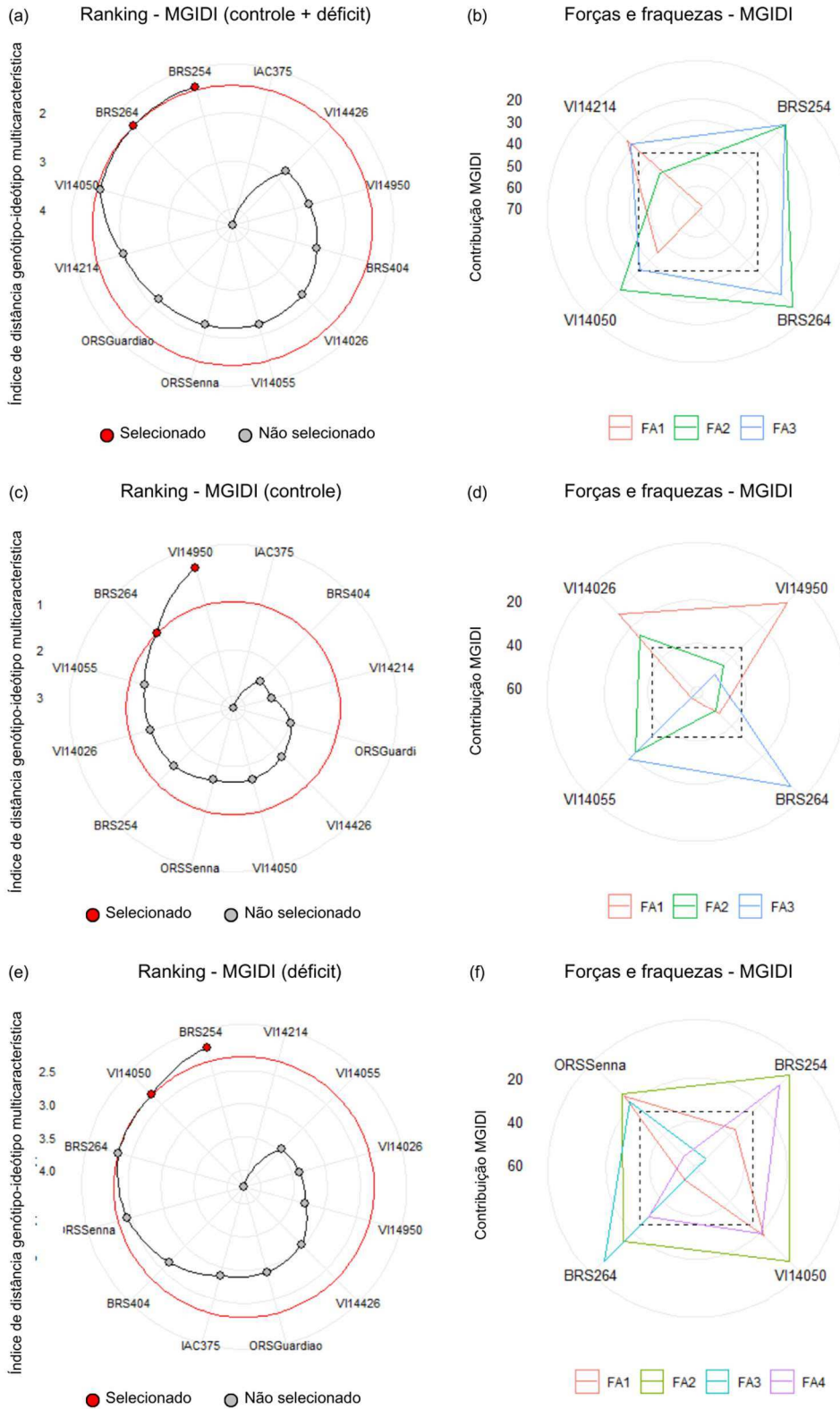
A seleção conjunta nos ambientes controle e déficit reduziu as dimensões do conjunto de dados para três fatores, pois esses apresentaram autovalores acima de

um, explicando 79,3% da variância total acumulada (Tabela 4). Dentro do FA1, agruparam-se características bioquímicas (DPPH e FRAP) e de espiga (ME, NE, NGE e M100); no FA2, agruparam-se caracteres de ciclo (DE e DF) com CFT e PH; e, no FA3, apenas PG e AP, porém se correlacionam de forma negativa. Ao considerar ambos os ambientes, os genótipos BRS254, BRS264 e VI14050 que mais se aproximaram do ideótipo estabelecido, entretanto, somente as cultivares da Embrapa foram selecionadas (Figura 10a). Para os genótipos selecionados, constatou-se que FA2 e FA3 promoveram as menores contribuições para ambos, indicando sua superioridade para os caracteres representados nesses dois fatores (Figura 10b), enquanto que os genótipos apresentaram pontos fracos em relação ao FA1.

No ambiente controle, também foram considerados três fatores, os quais explicaram 80,9% da variância total acumulada (Tabela 4). FA1 agrupou exclusivamente os caracteres bioquímicos (DPPH e FRAP), enquanto que no FA2, PG e AP foram associados aos caracteres de espiga (ME, NE e NGE). Já no FA3, CFT foi agrupado com características de ciclo (DE e DF) e produtivas (M100 e PH). Os genótipos selecionados para o ambiente controle foram VI14950 e BRS264 (Figura 10c). VI14950 obteve menor contribuição do FA1, indicando superioridade para esses caracteres bioquímicos, enquanto BRS264 obteve alta contribuição dos caracteres do FA2. No que diz respeito ao FA3, BRS264 demonstrou pontos fortes nesse fator, enquanto VI14950 revelou fraquezas associadas ao mesmo fator.

Quatros fatores foram considerados para o ambiente de déficit explicando 86,1% da variância total (Tabela 4). O FA1 reuniu caracteres de espiga (ME, NE e NGE) e M100; o FA2, agrupou caracteres de ciclo (DE e DF) e PH; o FA3, uniu CFT e PG; e, o FA4 agrupou AP com caracteres bioquímicos (DPPH e FRAP). Para este ambiente, o MGIDI selecionou os genótipos BRS254 e VI14050 (Figura 10e), porém BRS 264 e ORS Senna ficaram muito próximos do ideótipo estabelecido. Ambos os genótipos selecionados apresentaram pontos fortes em FA2 e FA3, indicando superioridade para as características desses fatores (Figura 10f).

Figura 10 – (a), (c) e (e) Ranking estabelecido pelo índice de seleção genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI) para as análises conjunta e individuais dos ambientes irrigado e estressante, respectivamente. (b), (d) e (f) Forças e fraquezas dos genótipos ranqueados para as análises conjunta e individuais dos ambientes controle e déficit, respectivamente.



