

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

MATHEUS PEREIRA RIBEIRO

**AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO PIPOCA PARA A TOLERÂNCIA À
SECA EM FASE DE GERMINAÇÃO DAS SEMENTES E CRESCIMENTO INICIAL
DE PLÂNTULAS**

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2021**

MATHEUS PEREIRA RIBEIRO

**AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO PIPOCA PARA A TOLERÂNCIA À
SECA EM FASE DE GERMINAÇÃO DAS SEMENTES E CRESCIMENTO INICIAL
DE PLÂNTULAS**

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: José Marcelo Soriano Viana

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2021**

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

T

R484a
2021
Ribeiro, Matheus Pereira, 1994-
Avaliação de linhagens de milho pipoca para tolerância à
seca em fase de germinação das sementes e crescimento inicial
das plântulas / Matheus Pereira Ribeiro. – Viçosa, MG, 2021.
1 dissertação eletrônica (83 f.): il. (algumas color.).

Inclui anexos.

Orientador: José Marcelo Soriano Viana.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 64-77.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2021.126>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Milho pipoca - Genética. 2. Stress (Fisiologia).
3. Tolerância - Índices. 4. Interação genótipo-ambiente.
5. Diversidade genética. 6. Análise de componentes principais.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia
Geral. Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento. II. Título.

CDD 22.ed. 635.6772

Bibliotecário(a) responsável: Alice Regina Pinto CRB6 2523

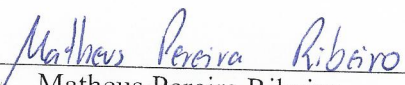
MATHEUS PEREIRA RIBEIRO

**AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO PIPOCA PARA A TOLERÂNCIA À
SECA EM FASE DE GERMINAÇÃO DAS SEMENTES E CRESCIMENTO INICIAL
DE PLÂNTULAS**


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: 27 de julho de 2021

Assentimento:



Matheus Pereira Ribeiro
Autor



José Marcelo Soriano Viana
Orientador

Aos meus pais José Antônio Ribeiro e Ana Aparecida
Pereira Ribeiro. À minha irmã Aline e à minha
namorada Ana Carolina.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, pela determinação e por direcionar os meus passos.

Aos meus pais José Antônio e Ana, pelo exemplo de honestidade, apoio, carinho, amor e por acreditar no meu potencial.

À minha irmã Aline, pelo apoio e amizade.

Aos meus tios e primos, pelo carinho e pelo apoio.

À minha namorada Ana Carolina, pelo amor, respeito, companheirismo e por me apoiar em todos os momentos dessa jornada.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pelo apoio financeiro.

Ao meu orientador, Professor José Marcelo Soriano Viana, por sua orientação, conselhos e por todas as contribuições para a minha formação profissional.

Aos amigos do Programa Milho, em especial ao Professor Rodrigo Oliveira de Lima e ao Alison Uberti, pela amizade, orientação e conselhos.

Aos amigos do Laboratório de sementes, em especial ao Professor Laércio Junio da Silva, Guilherme e Vander, pelos ensinamentos compartilhados e por todo o suporte oferecido para que esse trabalho fosse desenvolvido.

Aos amigos do Programa Milho-Pipoca, Aloísio, Camila, Carla, Hélcio, Jean, Leonardo Gotardi, Leonardo Risso, Nathália, Thiago e Vinícius, pela amizade e pela colaboração no desenvolvimento desse trabalho.

Aos técnicos e amigos Leonardo e Márcio, do campo de ensaio do Programa Milho-Pipoca, pelo suporte.

Às amigas Izabel, Maria Eduarda e Mylena pela ajuda na coleta dos dados.

Aos meus amigos com os quais convivi desde a graduação, pela amizade, por acreditarem em mim e sempre me apoiarem.

Enfim, a todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

Muito obrigado!

RESUMO

RIBEIRO, Matheus Pereira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2021. **Avaliação de linhagens de milho pipoca para a tolerância à seca em fase de germinação das sementes e crescimento inicial de plântulas.** Orientador: José Marcelo Soriano Viana.

A deficiência hídrica em uma planta pode ser observada quando a demanda por água é superior ao fornecimento. Em regiões tropicais, é comum a ocorrência de estresses abióticos, sendo a deficiência hídrica um dos mais importantes. Plantas que possuem maior capacidade de tolerar a seca tendem a se desenvolver melhor em ambientes onde a seca é uma condição limitante ao desenvolvimento. Assim, objetivou-se com este trabalho estudar a diversidade genética entre acessos de milho-pipoca, identificar genótipos para tolerância à seca e identificar as características que mais contribuíram para conferir tolerância à seca. Desse modo, foram avaliadas 28 linhagens provenientes das populações Viçosa e Beija-Flor pertencentes ao Programa Milho-Pipoca/UFV, testadas com uma testemunha tolerante (MG580PW) e uma suscetível (FS481PW) à seca, pertencentes à empresa LongPing High Tech. O experimento foi conduzido no Laboratório de Sementes do DAA/UFV, em DIC, no esquema fatorial 30x2, sendo o primeiro fator correspondente aos genótipos e o segundo correspondente aos ambientes: 0 e -0.3 MPa. A seca foi induzida em laboratório através de solução contendo PEG 6000. O comprimento de parte aérea (CPA) e comprimento da raiz principal (CRP) foram mensurados no software ImageJ; o comprimento total da raiz (CTR), comprimento total da raiz fina (CTRF) e volume total de raiz (VTR) foram mensurados no software WinRHIZO Pro 2013; a germinação (GER) foi obtida por contagem de plântulas normais seguindo a RAS; a massa fresca da parte aérea (MFPA) foi mensurada em balança analítica, e a relação raiz/parte aérea (RPA) foi mensurada utilizando a matéria seca da raiz e da parte aérea. A partir da análise dos dados foram construídos índices de tolerância à seca e de performance na seca e no controle, a partir do qual os genótipos foram classificados em tolerantes, suscetíveis e intermediários à seca com o auxílio do intervalo de confiança. As análises de GGE Biplot foram utilizadas para agrupar os genótipos nos ambientes estudados e para identificar o genótipo ideal para ambos os ambientes. As Análises de Componentes Principais (PCA) foram utilizadas para identificar as características que mais contribuíram para selecionar linhagens tolerantes à seca. A análise de diversidade foi utilizada para agrupar os genótipos. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e foi detectada variabilidade genética, distinção entre os ambientes e

interação significativa entre genótipos e ambientes. De acordo com a posição dos genótipos no intervalo de confiança, 15-1334, 20-2009, 20-2012, 20-2024, 20-2031, 20-2039, 20-2044, e 20-2048 foram classificadas como tolerantes à seca por ficarem posicionadas acima do limite superior. Do mesmo modo, 20-2005, 20-2006, 20-2011, 20-2014 e 20-2015 foram classificadas como suscetíveis à seca por ficarem posicionadas abaixo do limite inferior. Seguindo as análises de GGE Biplot, 20-2009 foi selecionada como o genótipo ideal para o desenvolvimento no controle e seca. Por fim, pela PCA pôde-se concluir que a seleção de linhagens de milho-pipoca para tolerância à seca em fase de germinação da semente e crescimento inicial da plântula pode ser baseada no CPA, CTR, MFPA e RPA em condição de deficiência hídrica induzida por PEG 6000.

Palavras-chave: Estresse abiótico. Índice de tolerância. PEG 6000. Diversidade genética. GGE Biplot. PCA.

ABSTRACT

RIBEIRO, Matheus Pereira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2021. **Evaluation of popcorn inbred lines for drought tolerance in seed germination and seedling stage.** Advisor: José Marcelo Soriano Viana.