Fonte: elaborada pela autora (2024).

Os ganhos genéticos dos genótipos selecionados pelo MGIDI estão detalhados na Tabela 5. Na seleção conjunta, seis características apresentaram ganhos favoráveis, porém, esses ganhos não foram substanciais devido aos baixos coeficientes de herdabilidade, reforçando a alta influência do ambiente para essa análise. Os caracteres com maiores ganhos foram NGE e DPPH com 3,05% e 1,75%, respectivamente. No ambiente controle, sete características obtiveram ganhos favoráveis, com destaque para caracteres bioquímicos e PG. Para ME, houve perda significativa (-22,18%) e impactos negativos em NGE e PH. Já no ambiente de déficit, nove características avaliadas obtiveram ganhos no sentido desejado, novamente com destaque para PG (7,90%) e caracteres bioquímicos (DPPH – 5,32%, FRAP – 6,99% e CFT – 12,15%).

Tabela 5 – Ganhos genéticos preditos para os genótipos selecionados pelo MGIDI.

Amb.	Controle + estresse			Controle			Estresse		
	BO	BS	GS (%)	BO	BS	GS (%)	BO	BS	GS (%)
<b>DPPH</b>	360,83	374,61	1,75	373,97	406,19	8,60	347,69	366,44	5,32
<b>FRAP</b>	7,00	6,99	-0,01	6,55	6,91	5,50	7,45	7,97	6,99
<b>CFT</b>	117,21	117,80	0,22	101,87	108,44	6,43	132,56	148,73	12,15
<b>PG</b>	2687,30	3055,96	0,00	4125,95	4478,75	7,58	1294,72	1509,17	7,90
<b>AP</b>	91,69	93,71	0,55	95,97	96,74	0,62	87,26	88,19	0,15
<b>ME</b>	2,93	2,78	0,00	3,76	2,91	-22,18	2,10	2,14	0,00
<b>NE</b>	17,31	17,97	0,81	17,11	17,08	0,00	17,51	17,45	-0,15
<b>NGE</b>	49,78	54,20	3,05	55,09	54,53	-0,74	44,47	44,50	0,03
<b>DE</b>	57,86	56,96	-0,57	58,83	57,75	-1,74	56,89	54,42	-1,33
<b>DF</b>	62,04	61,17	-0,51	63,19	62,42	-1,16	60,89	58,50	-0,61
<b>M100</b>	3,50	3,46	-0,47	3,65	3,68	0,72	3,35	3,36	0,19
<b>PH</b>	75,23	75,41	0,05	74,62	73,80	-0,94	75,86	75,53	0,00

DPPH: 2,2-difenil-1-picrilhidrazil; FRAP: poder antioxidante de redução férrica; CFT: concentração de componentes fenólicos totais; PG: produtividade de grãos; AP: altura de planta; ME: massa de espiga; NE: número de espiguetas por espigas; NGE: número de grãos por espiga; DE: dias para espigamento; DF: dias para florescimento; M100: massa de cem grãos; PH: peso do hectolitro. BO: valor predito (BLUP) original; BS: valor predito (BLUP) para os genótipos selecionados; GS: ganho de seleção (%).

São esperados ganhos moderados quando há seleção simultânea para vários caracteres de interesse, uma vez que isso tende a reduzir o ganho genético individual de cada característica (Almeida *et al.*, 2021), assim como foi verificado no presente

estudo. Todavia, os caracteres com ganhos menores podem ser compensados pelos ganhos do conjunto completo de características (Zetouni *et al.*, 2017; Klein *et al.*, 2023). No caso da análise conjunta, também são observados menores ganhos, quando comparados aos ambientes separadamente, devido ao impacto da interação  $G \times A$  nos coeficientes de herdabilidade. Apesar disso, foi possível selecionar genótipos superiores semelhantes para as três análises. Tanto BRS254 quanto BRS264, selecionados na análise conjunta dos ambientes, também foram escolhidos para o ambiente de déficit e controle, respectivamente.

Dos genótipos selecionados, verificou-se que os genótipos da Embrapa, BRS254 e BRS264, e as linhagens elite do Programa Trigo UFV, VI14950 e VI14050, desempenharam bem para caracteres bioquímicos, de produtividade e de ciclo nas três análises. BRS254 e BRS264 apresentaram aumento da concentração de compostos fenólicos e da atividade antioxidante quando submetidos ao déficit hídrico. Enquanto BRS254 demonstrou a maior produtividade de grãos em ambiente irrigado (controle), evidenciando um potencial genético produtivo, BRS264 obteve bom rendimento de grãos no ambiente de déficit, revelando ótimo desempenho mesmo em condições adversas. Além disso, BRS264 obteve um bom desempenho para o número de grãos por espiga e um ciclo mais curto em relação aos outros genótipos.

Dentre as linhagens elite do Programa Trigo UFV, a linhagem VI14950 se destacou ao ser analisada no ambiente controle individualmente, visto que a linhagem apresentou ciclo mais curto, porte de planta reduzido do tipo moderno e produtividade de grãos acima da média dos ambientes. Já a linhagem VI14050, ao analisar separadamente o ambiente de déficit, apresentou alta atividade antioxidante quando submetida ao déficit hídrico e precocidade no florescimento, características interessantes considerando o objetivo de selecionar genótipos com qualidade nutricional de grão e produtivos.

Os resultados apresentados neste estudo mostram que os genótipos respondem diferencialmente ao déficit hídrico, com impactos diferenciados em seus caracteres agrônômicos. Além disso, foi possível verificar que há variabilidade genética em relação aos caracteres bioquímicos. A partir da seleção multicaracterística, foi possível selecionar quatro genótipos (BRS254, BRS264, VI14950 e VI14050) a partir de caracteres bioquímicos e agrônômicos com boa performance para qualidade nutricional e produtividade de grãos.

## 4 CONCLUSÃO

O presente estudo teve como objetivo investigar o comportamento de genótipos de trigo em condições hídricas normais e em déficit por meio de características bioquímicas e agronômicas, visando a seleção dos mais promissores em termos de qualidade nutricional e produtividade de grãos. A análise conjunta revelou interação  $G \times A$  para caracteres bioquímicos e agronômicos. Ao explorar os ambientes individualmente, observamos distinções na variabilidade genética: no ambiente controle, quase todas as características exibiram diferenças entre os genótipos, enquanto no ambiente de déficit, essa variabilidade foi evidente apenas para os caracteres bioquímicos. Tal fato permitiu que os coeficientes de herdabilidade para a análise conjunta e do ambiente de estresse fossem menores para os caracteres que sofreram maior influência ambiental. Além disso, a análise de componentes principais foi fundamental para compreender a estrutura das variáveis, destacando a contribuição dos caracteres específicos. Dois componentes principais explicaram 74,51% da variância total, agrupando características distintas em CP1 (DPPH, NE e M100) e CP2 (PG, AP e NGE). Essa análise também evidenciou a relação mais próxima entre o ambiente de déficit e os caracteres bioquímicos e PG com o ambiente controle.

Por fim, a seleção de genótipos de trigo tropical com maior qualidade nutricional e ótima produtividade de grãos foi possível por meio de um índice de seleção multivariado aplicado em caracteres agronômicos e bioquímicos de grão. Os resultados do presente estudo indicam que os genótipos selecionados – BRS254, BRS264, VI14950 e VI14050 – apresentaram respostas adequadas ao ideótipo estabelecido com base nas 12 variáveis analisadas. A partir destes genótipos é possível montar blocos de cruzamento visando a obtenção de qualidade nutricional em grãos em regiões de déficit hídrico, como é o caso do Cerrado brasileiro.

## REFERÊNCIAS

- AHMAD, Zahoor *et al.* Physiological responses of wheat to drought stress and its mitigation approaches. **Acta Physiologiae Plantarum**, v. 40, n. 80, p. 1-13, 2018. DOI: 10.1007/s11738-018-2651-6
- AHMAD, Ali *et al.* Screening of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes for drought tolerance through agronomic and physiological response. **Agronomy**, v. 12, n. 2, p. 287, 2022. DOI: 10.3390/agronomy12020287
- ALBRECHT, Julio Cesar *et al.* **Trigo BRS 264**: cultivar precoce com alto rendimento de grãos indicada para o cerrado do Brasil Central. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2006. 21 p. (Documentos/Embrapa Cerrados, 174).
- ALI, Ammar Mohammed Ahmed; EL-NOUR, Mawahib ElAmin Mohamed; YAGI, Sakina Mohamed. Total phenolic and flavonoid contents and antioxidant activity of ginger (*Zingiber officinale* Rosc.) rhizome, callus and callus treated with some elicitors. **Journal of Genetic Engineering and Biotechnology**, v. 16, n. 2, p. 677-682, 2018. DOI: 10.1016/j.jgeb.2018.03.003
- ALMEIDA, Gabriella Queiroz de *et al.* Selection of *Hancornia speciosa* germplasm accessions based on the FAI-BLUP index. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 51, 2021. DOI: 10.1590/1983-40632021v5167226
- ARZANI, Ahmad; ASHRAF, Muhammad. Cultivated ancient wheats (*Triticum* spp.): A potential source of health-beneficial food products. **Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety**, v. 16, n. 3, p. 477-488, 2017. DOI: 10.1111/1541-4337.12262
- AWIKA, Joseph M. Major cereal grains production and use around the world. In: **Advances in cereal science**: implications to food processing and health promotion. Washington: American Chemical Society, 2011, cap. 1, p. 1-13. DOI: 10.1021/bk-2011-1089.ch001
- BAENZIGER, P. Stephen. Wheat Breeding and Genetics. Ref. Modul. Food Sci. 2016. Disponível em: [https://www.researchgate.net/profile/P-Baenziger/publication/301263023\\_Wheat\\_Breeding\\_and\\_Genetics/links/5c0324c145851523d1569efa/Wheat-Breeding-and-Genetics.pdf](https://www.researchgate.net/profile/P-Baenziger/publication/301263023_Wheat_Breeding_and_Genetics/links/5c0324c145851523d1569efa/Wheat-Breeding-and-Genetics.pdf). Acesso em 20 ago. 2023.
- BAYE, Ashebr *et al.* Genotypic and phenotypic correlation and path coefficient analysis for yield and yield-related traits in advanced bread wheat (*Triticum aestivum* L.) lines. **Cogent Food & Agriculture**, v. 6, n. 1, p. 1752603, 2020. DOI: 10.1080/23311932.2020.1752603
- BECHE, Eduardo *et al.* Genetic gain in yield and changes associated with physiological traits in Brazilian wheat during the 20th century. **European Journal of Agronomy**, v. 61, p. 49-59, 2014. DOI: 10.1016/j.eja.2014.08.005

BHARGAVA, Sujata; SAWANT, Kshitija. Drought stress adaptation: metabolic adjustment and regulation of gene expression. **Plant Breeding**, v. 132, n. 1, p. 21-32, 2013. DOI: 10.1111/pbr.12004

BRAND-WILLIAMS, Wendy; CUVÉLIER, Marie-Elisabeth; BERSET, C. L. W. T. Use of a free radical method to evaluate antioxidant activity. **LWT-Food science and Technology**, v. 28, n. 1, p. 25-30, 1995. DOI: 10.1016/S0023-6438(95)80008-5

BRASIL. Ministério Da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Regras para Análises de Sementes**. Brasília: Mapa/ACS, 2009. 399 p.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Projeções do agronegócio: Brasil 2018/2019 a 2028/2029 – projeções de longo prazo**. 10 ed. Brasília: MAPA, 2019. 124 p. Disponível em: [http://www.sapc.embrapa.br/arquivos/consorcio/informe\\_estatistico/Projecao\\_do\\_Agronegocio\\_2018\\_2019\\_a\\_2028\\_29\\_cafe.pdf](http://www.sapc.embrapa.br/arquivos/consorcio/informe_estatistico/Projecao_do_Agronegocio_2018_2019_a_2028_29_cafe.pdf). Acesso em 12 abr. 2022.

CASAGRANDE, Cleiton Renato *et al.* Choosing parent tropical wheat genotypes through genetic dissimilarity based on REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n.3, 2020. DOI: 10.1590/1984-70332020v20n3a50

CAVATTE, Paulo C. *et al.* The physiology of abiotic stresses. *In*: FRITSCHÉ-NETO, Roberto; BORÉM, Aluizio. (ed.). **Plant Breeding for Abiotic Stress Tolerance**. Heidelberg: Springer, 2012, cap. 3, p. 21-51. DOI: 10.1007/978-3-642-30553-5

CAVERZAN, Andréia; CASASSOLA, Alice; BRAMMER, Sandra Patussi. Antioxidant responses of wheat plants under stress. **Genetics and Molecular Biology**, v. 39, n. 1, p. 1-6, 2016. DOI: 10.1590/1678-4685-GMB-2015-0109

CHARMET, Gilles. Wheat domestication: lessons for the future. **Comptes Rendus Biologies**, v. 334, n. 3, p. 212-220, 2011. DOI: 10.1016/j.crv.2010.12.013

CHEN, Jinxiang *et al.* Structure-antioxidant activity relationship of methoxy, phenolic hydroxyl, and carboxylic acid groups of phenolic acids. **Scientific reports**, v. 10, n. 1, p. 2611, 2020. DOI: 10.1038/s41598-020-59451-z

CHOWDHURY, M. Kaium *et al.* Evaluation of drought tolerance of some wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes through phenology, growth, and physiological indices. **Agronomy**, v. 11, n. 9, p. 1792, 2021. DOI: 10.3390/agronomy11091792

COELHO, Jackson Dantas. Trigo: produção e mercados. **Caderno Setorial ETENE (Escritório Técnico de Estudos Econômicos do Nordeste)**, ano 5, n. 151, p. 1-9, 2021. Disponível em: [https://www.bnb.gov.br/s482-space/bitstream/123456789/636/3/2021\\_CDS\\_151.pdf](https://www.bnb.gov.br/s482-space/bitstream/123456789/636/3/2021_CDS_151.pdf). Acesso em: 13 mar. 2022.