Water deficit in a plant can be seen when the demand for water is greater than the supply. In tropical regions, the occurrence of abiotic stresses is common, with water deficit being one of the most important. Plants that have a greater capacity to tolerate drought tend to do better in environments where drought is a limiting condition for development. Thus, the objective of this work was to study the genetic diversity among popcorn accessions, identify genotypes for drought tolerance and identify the characteristics that most contributed to provide drought tolerance. Thus, 28 strains from Viçosa and Beija-Flor populations belonging to the Milho-Pipoca/UFV Program were evaluated, tested with a tolerant (MG580PW) and a drought-susceptible (FS481PW) control, belonging to the LongPing High Tech company. The experiment was conducted at the Seed Laboratory of DAA/UFV, in DIC, in a 30x2 factorial scheme, with the first factor corresponding to the genotypes and the second corresponding to the environments: 0 and -0.3 MPa. Drought was induced in the laboratory using a solution containing PEG 6000. The shoot length (CPA) and taproot length (CRP) were measured in ImageJ software; total root length (CTR), total fine root length (CTRF) and total root volume (VTR) were measured in WinRHIZO Pro 2013 software; germination (GER) was obtained by counting normal seedlings following RAS; shoot fresh mass (MFPA) was measured on an analytical balance, and the root/shoot ratio (RPA) was measured using root and shoot dry matter. From the data analysis, drought tolerance and drought performance and control indices were constructed, from which the genotypes were classified as tolerant, susceptible and intermediate to drought with the help of the confidence interval. The GGE Biplot analyzes were used to group the genotypes in the studied environments and to identify the ideal genotype for both environments. Principal Component Analysis (PCA) was used to identify the characteristics that most contributed to select drought tolerant lines. Diversity analysis was used to group the genotypes. The data obtained were subjected to analysis of variance and genetic variability, distinction between environments and significant interaction between genotypes and environments were detected. According to the position of the genotypes in the confidence interval, 15-1334, 20-2009, 20-2012, 20-2024, 20-2031, 20-2039, 20-2044, and 20-2048 were

classified as drought tolerant because they were positioned above the upper limit. Likewise, 20-2005, 20-2006, 20-2011, 20-2014 and 20-2015 were classified as susceptible to drought because they were placed below the lower limit. Following GGE Biplot analyses, 20-2009 was selected as the ideal genotype for development in control and drought. Finally, by PCA it could be concluded that the selection of popcorn lines for drought tolerance during seed germination and initial seedling growth can be based on CPA, CTR, MFPA and RPA under induced water deficit condition per PEG 6000.

Key words: Abiotic stress. Tolerance index. PEG 6000. Genetic diversity. GGE Biplot. PCA.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
2. OBJETIVOS	13
2.1. <i>OBJETIVO GERAL</i>	13
2.2. <i>OBJETIVOS ESPECÍFICOS</i>	13
3. REVISÃO DE LITERATURA	13
3.1. <i>TIPOS DE TOLERÂNCIA À SECA E SEUS MECANISMOS</i>	13
3.2. <i>DEFICIÊNCIA HÍDRICA E PERÍODO CRÍTICO NA CULTURA DO MILHO</i>	14
3.3. <i>CARACTERES ÚTEIS PARA A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS TOLERANTES À SECA</i>	15
3.4. <i>POLIETILENOGLICOL (PEG) 6000</i>	16
3.5. <i>POTENCIAL HÍDRICO</i>	17
3.6. <i>ANÁLISES DE COMPONENTES PRINCIPAIS E GGE BILOT</i>	18
3.7. <i>ÍNDICES DE TOLERÂNCIA E PERFORMANCE</i>	19
3.8. <i>CRIAÇÃO DE ESTRATÉGIA DE MELHORAMENTO</i>	19
4. MATERIAL E MÉTODOS	20
4.1. <i>MATERIAL VEGETAL</i>	20
4.2. <i>PROCEDIMENTOS EXPERIMENTAIS</i>	20
4.3. <i>AVALIAÇÃO DO TEOR DE ÁGUA NAS SEMENTES</i>	21
4.4. <i>IDENTIFICAÇÃO DA CONCENTRAÇÃO ÓTIMA DE PEG 6000</i>	21
4.5. <i>AVALIAÇÃO DO TEMPO DE EXPOSIÇÃO AO PEG 6000 PARA AVALIAR O DESENVOLVIMENTO INICIAL</i>	22
4.6. <i>ANÁLISES ESTATÍSTICAS</i>	25
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	30
5.1. <i>MULTICOLINEARIDADE</i>	30
5.2. <i>ANÁLISE DE VARIÂNCIA</i>	31
5.3. <i>DESEMPENHO DOS GENÓTIPOS</i>	32
5.4. <i>ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS (PCA)</i>	37

5.5.ÍNDICES DE TOLERÂNCIA E DE PERFORMANCE	44
5.6.REDE DE CORRELAÇÃO.....	48
5.7.DIVERSIDADE GENÉTICA	52
5.8.ANÁLISE GGE BILOT.....	56
6. CONCLUSÕES	62
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	64
8. TABELAS SUPLEMENTARES	78

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca, assim como o milho comum, pertence à espécie *Zea mays* L. O consumo é crescente e o mercado é bastante promissor, baseado no salto de produção, que saiu de 20.000 toneladas em 2002 (Carpentieri-Pípolo et al., 2002 e Arnholde et al., 2009) para aproximadamente 300 mil toneladas (Anuário Brasileiro do Milho, 2019). Há 12 anos o mercado brasileiro era conhecido internacionalmente como grande importador de milho-pipoca, tendo como principais fornecedores a Argentina e os Estados Unidos. Atualmente, o Brasil é o segundo maior produtor de milho-pipoca do mundo, com estimativa de produção superior a 270 mil de toneladas em 2020. Grande parte dos grãos, cerca de 220 mil toneladas, ficaram no país para abastecer o mercado interno, e o excedente foi exportado. Os principais campos produtores de milho-pipoca são encontrados em diversas áreas das regiões Centro-Oeste e Sul do território brasileiro, com o cultivo está concentrado na região oeste do estado do Mato Grosso, sendo a cidade de Campo Novo do Parecis a principal área produtora desse grão, respondendo por 75% da produção nacional (LSPA, 2020).

Grande parte do milho-pipoca consumido no Brasil provém de sementes importados dos Estados Unidos e Argentina (LSPA, 2016). Embora as empresas empacotadoras brasileiras já tenham desenvolvido híbridos de ótima qualidade, o mercado de sementes ainda é restrito. Uma estratégia para reduzir a importação de grãos e ampliar a produção de milho-pipoca é o desenvolvimento de materiais genéticos mais adaptados e mais produtivos, que apresentem qualidade comparável aos híbridos norte-americanos.

O déficit hídrico é o principal limitante da produção agrícola de sequeiro. A nível global, cerca de 50% da produtividade é perdida pela seca (Hasanuzzaman et al., 2019). No Brasil, a maioria das áreas cultivadas com milho não dispõe de irrigação. Mesmo nos anos em que há regularidade de chuvas durante o ciclo, normalmente há perdas na produção pela presença de veranicos em fases críticas da cultura, como plantio, florescimento e enchimento de grãos. Fatores abióticos, principalmente água, já fizeram com que o país deixasse de colher mais de 15 milhões de toneladas de grãos de milho entre 1996 e 2002 (Câmara et al., 2007).

A cultura do milho-pipoca exige no mínimo de 500 a 800 mm de água para que possa manifestar todo o seu potencial produtivo, dependendo das condições climáticas e de sanidade da lavoura. Durante as fases de floração e enchimento de grãos a planta consome em média seis milímetros de água diariamente (Sousa, 2012). A seca constitui o fator que confere maior instabilidade do rendimento de grãos de milho-pipoca em áreas tropicais e, as mudanças climáticas podem acentuar a frequência dos problemas relacionados ao déficit hídrico, pois o

mundo vem enfrentando períodos irregulares de chuvas e as previsões para o futuro indicam que as mudanças climáticas contribuirão para que o período de chuvas seja cada vez menos previsível e instável (Durães et al., 2004; Marengo, 2008; Carena et al., 2009; Araus et al., 2014). Assim, mesmo o rendimento de culturas de metabolismo C4, as quais demonstram maior potencial de rendimento, em situações de alta luminosidade e temperatura, e eficiência do uso da água, serão afetadas (Araus et al., 2014).

Desse modo, pode-se perceber que a região do cerrado brasileiro é essencial para suprir as demandas do mercado consumidor de milho-pipoca. A partir disso, pode-se considerar a ocorrência de eventos climáticos adversos nessa região como um risco à segurança e equilíbrio do mercado nacional. Diante disso, o ano de 2021 está sendo desafiador para os agricultores, visto que a presença de eventos extremos em todo território brasileiro, como seca histórica na região Centro-Sul e cheias recorde na região Norte está marcando o ano de 2021 como um ano de recordes históricos.

A ocorrência mais intensa e frequente desses eventos extremos está atrelada às mudanças climáticas, é o que dizem os cientistas que assinaram o Relatório de Mudanças Climáticas de 2021 (IPCC, 2021). De acordo com o relatório, o aumento da temperatura média do planeta, observada ao longo dos últimos anos, tem influência direta na ocorrência desses eventos extremos. Além disso, os cientistas também relatam que a temperatura média deve continuar a subir pelos próximos 30 anos, aumentando a ocorrência desses eventos. No mesmo sentido, pesquisadores estão estudando a influência da destruição dos biomas Amazônico e Cerrado na perda de arrecadação de produtores agrícolas devido a maior pressão de estresses abióticos como calor e seca (Flach et al., 2021; Leite-Filho et al., 2021), e na alteração do regime de chuvas (Gatti et al., 2021).