COLUSSI, Joana *et al.* Wheat Production Plunges in Argentina, on Record Pace in Brazil. **Farmdoc Daily**, v. 12, n. 189, 2022. Disponível em: <https://farmdocdaily.illinois.edu/2022/12/wheat-production-plunges-in-argentina-on-record-pace-in-brazil.html>. Acesso em 15 abr. 2023.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Mercado impulsiona produção de trigo que atinge novo recorde com mais de 9 milhões de toneladas.** 2023. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/4850-mercado-impulsiona-producao-de-trigo-que-atinge-novo-recorde-com-mais-de-9-milhoes-de-toneladas>. Acesso em: 13 dez. 2023.

CRUZ, Cosme Damião; REGAZZI, Adair José; CARNEIRO, Pedro Crescêncio Souza. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4 ed. Viçosa: Editora UFV, 2012, v. 1, 514 p.

DAMATTA, Fábio M. Drought as a multidimensional stress affecting photosynthesis in tropical tree crops. *In*: HEMANTARANJAN, A. (ed.). **Advances in Plant Physiology.** Varanasi: Scientific Publishers, 2003, cap. 8, p. 227-265.

DARYANTO, Stefani; WANG, Lixin; JACINTHE, Pierre-André. Global synthesis of drought effects on maize and wheat production. **PloS One**, v. 11, n. 5, p. e0156362, 2016. DOI: 10.1371/journal.pone.0156362

DOORENBOS, J.; KASSAM, A. H. Yield response to water. *In*: JOHL, S. S. (ed.). **Irrigation and Agricultural Development.** Bagdá: Pergamon Press, 1979, p. 257-280.

DONG, Baodi *et al.* Effects of drought stress on pollen sterility, grain yield, abscisic acid and protective enzymes in two winter wheat cultivars. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 1008, 2017. DOI: 10.3389/fpls.2017.01008

EMBRAPA - Empresa Brasileira De Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos.** 3. ed. Brasília: Embrapa, 2013. 353 p.

FAROOQ, Muhammad *et al.* Plant drought stress: effects, mechanisms and management. *In*: LICHTFOUSE, Eric *et al.* (ed.). **Sustainable Agriculture.** Dordrecht: Springer, 2009, cap. 12, p. 153-188. DOI: 10.1007/978-90-481-2666-8

FAOSTAT – Food and Agriculture Data. **Crops and livestock products.** 2023. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>. Acesso em: 03 abr. 2023.

FERNANDEZ-OROZCO, Rebeca *et al.* Effects of environment and genotype on phenolic acids in wheat in the HEALTHGRAIN diversity screen. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 58, n. 17, p. 9341-9352, 2010. DOI: 10.1021/jf102017s

FIALHO, Edson Soares; DOS SANTOS, Larissa Galvão F. dos. Unidades mesoclimáticas de Viçosa-MG, na Zona da Mata mineira. **Revista Brasileira de Climatologia**, v. 31, 2022. DOI: 10.55761/abclima.v31i18.15841

FRITSCHÉ-NETO, Roberto; DOVALE, Júlio César. Breeding for Stress-Tolerance or Resource-Use Efficiency? *In*: FRITSCHÉ-NETO, Roberto; BORÉM, Aluizio. (ed.). **Plant Breeding for Abiotic Stress Tolerance.** Heidelberg: Springer, 2012, cap. 2, p. 13-19. DOI: 10.1007/978-3-642-30553-5

GUO, Zifeng *et al.* Manipulation and prediction of spike morphology traits for the improvement of grain yield in wheat. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, p. 14435, 2018. DOI:10.1038/s41598-018-31977-3

GUO, Xiaoyang *et al.* Metabolomics response for drought stress tolerance in chinese wheat genotypes (*Triticum aestivum*). **Plants**, v. 9, n. 4, p. 520, 2020. DOI: 10.3390/plants9040520

HENDERSON, Charles R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975. DOI: 10.2307/2529430

HOFFMAN, M. Timm *et al.* Drought, climate change and vegetation response in the succulent karoo, South Africa. **South African Journal of Science**, v. 105, n. 1, p. 54-60, 2009. DOI: 10520/EJC96875

INMET - Instituto Nacional de Meteorologia. **Estação: Viçosa 1510**. Brasília: INMET, 2023. Disponível em: <https://tempo.inmet.gov.br/TabelaEstacoes/A001>. Acesso em: 15 de janeiro de 2023. Base de dados.

JAGTAP, Sandeep *et al.* The Russia-Ukraine conflict: Its implications for the global food supply chains. **Foods**, v. 11, n. 14, e2098, 2022. DOI: 10.3390/foods11142098

JAVED, Ahsan *et al.* Grain yield, chlorophyll and protein contents of elite wheat genotypes under drought stress. **Journal of King Saud University-Science**, v. 34, n. 7, e102279, 2022. DOI: 10.1016/j.jksus.2022.102279

JONNALAGADDA, Satya S. *et al.* Putting the whole grain puzzle together: health benefits associated with whole grains—summary of American Society for Nutrition 2010 Satellite Symposium. **The Journal of Nutrition**, v. 141, n. 5, p. 1011S-1022S, 2011. DOI: 10.3945/jn.110.132944

KASSAMBARA, Alboukadel; MUNDT, F. Factoextra: extract and visualize the results of multivariate data analyses. **R Package Version 1.0.7**, 2020. <https://CRAN.R-project.org/package=factoextra>

KAYA, Yuksel; AKCURA, Mevlut. Effects of genotype and environment on grain yield and quality traits in bread wheat (*T. aestivum* L.). **Food Science and Technology**, v. 34, n. 2, p. 386-393, 2014. DOI: 10.1590/fst.2014.0041

KIANI, Razieh; ARZANI, Ahmad; MAIBODY, S. A. M. Mirmohammady. Polyphenols, flavonoids, and antioxidant activity involved in salt tolerance in wheat, *Aegilops cylindrica* and their amphidiploids. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, e646221, 2021. DOI: 10.3389/fpls.2021.646221

KIROVA, Elisaveta; PECHEVA, Dobrina; SIMOVA-STOILOVA, Lyudmila. Drought response in winter wheat: Protection from oxidative stress and mutagenesis effect. **Acta Physiologiae Plantarum**, v. 43, p. 1-11, 2021. DOI: 10.1007/s11738-020-03182-1.