A fenotipagem, ou caracterização de recursos genéticos, é um componente essencial em projetos de melhoramento que visam ao desenvolvimento de genótipos superiores para condições de estresse abiótico. Os genótipos que demonstram maior adaptação associada com altos rendimentos podem constituir importante ferramenta de seleção. Portanto, uma característica que apresente boa eficiência de seleção para tolerância e rendimento deverá ter valor adaptativo, alta herdabilidade, ser de fácil mensuração e altamente correlacionada com rendimento de grãos (Durães et al., 2004).

Nesse contexto, o grande desafio dos programas de melhoramento de milho-pipoca é identificar e tornar disponíveis genótipos produtivos e com características favoráveis de tolerância aos estresses abióticos, especialmente ao estresse hídrico. Desta forma, será possível

dispor de ferramentas para ampliar as áreas de cultivo e reduzir os gastos com importação de sementes e grãos.

2. OBJETIVOS

2.1. OBJETIVO GERAL

Realizar a caracterização e avaliação da diversidade fenotípica de linhagens de milho-pipoca em relação aos caracteres relacionados à tolerância ao déficit hídrico.

2.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Classificar as linhagens-elite do Programa de Melhoramento de Milho-pipoca do DBG/UFV, quanto à tolerância à seca;
- Estudar a variabilidade genética de linhagens de milho-pipoca em relação a morfologia de raízes para a tolerância à seca;
- Identificar, dentre as características avaliadas, aquelas que foram mais relevantes para avaliar a tolerância à seca em fase de germinação de sementes e crescimento inicial de plântulas de milho-pipoca.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. TIPOS DE TOLERÂNCIA À SECA E SEUS MECANISMOS

Atualmente, já foram identificados três tipos de tolerância à seca e seus possíveis mecanismos que conferem a tolerância. O primeiro tipo de tolerância se refere ao escape à seca, que pode ser entendido como a habilidade das cultivares atingirem a maturidade fisiológica de forma precoce, antes de sofrerem o déficit hídrico. A precocidade constitui uma característica de alta herdabilidade e de fácil mensuração. No entanto, em situações em que a precipitação fica acima da média, o rendimento é limitado pela quantidade de radiação que a cultivar poderia capturar (normalmente é uma quantidade menor do que capturaria uma cultivar de ciclo normal). Os mecanismos neste caso são a precocidade do ciclo e a recuperação da condição normal de desenvolvimento da planta após superar o estresse causado pela falta de água (Taiz & Zeiger, 2002; Durães et al., 2004).

O segundo tipo de tolerância à seca é a tolerância em alto status hídrico na planta, isto é, habilidade das plantas tolerarem prolongados períodos secos, conseguindo manter um alto status hídrico na planta. Neste caso, os mecanismos envolvidos são a redução da perda de água

pela planta e a capacidade de manter a absorção de água através do sistema radicular (Durães et al., 2004).

O terceiro tipo de tolerância à seca consiste na tolerância em baixo status hídrico na planta, que se dá pela habilidade das plantas tolerarem concomitantemente longos períodos de déficit hídrico e baixos conteúdos de água no tecido. Os mecanismos envolvidos nesse caso consistem na manutenção do turgor celular e a tolerância à desidratação ou dessecação (Durães et al., 2004).

3.2. DEFICIÊNCIA HÍDRICA E PERÍODO CRÍTICO NA CULTURA DO MILHO

Deficiência hídrica pode ser entendida quando o conteúdo de água de determinado tecido ou célula é inferior ao conteúdo de água exibido no estado de maior hidratação deste corpo (Taiz & Zeiger, 2002). O efeito que o déficit hídrico causa no crescimento e o rendimento de determinada cultura é dependente não só da espécie e da variedade, mas também do momento, da duração e da intensidade do déficit hídrico. A falta de água na cultura do milho pode ocasionar danos em todas as suas fases de crescimento e desenvolvimento (Cruz et al., 2006). No entanto, independentemente da condição climática onde a cultura está implantada, a produtividade de grãos é função das condições climáticas nos períodos críticos da cultura. Pode-se dizer que os períodos críticos em relação ao status hídrico da planta para a cultura do milho encontram-se nas fases de germinação, florescimento e enchimento de grãos, em especial o período entre 15 dias antes e após o florescimento. Os estádios de germinação e crescimento inicial de plântulas são períodos de grande importância para a propagação das culturas em seu ambiente de crescimento (Biju et al., 2017). Estes estádios de desenvolvimento são apontados como críticos e susceptíveis a situações de deficiência hídrica.

Durante a germinação, a água possui papel indispensável, pois é capaz de reativar o metabolismo das sementes e está envolvida direta e indiretamente em todas as demais etapas do processo, ao passo que sob deficiência hídrica há redução da germinação, principalmente por diminuir as atividades de enzimas hidrolíticas envolvidas no processo, como α -amilase, β -amilase e α -glicosidase, relacionadas ao metabolismo de carboidratos (Marcos Filho, 2015; Akinwale et al., 2017; Biju et al., 2017; Abreu et al., 2018). A deficiência hídrica afeta também a formação da plântula, de tal modo que a escassez de água contribui para um extremo prejuízo para a emergência e o estabelecimento no campo (Avramova et al., 2016; Shi et al., 2016; Abreu et al., 2018), pois a água influencia o alongamento das células, a partir da entrada de água na estrutura celular devido ao afrouxamento da parede, ocasionado pela atuação hormonal da auxina e resultando no alongamento e crescimento celular (Taiz & Zeiger, 2013). A condição

de seca também exerce influência sobre o crescimento das plantas, comprometendo folhas e raízes, de tal modo que as plantas sob déficit hídrico restringem o desenvolvimento da área foliar - para reduzir a perda de água pela transpiração - e prioriza o desenvolvimento do sistema radicular, visando explorar maior porção do solo e acessar água disponível nas camadas mais inferiores do sistema solo (Khodarahmpour, 2011; Mir et al., 2012; Bianchi et al., 2016; Abreu et al., 2018; Magar et al., 2019).

3.3. CARACTERES ÚTEIS PARA A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS TOLERANTES À SECA

Tolerância à seca é uma característica complexa, pois há diferentes mecanismos adaptativos e respostas possíveis das plantas à falta de água. Os genótipos podem ser identificados através da análise tanto de características morfológicas quanto fisiológicas e, por isso, há uma gama de caracteres passíveis de serem utilizadas como critérios de seleção. O ideal é que se avalie um conjunto de parâmetros que podem ser mensurados em diferentes estádios da cultura em experimentos em casa de vegetação e também no campo (Guimarães et al., 2014).

Como evidenciado por Marcos Filho (2005) e reforçado por Kranner et al. (2010), a ocorrência de déficit hídrico durante a germinação, quando as sementes são mais vulneráveis ao estresse, resulta em perda efetiva de vigor ou viabilidade da semente, afetando a velocidade e uniformidade de germinação, comprometendo o estabelecimento da cultura e o desenvolvimento das plantas. Muitas reações de hidrólise e síntese de substâncias que requerem moléculas de água ocorrem durante a germinação. O efeito prejudicial do estresse hídrico no desenvolvimento das plantas é especialmente importante para culturas cultivadas como o milho (*Zea mays* L.), que representa um dos cereais mais produzidos no mundo e é uma importante fonte de segurança alimentar e nutricional para milhões de pessoas (Banziger et al., 2000).

As raízes são responsáveis pela absorção de água e nutrientes, desempenhando o papel fundamental para o desenvolvimento da planta (Lynch, 2013). Em ambientes com baixa disponibilidade hídrica, os primeiros órgãos da planta a serem afetados pelo estresse, são as raízes (Fenta et al., 2014). A detecção da redução no teor de água do solo ocorre pelo sistema radicular que “comunica”, enviando sinais químicos, à parte aérea, a fim de desencadear respostas adaptativas que irão induzir alterações fisiológicas em diferentes vias metabólicas (Rahnama et al., 2011).

Alterações morfoanatômicas do sistema radicular estão relacionadas com mecanismos de absorção eficiente de água. A identificação desses mecanismos é de suma importância para a seleção de genótipos tolerantes à seca (Zhu et al., 2010; Ge et al., 2011). Para o milho foi demonstrado que o maior comprimento radicular (Ali et al., 2016) e menor número de raiz

lateral (Zhan et al., 2015) levam a um aumento na tolerância à seca. Cultivares de milho estáveis e vigorosas, que produzem raízes mais profundas para alcançar a fonte de água, são consideradas candidatas à tolerância ao déficit hídrico (Shao, 2008). Além disso, Bourton et al. (2015) identificaram que o tamanho do córtex e a quantidade de aerênquima são características herdáveis e desejáveis para a construção de milho tolerante ao déficit hídrico.