KÖPPEN, Wladimir; GEIGER, Rudolf. **Klimate der Erde**. Gotha: Verlagcondicionadas. Justus Perthes, 1928.

KOWALSKA, Iwona *et al.* Environmental and cultivar variability in composition, content and biological activity of phenolic acids and alkylresorcinols of winter wheat grains from a multi-site field trial across Europe. **Journal of Cereal Science**, v. 107, p. 103527, 2022. DOI: 10.1016/j.jcs.2022.103527

LÊ, Sébastien; JOSSE, Julie; HUSSON, François. FactoMineR: an R package for multivariate analysis. **Journal of Statistical Software**, v. 25, p. 1-18, 2008. DOI: 10.18637/jss.v025.i01.

LIMA, Ana Lucia S. *et al.* Photochemical responses and oxidative stress in two clones of *Coffea canephora* under water deficit conditions. **Environmental and Experimental Botany**, v. 47, n. 3, p. 239-247, 2002. DOI: 10.1016/S0098-8472(01)00130-7

LIMA, Gabriel Wolter *et al.* Genetic diversity in tropical wheat germplasm and selection via multitrait index. **Agronomy Journal**, v. 114, n. 2, p. 887-899, 2022. DOI: 10.1002/agj2.20991

MANSOURI, Ali *et al.* Variation and relationships among agronomic traits in durum wheat [*Triticum turgidum* (L.) Thell. Ssp. *Turgidum* conv. *Durum* (Desf.) Mackey] under south Mediterranean growth conditions: Stepwise and path analyses. **International Journal of Agronomy**, v. 2018, e 8191749, 2018. DOI: 10.1155/2018/8191749

MECHA, Birhanu *et al.* Correlation and path coefficient studies of yield and yield associated traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. **Advances in Plants & Agricultural Research**, v. 6, n. 5, e00226, 2017. DOI: 10.15406/apar.2017.06.00226

MEHRABAN, Asghar *et al.* The effects of drought stress on yield, yield components, and yield stability at different growth stages in bread wheat cultivar (*Triticum aestivum* L.). **Polish Journal of Environmental Studies**, v. 28, n. 2, 2019. DOI: 10.15244/pjoes/85350

MONNEVEUX, Philippe; JING, Ruilian; MISRA, Satish C. Phenotyping for drought adaptation in wheat using physiological traits. **Frontiers in Physiology**, v. 3, n. 16, e429, 2012. DOI: 10.3389/fphys.2012.00429

MOORE, Jeffrey *et al.* Effects of genotype and environment on the antioxidant properties of hard winter wheat bran. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 54, n. 15, p. 5313-5322, 2006. DOI: 10.1021/jf060381l

NARDINO, Maicon *et al.* Understanding drought response mechanisms in wheat and multi-trait selection. **PLoS One**, v. 17, n. 4, p. e0266368, 2022a. DOI: 10.1371/journal.pone.0266368

- NARDINO, Maicon *et al.* Meta-analysis of the experimental coefficient of variation in wheat using the Bayesian and Frequentist approaches. **Scientia Agricola**, v. 80, e20210190, 2022b. DOI: 10.1590/1678-992X-2021-0190
- OLIVOTO, Tiago; LÚCIO, Alessandro Dal'Col. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 6, p. 783-789, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>
- OLIVOTO, Tiago; NARDINO, Maicon. MGIDI: Toward an effective multivariate selection in biological experiments. **Bioinformatics**, v. 37, n. 10, p. 1383-1389, 2021. DOI: 10.1093/bioinformatics/btaa981
- PATTERSON, H. Desmond; THOMPSON, Robin. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971. DOI: 10.1093/biomet/58.3.545
- PEÑA-BAUTISTA, Roberto J. *et al.* CIMMYT series on carbohydrates, wheat, grains, and health: wheat-based foods: their global and regional importance in the food supply, nutrition, and health. **Cereal Foods World**, v. 62, n. 5, p. 231-249, 2017. DOI: 10.1094/CFW-62-5-0231
- PEREIRA, Jorge Fernando; CUNHA, Gilberto Rocca da; MORESCO, Edina Regina. Improved drought tolerance in wheat is required to unlock the production potential of the Brazilian Cerrado. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, n. 2, p. 217-225, 2019. DOI: 10.1590/1984-70332019v19n2r30
- PHILIPP, Norman *et al.* Grain number and grain yield distribution along the spike remain stable despite breeding for high yield in winter wheat. **PLoS One**, v. 13, n. 10, p. e0205452, 2018. DOI: 10.1371/journal.pone.0205452
- POSCH, S.; BENNETT, L. T. Photosynthesis, photochemistry and antioxidative defence in response to two drought severities and with re-watering in *Allocasuarina luehmannii*. **Plant Biology**, v. 11, p. 83-93, 2009. DOI: 10.1111/j.1438-8677.2009.00245.x
- POUR-ABOUGHADAREH, Alireza *et al.* Effects of drought stress on some agronomic and morpho-physiological traits in durum wheat genotypes. **Sustainability**, v. 12, n. 14, p. 5610, 2020. DOI: 10.3390/su12145610
- PULIDO, Raquel; BRAVO, Laura; SAURA-CALIXTO, Fulgencio. Antioxidant activity of dietary polyphenols as determined by a modified ferric reducing/antioxidant power assay. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 48, n. 8, p. 3396-3402, 2000. DOI: 10.1021/jf9913458
- REHMAN, M. S.; HARIS, P. J. C.; ASHRAF, M. Stress environments and their impact on crop production. *In*: ASHRAF, M.; HARRIS, P. J. C. (ed.). **Abiotic Stresses: Plant Resistance Through Breeding and Molecular Approaches**. 1. ed. New York: CRC Press, 2005, p. 25-40.

RESENDE, Marcos Deon Vilela de; DUARTE, João Batista. Precision and quality control in variety trials. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182, 2007.

RESENDE, Marcos Deon Vilela; ALVES, Rodrigo Silva. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, p. 121-152, 2020. DOI: 10.35418/2526-4117/v2n2a1

RESENDE, Marcos Deon Vilela de; ALVES, Rodrigo Silva. Statistical significance, selection accuracy, and experimental precision in plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 22, n. 3, e42712238, 2022. DOI: 10.1590/1984-70332022v22n3a31

REYNOLDS, M. P.; ORTIZ-MONASTERIO, J. I.; MCNAB, A. C. (ed.). **Application of physiology in wheat breeding**. México: CIMMYT, 2001. 241 p.