A água é um elemento muito móvel no perfil do solo. Por isso, Zhan et al. (2015) denominam como “steep, cheap and deep - íngreme, barato e profundo (SCD)” uma característica arquitetônica, anatômica e fisiológica que favorece a exploração do solo. Segundo os autores, o indivíduo que possui a característica SCD apresenta baixa densidade de raízes laterais, resultando em menor competição entre raízes e favorecendo a exploração do solo e aceleração do crescimento das raízes axiais. Neste sentido, Gao e Lynch (2016) descreveram o sistema radicular de milho com as características SCD de forma que “barato” se refere com o custo metabólico da exploração do solo; “profundo”, referindo-se à capacidade de alcançar regiões mais profundas do solo; e “íngreme”, com relação ao ângulo de crescimento de crescimento da raiz próximo de 90° em relação ao solo.

A avaliação do desenvolvimento e alongamento do sistema radicular podem ser utilizados como resposta para caracterizar genótipos com desempenho favorável ao déficit hídrico (Lynch, 2007, 2013; Lynch et al., 2014; Lynch e Wojciechowski, 2015). Diversos autores relatam a relação entre a projeção de raízes para maiores profundidades com a capacidade das plantas em se manterem estáveis por mais tempo no ambiente com limitação de água (Vaughan et al., 2015; Gao e Lynch, 2016). A ação da deficiência hídrica sobre a parte aérea pode ocorrer por duas formas: a primeira ocorre via redução da emissão folhas novas e a segunda através da redução do alongamento foliar (Schigaki et al., 2004). As plantas em condição de baixa disponibilidade hídrica investem no crescimento radicular em detrimento do crescimento da parte aérea, em busca de aumentar o volume de solo explorado e obter maior disponibilidade de água. Consequentemente, a relação raiz/parte aérea aumenta, mas a massa de raiz muda pouco (Joslin et al., 2000). Isso garante o desenvolvimento da planta e reduz a taxa de mortalidade do sistema radicular (Hendrick et al., 1993).

3.4. POLIETILENOGLICOL (PEG) 6000

A simulação do déficit hídrico em laboratório é uma alternativa importante para se estudar o comportamento do sistema radicular, visto que a avaliação de raízes à níveis de campo é bastante melindrosa, uma vez que se faz necessário escavar todo o perfil do solo para ter acesso às raízes. Nesse sentido, para simular artificialmente a condição limitante de disponibilidade

hídrica, pode-se utilizar o polietilenoglicol para induzir a deficiência hídrica em laboratório (Dantas, et al., 2017; Flores, et al., 2017).

O polietilenoglicol (PEG) 6000 é um regulador osmótico quimicamente inerte composto por uma série de polímeros com peso molecular 6000 que tem sido amplamente utilizado para indução artificial de estresse hídrico, uma vez que dificulta a absorção de água pela semente através de macromoléculas presentes em sua composição (Larher et al., 1993), levando as plantas à condição de estresse por seca (Govindaraj et al., 2010). Além disso, diversos autores relataram benefícios de induzir a seca através da utilização do PEG, por gerar grande uniformidade na seca aplicada nos estágios iniciais, de germinação e crescimento de plântulas (Kauser et al., 2006; Khodarahmpour, 2011; Shamim et al., 2014).

3.5. POTENCIAL HÍDRICO

De toda água disponível no solo, cerca de 60 a 65% dela está disponível a uma força de -0,03 a -0,5 MPa. O restante da água disponível está contido entre -0,5 e -1,5 MPa, e é de difícil absorção pelas plantas (Bänziger, 2000). Em tensões entre -0,4 e -0,6 MPa, torna-se possível detectar significativamente a redução da germinação. Já em tensões superiores a -0,6 e -0,8 MPa, a germinação passa a torna-se comprometida (Rossetto, 1997).

No potencial osmótico de -1,0 MPa simulado por PEG 6000, a germinação de genótipos de arroz foi paralisada (Pirdashti et al., 2003). Em estudo realizado com soja, utilizando 7 potenciais hídricos induzidos por PEG 6000, foi relatado que no potencial de -0,6 MPa a germinação foi praticamente nula (Braccini et al., 2003). Em estudo realizado com tomate, a tensão ideal para estimar o desempenho das sementes foi de -0,4 MPa (Torres et al., 1998)

A germinação de híbridos de milho sob deficiência hídrica simulada por PEG 6000 com quatro potenciais variando de -0,3 a -1,2 MPa foi reduzida em até 52%. Além disso, quanto menor o potencial osmótico, menor o IVE e maior o tempo gasto para as sementes serem germinadas (Queiroz, 2010). Avaliando o crescimento radicular de linhagens de milho sob déficit hídrico induzido por PEG 8000, Trachsel (2010) definiu o potencial hídrico de -0,364 MPa como responsável pela indução de estresse leve.

Utilizando híbridos simples para avaliar a qualidade fisiológica de sementes de milho-pipoca em condição de estresse hídrico induzido por PEG, foi concluído que a redução do potencial hídrico influencia negativamente na germinação e no crescimento de plântulas. Além disso, a qualidade das sementes não exerceu influência sobre a tolerância ao déficit hídrico (Mortele, 2008). Utilizando cultivares de milho-pipoca e avaliando sob deficiência hídrica induzida por PEG 6000, foi verificado a redução da germinação e do comprimento da parte

aérea com a redução do potencial hídrico. Além disso, potenciais menores que $-0,4\text{MPa}$ resultaram em menor IVG (Vaz de Melo, et al., 2012).

3.6. ANÁLISES DE COMPONENTES PRINCIPAIS E GGE BILOT

Em um programa de melhoramento, os melhoristas utilizam um número muito grande de variáveis para caracterizar e avaliar o banco de germoplasma. Dessa forma, no intuito de eliminar a redundância nas variáveis em um conjunto de dados multidimensionais, pode ser utilizada a metodologia da Análise de Componentes Principais – Principal Component Analysis (PCA), proposta por Pearson (1901) é uma ferramenta estatística que simplifica um conjunto de dados (Jolliffe, 2002). A análise de componentes principais também é descrita como uma técnica de análise multivariada de dados (Cooley & Lohnes, 1971; Adams, 1995), como uma forma de reduzir os dados (Rao, 1964) e como uma forma de reduzir a dimensionalidade dos dados multivariados, preservando o máximo de informações relevantes possíveis (Jolliffe, 2002). Jolliffe (2002) ainda descreve a construção da PCA através de uma transformação linear que converte o conjunto de dados em um sistema de coordenadas, de modo que esse novo conjunto de variáveis - os componentes principais - sejam funções lineares das variáveis originais. Os componentes principais são mensurados a partir do cálculo da matriz de covariância para todo o conjunto de dados. Após isto, são calculados os autovalores e autovetores da matriz de covariância e em seguida são classificados de acordo com o autovalor decrescente.

Diversos autores utilizaram a Análise de Componentes Principais para classificar genótipos de feijão (Asfaw & Blair., 2014; Carvalho et al., 2019; Santos et al., 2020), milho (Li et al., 2015; 2018; Avramova et al., 2016) e espécies arbóreas tropicais (Poorter & Markesteijn, 2008) pra tolerância à seca e para identificar as principais características que mais contribuem para tolerância à seca nessas espécies. A PCA é uma ferramenta útil para identificar as características mais relevantes para tolerância à seca uma vez que ela permite visualizar os componentes principais que mais explicam a variância total dos genótipos e as características que mais contribuem para a composição dos componentes principais. Dessa forma, pode-se identificar as características que mais explicam a variância total dos genótipos (Adams, 1995; Jolliffe, 2002).

Nas análises seguindo o modelo GGE Biplot proposto por Yan et al. (2000), são agrupados o efeito aditivo do genótipo com o efeito multiplicativo da interação genótipos x ambientes, em que são submetidos às análises de componentes principais, onde as análises são baseadas em gráficos biplot e representam graficamente uma matriz de dados. Para isso, são

utilizadas as avaliações dos componentes principais, onde poucos componentes explicam a maior parte das informações. Quando se estuda mega ambientes na análise GGE biplot, a média do gráfico está relacionada à média do mega ambiente, mas não à média geral (Yan & Tinker, 2006). O efeito principal do genótipo mais o efeito do método biplot da interação genótipo por ambiente (GGE Biplot) integram a análise de ambientes com estratificação ambiental (Xu et al., 2014) para formar mega ambientes. As análises de GGE Biplot vêm sendo amplamente utilizadas para avaliar o desenvolvimento de genótipos em ambientes contrastantes no melhoramento de plantas (Akinwale et al., 2014). Estudos utilizando GGE Biplot foram realizados para avaliar culturas como arroz (Balestre et al., 2010) e milho-pipoca (Santos, 2020).

3.7. ÍNDICES DE TOLERÂNCIA E PERFORMANCE

Em estudos onde duas ou mais características são fortemente relevantes sobre o desempenho dos genótipos, a seleção dos materiais passa pela avaliação de cada característica em si, de forma que, por vezes, a seleção fica conturbada pela diferença de performance dos genótipos ao avaliarem cada característica. Dessa forma, ficou evidenciada a necessidade de se desenvolver um método de seleção que consistisse em apenas um valor a ser avaliado e que fosse seguro e confiável. A partir disso, Pan e colaboradores (2008), ao estudarem a eficiência na aquisição de fósforo por genótipos de soja em solos deficientes neste elemento, formularam um índice em que sua construção é baseada nos valores dos componentes principais que mais explicam a variação total e nos valores de desempenho dos genótipos. Este índice foi utilizado para avaliar genótipos de milho em ambientes contrastantes de fósforo (Bayuelo-Jiménez et al., 2011; Zhang et al., 2015).

Zhang e colaboradores (2015), a partir dos índices desenvolvidos por Pan et al. (2008), construíram dois índices: o primeiro foi utilizado para avaliar a capacidade dos genótipos em tolerar o ambiente com baixa disponibilidade de fósforo e o segundo foi utilizado para avaliar a performance de desenvolvimento dos genótipos também no ambiente de baixa disponibilidade de fósforo. Os autores concluíram que ambos os índices utilizados em conjunto se mostraram eficientes para a seleção dos genótipos de milho tolerantes e suscetíveis para ambientes contrastantes de fósforo.

3.8. CRIAÇÃO DE ESTRATÉGIA DE MELHORAMENTO

A aplicação de testes convencionais de melhoramento para tolerância à seca em diferentes locais se mostrou efetiva, porém, o uso de casas de vegetação onde o tempo e intensidade do

déficit são cuidadosamente administrados, combinados com a utilização de características secundárias, é geralmente mais eficiente e mais barato do que os testes em vários locais a campo (Araus et al., 2012). Além disso, para aproveitar todo o potencial das técnicas moleculares, a redução da variabilidade nos experimentos através da correta aplicação de estresse e caracterização do ambiente e utilização das ferramentas adequadas para fenotipagem é fundamental.

Para que a fenotipagem seja efetiva, é preciso muito além da escolha certa dos caracteres e da mensuração no momento adequado, envolve o controle das fontes de variação, por exemplo, o sistema de irrigação correto e o pessoal treinado. Implica em basicamente dois requisitos: o primeiro envolve a gestão do estresse e controle do meio e, o segundo, é a utilização de características realmente relevantes e medi-las utilizando os procedimentos corretos (Araus et al., 2012).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. MATERIAL VEGETAL

Foram utilizadas 28 linhagens de milho-pipoca provenientes de duas populações pertencentes ao banco de germoplasma do Programa de Melhoramento de Milho-Pipoca do Departamento de Biologia Geral (DBG) da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa/MG, sendo que essas 28 linhagens eram compostas por 15 linhagens da população Viçosa (15-1334, 19-3001, 20-2001, 20-2008, 20-2011, 20-2014, 20-2015, 20-2023, 20-2024, 20-2030, 20-2040, 20-2044, 20-2048, 20-2056 e 20-2064) e 13 linhagens da população Beija-flor (19-3021, 20-2003, 20-2004, 20-2005, 20-2006, 20-2009, 20-2010, 20-2012, 20-2017, 20-2021, 20-2031, 20-2035, 20-2039). As sementes de todas as linhagens foram produzidas pelos próprios integrantes do Programa de Melhoramento de Milho-Pipoca UFV. Essas linhagens foram testadas com duas testemunhas – uma tolerante (MG580PW) e uma suscetível (FS481PW) ao déficit hídrico – disponibilizadas pelo melhorista Gabriel Mundim, e pertencentes ao portfólio da empresa LongPing High-Tech.

4.2. PROCEDIMENTOS EXPERIMENTAIS

O estudo para caracterização de linhagens tolerantes à seca baseados na germinação e em características de raiz e parte aérea de plântulas recém germinadas, foi realizado no Laboratório de Sementes do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, seguindo a metodologia proposta por Michel e Kaufmann (1973) e reforçada por Villela (1991), na qual a

tolerância à seca é avaliada de forma precoce no ciclo de desenvolvimento da planta de milho-pipoca a partir da avaliação do teste de germinação das sementes e do teste de crescimento inicial das plântulas através da condição de seca induzida pelo regulador osmótico Polietilenoglicol 6000, utilizado na formulação da solução umidificadora dos papéis germitest em que serão dispostas as sementes que serão avaliadas nos testes descritos anteriormente.

4.3. AVALIAÇÃO DO TEOR DE ÁGUA NAS SEMENTES

Para avaliar a porcentagem de umidade das sementes foi utilizado o método da estufa, de acordo com a Regra de Análise de Sementes (RAS) (Brasil, 2009), onde foram utilizadas quatro repetições de 25 sementes de 10 linhagens escolhidas ao acaso, além do híbrido tolerante. Para a realização deste teste, foram utilizadas latas de alumínio onde as sementes foram pesadas e levadas à estufa de circulação forçada de ar por 24 horas à temperatura de 105 °C.

A mensuração da umidade foi realizada considerando as seguintes informações:

- Tara (T), dado pela massa da lata vazia;
- Peso inicial (PI), dado pela massa da lata + massa das 25 sementes úmidas;
- Peso final (PF), dado pela massa da lata + massa das 25 sementes secas.

A porcentagem de umidade foi então mensurada utilizando a seguinte fórmula:

$$\% \text{ umidade} = \frac{PI - PF}{PI - T} * 100$$

A partir da utilização da fórmula supracitada, a porcentagem de umidade das sementes foi mensurada e variou entre 9.36 e 12.13 %, com média de 11.31 %.

4.4. IDENTIFICAÇÃO DA CONCENTRAÇÃO ÓTIMA DE PEG 6000

O primeiro experimento piloto de germinação foi realizado a fim de identificar a concentração de PEG para ser utilizada nos testes de germinação e crescimento inicial que melhor discriminaria os genótipos. Para isso, foram utilizados cinco genótipos, sendo uma testemunha tolerante à seca e quatro linhagens de milho-pipoca selecionadas ao acaso, e quatro repetições de 50 sementes foram utilizadas para cada tratamento. As sementes foram dispostas em folhas triplas de papel germitest umedecidos na proporção de 2,5 vezes o peso do papel seco com soluções de PEG 6000 nos potenciais osmóticos de: 0 (controle, umedecido apenas com água destilada), -0,2 e -0,4 MPa. Para formular a solução de PEG 6000, foi utilizada a concentração de 151 gramas de PEG 6000 por litro de água destilada. Os rolos foram

acondicionados em BOD com a temperatura ajustada para 25 °C sem fotoperíodo, por um período de sete dias (Brasil, 2009).

As avaliações foram realizadas de acordo com a Regra para Análise de Sementes (RAS) para a determinação da porcentagem de sementes germinadas e de plântulas normais seguindo a primeira contagem de germinação, aos quatro dias, e a contagem final de germinação, aos setes dias. A concentração de PEG 6000 responsável pela melhor discriminação dos genótipos foi a concentração intermediária aos potenciais utilizados (-0,3 MPa), uma vez que o potencial -0,4 MPa foi muito severo e o potencial -0,2 MPa não discriminou bem todos os genótipos.

4.5. AVALIAÇÃO DO TEMPO DE EXPOSIÇÃO AO PEG 6000 PARA AVALIAR O DESENVOLVIMENTO INICIAL

O segundo experimento piloto foi realizado a fim de identificar a o tempo de exposição ao PEG 6000 a ser utilizado no desenvolvimento inicial das plântulas. Para isso, foram utilizados os mesmos cinco genótipos avaliados no primeiro experimento piloto, composto por uma testemunha tolerante à seca e quatro linhagens de milho-pipoca, compostos por quatro repetições de 20 sementes para cada tratamento. As sementes foram dispostas em folhas triplas de papel germitest umedecidos na proporção de 2,5 vezes o peso do papel seco com soluções de PEG 6000 nos potenciais osmóticos de: 0 MPa (controle, umedecido apenas com água destilada) e - 0,3 MPa, o qual foi definido no experimento piloto descrito no item (4.4). Os rolos foram acondicionados em BOD com a temperatura ajustada para 25 °C e fotoperíodo ajustado para 8 horas por dia, por um período que variou de cinco a sete dias de exposição ao PEG 6000.

Os genótipos foram avaliados em cada um dos dias para identificar qual o período de exposição ao déficit hídrico melhor discriminou os genótipos. No tempo de cinco dias, praticamente não existia parte aérea desenvolvida para a quase totalidade dos genótipos. Já para os prazos de seis e sete dias, a parte aérea estava mais desenvolvida que aos cinco dia e não houve diferença significativa para o desenvolvimento das plântulas entre os dois últimos dias. Sendo assim, definiu-se o período de seis dias para realizar a avaliação do desenvolvimento inicial das plântulas, por ser o menor tempo com a melhor discriminação entre os genótipos avaliados.