SALLAM, Ahmed *et al.* Drought stress tolerance in wheat and barley: advances in physiology, breeding and genetics research. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 20, n. 13, e3137, 2019. DOI: 10.3390/ijms20133137

SANTOS, Reginaldo Ferreira; CARLESSO, Reimar. Déficit hídrico e os processos morfológico e fisiológico das plantas. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 2, n. 3, p. 287-294, 1998. DOI: 10.1590/1807-1929/agriambi.v2n3p287-294

SARKER, Umakanta; ISLAM, Md Tofazzal; OBA, Shinya. Salinity stress accelerates nutrients, dietary fiber, minerals, phytochemicals and antioxidant activity in *Amaranthus tricolor* leaves. **PLoS One**, v. 13, n. 11, p. e0206388, 2018. DOI:10.1371/journal.pone.0206388

SARTO, Marcos Vinicius Mansano *et al.* Wheat phenology and yield under drought: a review. **Australian Journal of Crop Science**, v. 11, n. 8, p. 941-946, 2017. DOI: 10.3316/INFORMIT.168397552267074

SCHEEREN, P. L. *et al.* Challenges to wheat production in Brazil. In: REYNOLDS, M. P.; PIETRAGALLA, J.; BRAUN, H. J. (eds.) **International Symposium on Wheat Yield Potential: Challenges to International Wheat Breeding**. Mexico: CIMMYT, 2008. p. 167-170. DOI:

SHAMLOO, Maryam *et al.* Effects of genotype and temperature on accumulation of plant secondary metabolites in Canadian and Australian wheat grown under controlled environments. **Scientific Reports**, v. 7, n. 1, e9133, 2017. DOI: 10.1038/s41598-017-09681-5

SHARMA, Pallavi *et al.* Reactive oxygen species, oxidative damage, and antioxidative defense mechanism in plants under stressful conditions. **Journal of Botany**, v. 2012, e217037, 2012. DOI: 10.1155/2012/217037

SHARMA, Anket *et al.* Response of phenylpropanoid pathway and the role of polyphenols in plants under abiotic stress. **Molecules**, v. 24, n. 13, p. 2452, 2019. DOI: 10.3390/molecules24132452

SHAVRUKOV, Yuri *et al.* Early flowering as a drought escape mechanism in plants: how can it aid wheat production? **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 1950, 2017. DOI: 10.3389/fpls.2017.01950

SILVA, Caique Machado *et al.* Canonical correlations between high and low heritability wheat traits via mixed models. **Ciência Rural**, v. 53, n. 2, e20210798, 2023. DOI: 10.1590/0103-8478cr20210798

SINGH, Ravi P. *et al.* Will stem rust destroy the world's wheat crop? **Advances in Agronomy**, v. 98, p. 271-309, 2008. DOI: 10.1016/S0065-2113(08)00205-8

SINGLETON, Vernon L.; ORTHOFER, Rudolf; LAMUELA-RAVENTÓS, Rosa M. Analysis of total phenols and other oxidation substrates and antioxidants by means of folin-ciocalteu reagent. *In: Methods in Enzymology Volume 299*. Academic Press, 1999, p. 152-178. DOI: 10.1016/S0076-6879(99)99017-1

SOUZA, Rodrigo Gomes de; VIEIRA FILHO, José Eustáquio R. Produção de trigo no Brasil: análise de políticas econômicas e seus impactos. **Revista de Política Agrícola**, v. 30, n. 2, p. 45-61, 2021.

ŠOLA, Ivana; STIĆ, Petra; RUSAK, Gordana. Effect of flooding and drought on the content of phenolics, sugars, photosynthetic pigments and vitamin C, and antioxidant potential of young Chinese cabbage. **European Food Research and Technology**, v. 247, p. 1913-1920, 2021. DOI: 10.1007/s00217-021-03759-1

SOARES, Guilherme Figueiras *et al.* Characterization of wheat genotypes for drought tolerance and water use efficiency. **Scientia Agricola**, v. 78, n. 5, e20190304, 2020. DOI: 10.1590/1678-992X-2019-0304

TAIZ, Lincoln *et al.* (org.). **Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal**. Tradução: Alexandra A. Matrobeti *et al.* 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017. 888 p.

THUNGO, Zamalotshwa *et al.* Genotype-by-environment effects on grain quality among heat and drought tolerant bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. **Journal of Plant Interactions**, v. 15, n. 1, p. 83-92, 2020. DOI: 10.1080/17429145.2020.1748732

UNITED NATIONS. **World population prospects 2022: summary of results**. New York: United Nations Department of Economic and Social Affairs, 2022. 52 p. Disponível em: [https://www.un.org/development/desa/pd/sites/www.un.org/development/desa/pd/files/wpp2022\\_summary\\_of\\_results.pdf](https://www.un.org/development/desa/pd/sites/www.un.org/development/desa/pd/files/wpp2022_summary_of_results.pdf). Acesso em 30 jan. 2023.

VINOCUR, Basia; ALTMAN, Arie. Recent advances in engineering plant tolerance to abiotic stress: achievements and limitations. **Current Opinion in Biotechnology**, v. 16, n. 2, p. 123-132, 2005. DOI: 10.1016/j.copbio.2005.02.001

WICKHAM, Hadley. *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. 2 ed. New York: Springer International Publishing, 2016. 260 p. ISBN 978-3-319-24277-4, <https://ggplot2.tidyverse.org>.

WÜRSCHUM, Tobias *et al.* A modern Green Revolution gene for reduced height in wheat. **The Plant Journal**, v. 92, n. 5, p. 892-903, 2017. DOI: 10.1111/tpj.13726

ZADOKS, Jan C. *et al.* A decimal code for the growth stages of cereals. **Weed Research**, v. 14, n. 6, p. 415-421, 1974.