Teste I - Germinação

Para a avaliação da germinação sob déficit hídrico foram utilizadas quatro repetições de 50 sementes por tratamento, distribuídas em rolos de papel germitest, sendo que cada rolo representava uma repetição e foram umedecidos na proporção de 2,5 vezes o peso do papel seco

(Brasil, 2009) com a solução de PEG 6000 com potencial osmótico $-0,3$ MPa, selecionada anteriormente no item (4.4). No tratamento sem estresse, o papel germitest foi umedecido somente com água destilada. Os rolos foram acondicionados em BOD regulado a 25 °C sem fotoperíodo e mantidos nessas condições durante um período de sete dias (Brasil, 2009). O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado no esquema fatorial 30×2 , sendo que o primeiro fator consiste no número de genótipos avaliados e o segundo fator no número de ambientes avaliados - com e sem estresse.

A contagem de germinação ocorreu seguindo a descrição da Regra de Análise de Sementes, avaliando o número de plântulas normais em cada repetição. Na primeira contagem de germinação, realizada ao quarto dia, foram retiradas as plântulas normais e as demais plântulas e sementes ainda não germinadas foram mantidas até a segunda contagem, realizada no sétimo dia. De acordo com a RAS, plântulas de milho normais são aquelas que apresentam raiz primária saudável, pelo menos duas raízes seminais e parte aérea não fendilhada por mais de $1/3$ do comprimento a partir do ápice, não seja fortemente encurvada, e/ou plúmula com, pelo menos, metade do comprimento do coleóptilo.

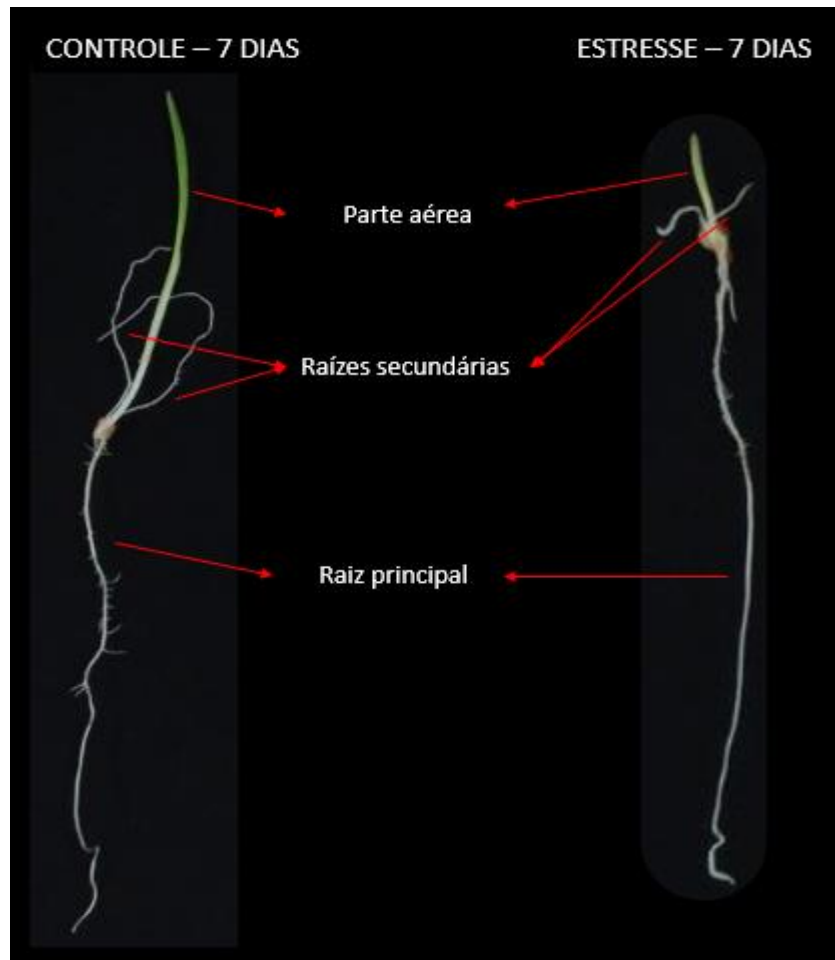


Figura 1: Plântulas normais em condição de controle e de seca no teste de germinação.

Teste II – Crescimento inicial

Para a avaliação do crescimento inicial (ABRATES, 2020) sob déficit hídrico foram utilizadas quatro repetições de 20 sementes por tratamento, distribuídas em rolos de papel germitest, sendo que cada rolo representava uma repetição e foram umedecidos na proporção de 2,5 vezes o peso do papel seco (Brasil, 2009) com a solução de PEG 6000 com potencial osmótico -0,3 MPa, selecionada anteriormente no item (4.4). No tratamento sem estresse, o papel germitest foi umedecido somente com água destilada. Os rolos foram acondicionados em BOD regulado a 25 °C e 8 horas de fotoperíodo por dia e mantidos nessas condições durante um período de sete dias (Brasil, 2009). O experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado no esquema fatorial 30 x 2, sendo que o primeiro fator consiste no número de genótipos avaliados e o segundo fator no número de ambientes avaliados - com e sem estresse.

Como definido no item (4.5), o tempo de crescimento das plântulas foi de seis dias contados a partir da montagem do experimento. Sendo assim, ao final dos seis dias, o experimento foi desmontado e iniciou-se a coleta de dados. Neste momento, foram coletadas as imagens de todas as plântulas contidas nos rolos de papel. As imagens obtidas foram avaliadas utilizando o software ImageJ para mensuração do comprimento da raiz principal e da parte aérea. A partir da obtenção das imagens, as raízes e parte aérea de cada plântula foram separadas para mensuração da biomassa fresca. Após esse momento, a parte aérea foi levada à estufa de circulação forçada de ar e mantidas por 72 horas a uma temperatura de 65 °C para aferição da biomassa seca da parte aérea.

As raízes por sua vez foram acondicionadas em solução de álcool 30 % para conservação e foram levadas ao laboratório para obtenção das imagens utilizando um scanner (EPSON Expression 11000XL) e analisadas através do software WinRHIZO Pro 2013, a fim de obter caracteres radiculares como: área superficial, comprimento e volume radicular, incluindo a distribuição desses caracteres em classes de diâmetro radicular. Ao final da coleta dos dados radiculares, as raízes foram levadas à estufa de circulação forçada de ar e mantidas por 72 horas a uma temperatura de 65 °C para aferição da biomassa seca da raiz.

Características avaliadas

Características	Descrição	Unidade
<i>Características avaliadas por meio do software. WinRHIZO Pro 2013</i>		
ASR	Área superficial da raiz	cm ²
CTR	Comprimento total da raiz	cm
CTRF	Comprimento total da raiz fina (< 0,5 mm de diâmetro)	cm
VTR	Volume total de raiz	cm ³
<i>Características avaliadas por meio das imagens das plântulas no software ImageJ</i>		
CPA	Comprimento da parte aérea - Distância entre a inserção da parte aérea na semente até o ápice da primeira folha	cm
CRP	Comprimento da raiz principal - Distância entre a inserção da raiz na semente até o ápice da raiz principal	cm
<i>Característica avaliada no Teste I</i>		
GER	Obtido pela porcentagem de plantas normais	%
<i>Características avaliadas por meio de uma balança analítica:</i>		
MFPA	Massa fresca da parte aérea	g
MFR	Massa fresca da raiz	g
MSPA	Massa seca da parte aérea	g
MSR	Massa seca da raiz	g
<i>Característica obtida através das massas secas citadas anteriormente</i>		
RPA	Relação entre a massa seca da raiz/massa seca da parte aérea	g/g

4.6. ANÁLISES ESTATÍSTICAS*Multicolinearidade*

Primeiramente, foram obtidos dados de 12 características avaliadas. Esses dados foram submetidos à análise de multicolinearidade no intuito de encontrar características que eram explicadas por outras características mais importantes que também foram avaliadas. Ao final deste teste, foram mantidas 8 características para ser avaliadas posteriormente (Tabela 1). A análise de multicolinearidade foi realizada para o ambiente controle e para o ambiente de déficit hídrico através do software R (R Core Team, 2009).

Valores de colinearidade maiores que 10 são considerados altos, como sugerido por James e colaboradores (2013). Os autores sugerem a retirada dos caracteres que apresentam valores de colinearidade altos e a realização de uma nova análise, até a estabilização dos valores. Contudo, neste estudo, a característica volume total de raiz (VTR), apresentou um valor de colinearidade superior a 40, mas foi mantida na análise por ser uma das principais características a serem avaliadas para caracterizar genótipos de milho tolerantes à seca.

Análise de variância

Os dados obtidos nos Experimentos I e II foram submetidos à análise de variâncias e as médias foram agrupadas através do teste de Skott & Knott, ao nível de 5% de probabilidade. As análises foram realizadas através do software R (R Core Team, 2009) seguindo o modelo aleatório:

$$Y_{ij} = m_i + G_i + A_j + GA_{ij} + e_{ijk}$$

Onde:

Y_{ij} é o valor da variável resposta referente à observação da linhagem i , no ambiente j ; m_i é a média geral; G_i é o efeito do genótipo i ; A_j é o efeito do ambiente j ; GA_{ij} é o efeito da interação entre os genótipos e os ambientes e e_{ijk} é o erro aleatório associado à observação Y_{ij} .

O resumo da análise de variância está demonstrado na Tabela 2 e o resultado do teste de Skott & Knott está demonstrado na Tabela 1.

Análise de Componentes Principais (PCA)

A Análise de Componentes Principais (PCA) é uma técnica estatística multivariada para simplificar e analisar a inter-relação entre um grande conjunto de variáveis (Jolliffe, 2002). O primeiro componente principal é o que mais contribui para a variação total na população, seguido pelos componentes subsequentes. Os critérios utilizados por Clifford e Stephenson (1975), sugeriram que os três primeiros componentes principais são frequentemente os mais importantes para refletir os padrões de variação entre os genótipos, e os caracteres associados a estes componentes são mais úteis na diferenciação dos genótipos.

Para a construção da PCA, foram utilizados os dados referentes aos valores padronizados das características avaliadas em cada um dos genótipos na condição de seca (-0,3 MPa) e de controle (0 MPa), além dos valores padronizados para a tolerância à seca dos genótipos, indicada pela relação entre os valores padronizados da média de cada característica avaliada na condição de seca dividido pelos valores padronizados na condição de controle. Desse modo,

foram então construídos três gráficos para as análises de componentes principais, sendo que os ambientes de disponibilidade e restrição hídrica foram considerados de forma isolada, assim como a relação de tolerância ao estresse por seca. As PCAs foram obtidas com o auxílio do software R (R Core Team, 2009).

Índices de tolerância

Primeiramente, antes da construção dos índices, foi realizada uma matriz de dados seguindo a relação entre a média do genótipo no ambiente de estresse, dividido pela média correspondente do genótipo no ambiente de controle. A final, a matriz obtida continha um único valor de cada genótipo para cada uma das características. Esses valores foram então padronizados pela seguinte fórmula:

$$Y = \frac{x - \mu}{\sigma}$$

Sendo que o valor padronizado Y é função da média original de cada genótipo (x), da média geral de cada característica (μ) e do desvio padrão de cada característica (σ). A padronização dos dados foi realizada para garantir que os valores estivessem com a dimensão de tamanho parecida, evitando características com valores muito extremos.

A partir disso, foram elaborados três índices para avaliar o comportamento das linhagens nos ambientes de controle e de déficit hídrico, seguindo a proposta de Zhang et al. (2015), que trabalharam com níveis de fósforo. O primeiro índice, denominado Índice de Tolerância à Seca - Drought Tolerance Index (DTI) – foi desenvolvido a partir dos dados padronizados da matriz que considerou a relação do desempenho das linhagens entre o ambiente de estresse e de controle, como descrito anteriormente. O segundo índice, denominado Índice de Performance na Seca - Drought Performance Index (DPI) – foi desenvolvido a partir dos dados padronizados da matriz de desempenho das linhagens somente no ambiente de estresse. O terceiro índice, denominado Índice de Performance no Controle - Control Performance Index (CPI) – foi desenvolvido a partir dos dados padronizados da matriz de desempenho das linhagens somente no ambiente de controle.

Seguindo a metodologia de avaliação de genótipos tolerantes à ambientes de baixo fósforo proposta por Zhang et al. (2015), baseado no valor relativo das características, é necessário selecionar os componentes principais com autovalores maiores ou iguais à 1 (Tabela 8). Os valores dos índices DTI, DPI e CPI foram obtidos pelas seguintes fórmulas (Tabela 8):

$$DTI = \sum_{i=1}^n PCi * CRi \quad , \quad DPI = \sum_{i=1}^n PCi * CRi \quad e \quad CPI = \sum_{i=1}^n PCi * CRi$$

Onde n é o número de componentes principais selecionados anteriormente, PCi é o valor que o componente principal i representa em cada genótipo e CRi proporção da variação em i explicada pelo componente principal.

Intervalo de confiança

Para auxiliar na seleção das linhagens classificando-as como intermediárias, tolerantes e suscetíveis à seca dentro de cada população, foi realizado, com o auxílio do software R, um intervalo de confiança de 95% utilizando o teste t, para os três índices descritos anteriormente, adotando a seguinte fórmula (Tabela 8):

$$IC(\mu) = \bar{x} \pm t_{(\alpha,gl)} \sqrt{\frac{\hat{\sigma}^2}{n}}$$

Onde \bar{x} é a média dos genótipos, $\hat{\sigma}^2$ é a variância amostral e n é o número de genótipos de cada população. O valor de t foi obtido por meio do software R. Linhagens com médias maiores que o limite superior do intervalo de confiança foram classificadas como características positivas para tolerância à seca, aqueles com médias abaixo do limite inferior do intervalo de confiança foram classificadas como suscetíveis à seca, e aquelas que apresentaram médias entre os limites inferior e superior do intervalo de confiança foram classificadas como intermediárias, seguindo Mundim et al. (2014), que classificaram linhagens de milho-pipoca para eficiência no uso de nitrogênio e fósforo.

Rede de correlação

Foi realizada uma rede de correlação tanto para o ambiente controle quanto para o ambiente de estresse entre as características estudadas. Para isso, primeiramente foram realizados os cálculos da correlação de Pearson, seguindo a fórmula da correlação:

$$Correlação = \frac{Cov(X, Y)}{\sqrt{\hat{V}(X) * \hat{V}(Y)}}$$

A matriz de correlação foi gerada com o auxílio do software GENES (Cruz, 2003). Os valores de correlação foram utilizados para formar a rede de correlação através do software R (R Core Team, 2009). As características avaliadas nesse trabalho foram divididas em quatro grupos: o primeiro grupo foi formado pelas características referentes à parte aérea. O segundo

grupo foi formado pelas características referentes à raiz. O terceiro e o quarto grupo foram formados por apenas uma característica cada, sendo formados pela germinação e pela relação raiz/parte aérea, respectivamente. A espessura das linhas representa o valor da correlação, sendo que correlações ≥ 0.6 apresentaram espessuras proporcionais aos valores e correlações < 0.6 apresentaram a espessura mínima da linha para visualizar o gráfico mais facilmente.

Diversidade genética

Para a construção do dendrograma, primeiramente foi realizada a matriz de distâncias euclidianas entre os grupos para a diversidade genética através das médias de cada característica representa na Tabela 1. Para determinar o número de grupos formados, foi utilizado o método de Mojena (1977), a partir do ponto de corte na altura de 1,30 do dendrograma. As distâncias entre os grupos de genótipos foram obtidas com o auxílio do software R (R Core Team, 2009). O dendrograma foi gerado a partir do site iTOL.

GGE Biplot

O efeito principal do genótipo mais o efeito do método biplot da interação genótipo por ambiente (GGE Biplot - Genotype plus Genotype by Environmental) integram a análise de ambientes com estratificação ambiental (Nai-Yin et al., 2014) para formar mega ambientes. Para a construção dos gráficos de GGE Biplot foi seguido o método proposto por Yan (2001). A análise de GGE Biplot só pode ser realizada para uma característica. Desta forma, foram utilizados apenas os valores do índice de performance sob seca (DPI) para compor os dados do ambiente A2 e índice de performance em condição controle (CPI) para compor os dados do ambiente A1. Com isso, foram formados gráficos do tipo Which-won-Where; Média vs Estabilidade e Ranking de Genótipos, obtidos com o auxílio do software R (R Core Team, 2009).

No gráfico Which-won-Where, pode-se identificar os genótipos com melhor desempenho em cada um dos ambientes de acordo com os índices de performance CPI e DPI. No gráfico Média vs Estabilidade, pode-se identificar os genótipos com maiores médias e maiores estabilidades. No gráfico Ranking de Genótipos, pode-se identificar o genótipo ideal considerando o desempenho dos genótipos nos dois ambientes.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. MULTICOLINEARIDADE

Tabela 1 - Dados da análise de multicolinearidade para os ambientes de controle e de estresse, apresentando as características (destacadas em letras vermelhas) que foram retiradas das análises.