ZETOUNI, L. *et al.* Direct multitrait selection realizes the highest genetic response for ratio traits. **Journal of Animal Science**, v. 95, n. 5, p. 1921-1925, 2017. DOI: 10.2527/jas.2016.1324

ZHANG, Y. *et al.* Nucleoredoxin gene *TaNRX1* positively regulates drought tolerance in transgenic wheat (*Triticum aestivum* L.). **Frontiers in Plant Science**, v. 12, n. 11, p. 1-19, nov. 2021. DOI: 10.3389/fpls.2021.756338

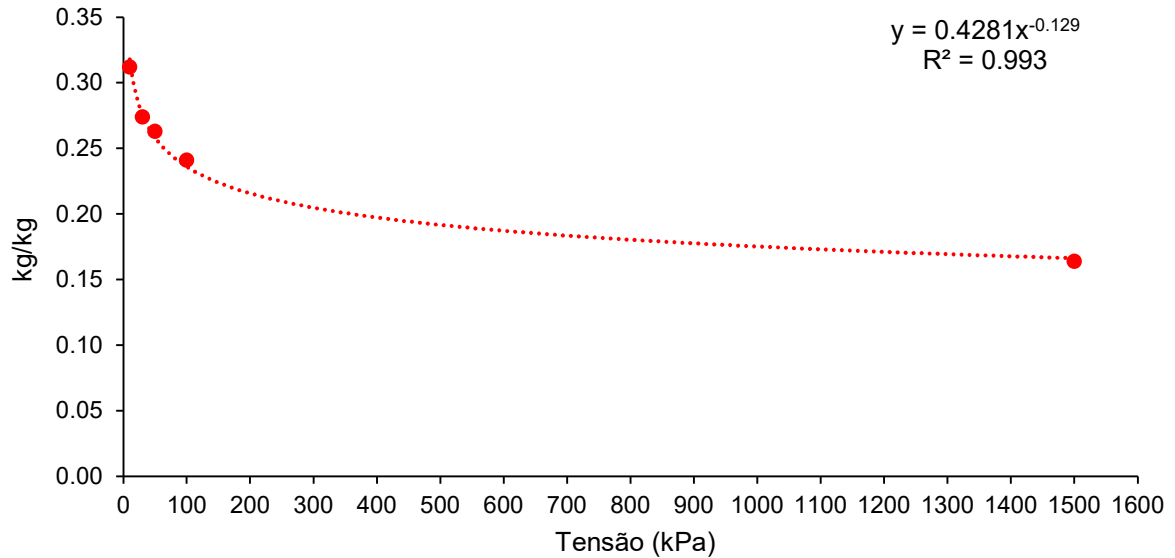
ZOHARY, D.; HOPF, M. **Domestication of plants in the Old World**. 3. ed. New York: Oxford University Press, 2000. 316 p.

ZRCKOVA, Monika *et al.* The effect of genotype, weather conditions and cropping system on antioxidant activity and content of selected antioxidant compounds in wheat with coloured grain. **Plant, Soil and Environment**, v. 64, n. 11, p. 530-538, 2018. DOI: 10.17221/430/2018-PSE

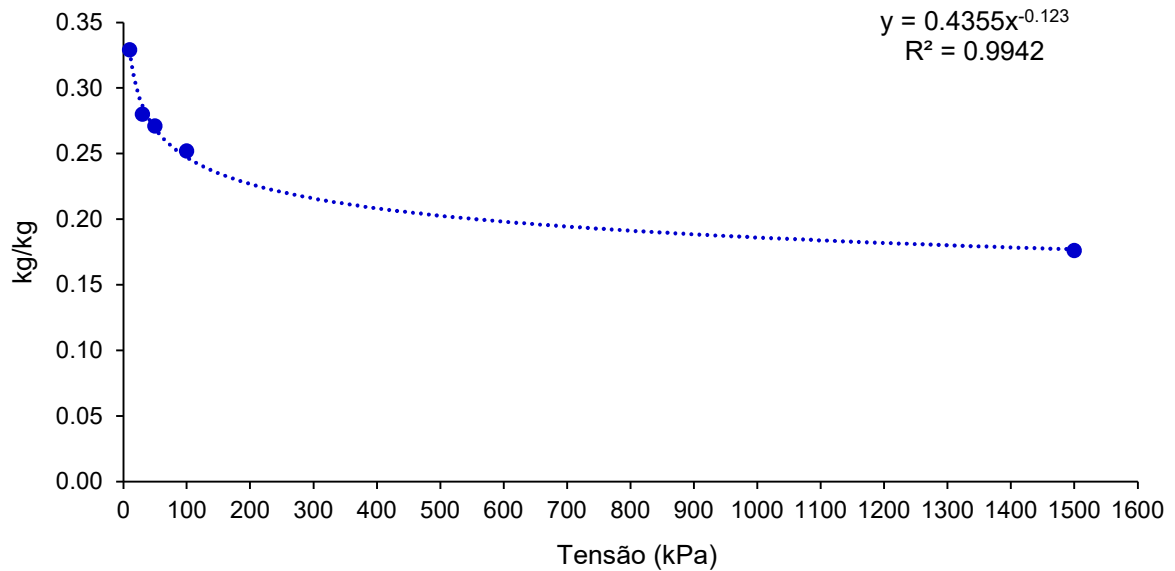
## APÊNDICE A – Curva de retenção de água no solo (CRA)

Curva de retenção de água elaborada de acordo com os resultados da análise física do solo, nas tensões -10, -30, -50, -100 e -1500 kPa para as profundidades 0-10 e 10-20 cm.

### Profundidade 0-10 cm



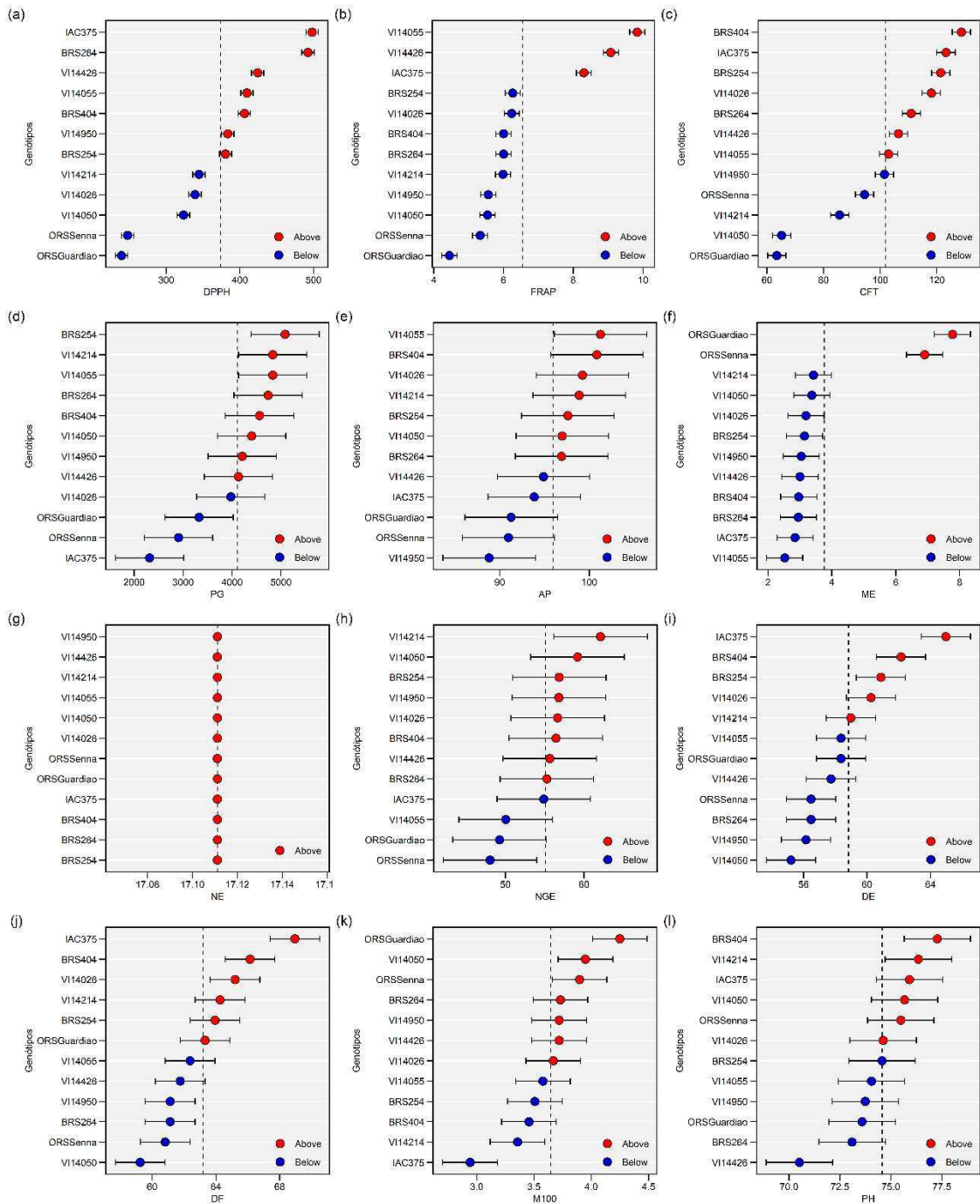
### Profundidade 10-20cm



Fonte: elaborado pela autora (2024).

## APÊNDICE B – BLUPg ambiente controle

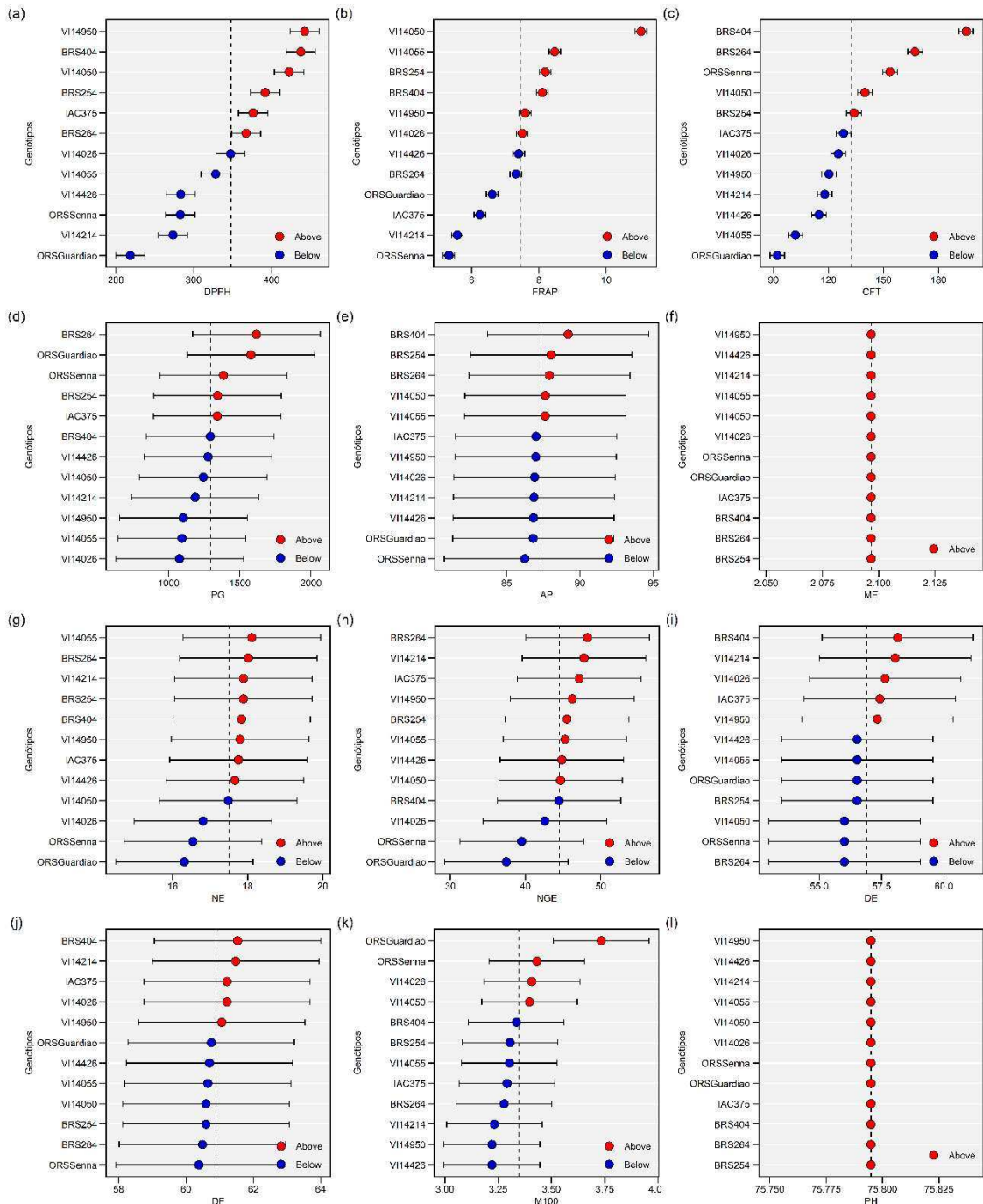
Resultados dos valores de BLUPg para os 12 genótipos avaliados em condições de irrigado (controle). a) 2-difenil-1-picrilhidrazil; b) poder antioxidante de redução férrica; c) concentração de componentes fenólicos totais; d) produtividade de grãos; e) altura de planta; f) massa de espiga; g) número de espiguetas por espigas; h) número de grãos por espiga; i) dias para espigamento; j) dias para florescimento; k) massa de cem grãos; l) peso do hectolitro.



Fonte: elaborada pela autora (2024).

## APÊNDICE C – BLUPg para o ambiente de estresse

Resultados dos valores de BLUPg para os 12 genótipos avaliados em condições de estresse. a) 2-difenil-1-picrilhidrazil; b) poder antioxidante de redução férrica; c) concentração de componentes fenólicos totais; d): produtividade de grãos; e) altura de planta; f) massa de espiga; g) número de espiguetas por espigas; h) número de grãos por espiga; i): dias para espigamento; j) dias para florescimento; k) massa de cem grãos; l) peso do hectolitro.



Fonte: elaborada pela autora (2024).