CARACTERÍSTICAS INICIAIS											
AMBIENTE CONTROLE (0 MPA)											
ASR	CPA	CRP	CTR	CTRF	GER	MFPA	MFR	MSPA	MSR	RPA	VTR
13629.189	5.328	2.565	3202.918	13.440	4.986	27.973	37.718	83.967	177.181	48.387	4482.393
AMBIENTE CONTROLE (-0.3 MPA)											
ASR	CPA	CRP	CTR	CTRF	GER	MFPA	MFR	MSPA	MSR	RPA	VTR
4239.123	7.508	2.572	1190.385	14.734	4.312	43.820	46.890	112.712	182.07	40.280	1542.4778
CARACTERÍSTICAS MANTIDAS APÓS O TESTE DE MULTICOLINEARIDADE											
AMBIENTE CONTROLE (0 MPA)											
CPA	CRP	CTR	CTRF	GER	MFPA	RPA	VTR				
3.638	1.846	26.086	6.543	4.132	11.952	9.486	42.410				
AMBIENTE CONTROLE (-0.3 MPA)											
CPA	CRP	CTR	CTRF	GER	MFPA	RPA	VTR				
6.397	2.395	10.803	6.645	2.606	13.441	11.455	14.820				

As características que foram selecionadas e mantidas após o teste de multicolinearidade foram utilizadas para conduzir as demais análises desse estudo.

5.2. ANÁLISE DE VARIÂNCIA

De acordo com o resultado da análise de variância conjunta ficou demonstrada a existência de diferenças significativas entre os Genótipos, os Ambientes e à interação Genótipos x Ambientes para todas as características avaliadas, revelando que existe variabilidade genética entre os genótipos e distinção entre os ambientes, além do comportamento diferenciado dos genótipos nos ambientes (Tabela 2). Os coeficientes de variação (CV %) obtidos na ANOVA conjunta variaram entre 11.53 % para o comprimento da raiz principal (CRP) e 28.53 % para comprimento total de raiz fina (CTRF). Na ANOVA individual, no ambiente controle, os CVs variaram entre 12.07 % para CRP e 37.8 % para a germinação (GER). Já no ambiente estresse, os CVs variaram entre 13.30 % e 37.25 % também para CRP e GER, respectivamente, (Tabela 3). Esses valores estão de acordo com os valores relatados por outros trabalhos da literatura para avaliação de caracteres dessa natureza em condições de déficit hídrico (Kumar et al., 2012; Li et al., 2015; Khan et al., 2016).

Em estudo sobre a origem genética da tolerância ao estresse hídrico em genótipos de milho em estágio de plântula e em fase adulta conduzidos em vasos acondicionados em casa de vegetação, com deficiência hídrica induzida pelo fornecimento de água para suprir somente 50% da capacidade de campo dos vasos, Khan e colaboradores (2016) identificaram coeficientes de variação (CV) superior a 17% para o comprimento total de raízes e CV superior a 19% para o comprimento da parte aérea em ambiente de seca. Esses valores corroboram com os CVs obtidos neste estudo, onde foram observados valores superiores a 19% para o comprimento radicular e próximos a 25% para o comprimento da parte aérea. Também em condição de deficiência hídrica. Por outro lado, os autores observaram CV superior a 53% para matéria fresca da parte aérea, valor muito superior ao CV observado neste trabalho para a mesma característica, que foi pouco superior a 26%. De forma semelhante, os valores dos coeficientes de variação para o ambiente de disponibilidade hídrica observados por Khan et al. (2016) também seguem em linha com os CVs observados neste trabalho, de forma que os autores identificaram CV superior a 14% para o comprimento da parte aérea e superiores a 24% para a matéria fresca da parte aérea, que estão em concordância com os valores observados comprimento da parte aérea e matéria fresca da parte aérea, sendo superiores a 12 e 17%, respectivamente.

Dentre todas as características, o comprimento da raiz principal (CRP) e a germinação (GER) foram as únicas características que apresentaram coeficientes de variação muito parecidos nos dois ambientes, sendo que o CV para o comprimento da raiz principal foi de

12.07 e 13.3% para o ambiente de disponibilidade hídrica e de deficiência hídrica, respectivamente. Para o CV da germinação, os valores foram ainda mais próximos, 37.8 e 37.25 % para o ambiente de disponibilidade hídrica e de deficiência hídrica, respectivamente.

5.3. DESEMPENHO DOS GENÓTIPOS

A redução do potencial hídrico da solução ocasiona uma dificuldade na absorção de água no momento da embebição das sementes que, mesmo a redução do potencial hídrico não sendo capaz de limitar a germinação em potenciais hídricos menos severos, é suficiente para reduzir o vigor e a germinação dos genótipos uma vez que inibe a ativação do metabolismo que atua na germinação das sementes (Van der Moezel & Bell, 1987; Guimarães et al., 2008; Colman et al., 2014; Marcos Filho, 2015). A escolha do potencial hídrico utilizado nesse trabalho se aproxima dos potenciais utilizados por outros autores que estudaram genótipos de soja (Dantas, 2018) e de algodão (Freitas, 2020), que definiram o potencial de -0,2 MPa como o mais adequado para selecionar genótipos tolerantes à seca em fase de germinação. Trachsel (2010) definiu o potencial hídrico de -0,364 MPa como responsável pela indução de estresse leve ao avaliar o crescimento radicular em linhagens de milho.

A redução na porcentagem de germinação das linhagens que apresentaram piores desempenhos foi superior a 30%, atingindo valores superiores a 50% quando comparadas as médias de germinação nos ambientes de estresse e controle (Tabela 3, suplementar). Esses valores estão de acordo com os valores identificados por Paiva e colaboradores (2018) estudaram o efeito do potencial osmótico de -0,4 MPa induzido por PEG 6000 em nove cultivares de feijão. Os autores utilizaram a metodologia proposta por Villela (1991) e obtiveram reduções entre 30 e 40% na germinação das cultivares classificadas como suscetíveis à deficiência hídrica. Já Mortele et al. (2008) ao estudarem o efeito do déficit hídrico induzido por PEG 6000 na germinação de híbridos de milho-pipoca, identificaram redução de 27.29% na média da germinação dos híbridos no potencial hídrico de -0,3 MPa.

Além da germinação, é possível identificar a influência negativa da deficiência hídrica sobre o desenvolvimento de todas as partes da plântula quando consideradas as médias dos desempenhos no ambiente de estresse com relação as médias dos desempenhos no ambiente de controle (Tabela 3). A água exerce papel fundamental na divisão celular, especialmente na fase de alongamento das células, a partir da entrada de água na estrutura celular devido ao afrouxamento da parede, ocasionado pela atuação hormonal da auxina e resultando no alongamento e crescimento celular (Taiz & Zeiger, 2013).

Todos os caracteres avaliados, sofreram redução no desempenho quando comparadas as médias dos caracteres no ambiente de estresse com relação ao ambiente controle, exceto para a relação raiz/parte aérea (RPA) que aumentou consideravelmente a média no ambiente de estresse com relação ao ambiente controle, assim como descrito por diversos autores (Khodarahmpour, 2011; Bianchi et al., 2016; Abreu et al., 2018; Magar et al., 2019). Fato este que era esperado que acontecesse, uma vez que em condição de estresse, as plantas intensificam o investimento no desenvolvimento do sistema radicular em detrimento do investimento no desenvolvimento da parte aérea, no intuito de explorar uma maior porção do solo e ampliar a capacidade de absorção de água (Wright et al., 1999).

Como consequência do baixo investimento das plantas no desenvolvimento da parte aérea, esperava-se que as maiores reduções ocorressem entre as médias dos dois ambientes sobre as características avaliadas da parte aérea. Assim como o esperado, os resultados revelaram que as reduções mais drásticas ocorreram no Comprimento da Parte Aérea (CPA) e na Matéria Fresca da Parte Aérea (MFPA), com 77.69 % e 81.91 % de redução, respectivamente, sobre a média do desempenho no ambiente de estresse com relação à média do desempenho no ambiente controle (Tabela 3). A severa redução no desenvolvimento da parte aérea também foi identificada por Magar et al. (2019), que identificou redução de até 97% no comprimento da parte aérea de nove linhagens de milho avaliadas em potencial osmótico de -1,0 MPa induzido por PEG 6000. Assim como Khodarahmpour (2011) que induziu o potencial osmótico de -0,3 MPa utilizando PEG 6000 e obteve redução de 63.5 % no comprimento da parte aérea de híbridos de milho. É importante ressaltar que matéria fresca da parte aérea foi relatada por Akinwale e colaboradores (2017) como uma característica confiável para selecionar genótipos de milho tolerantes à seca em fase de plântula.

Assim como as características relacionadas à parte aérea, as características CRP, CTR, CTRF e VTR, relacionadas ao sistema radicular, também apresentaram médias com redução significativa no ambiente de estresse, apesar de não apresentarem reduções tão severas como as ocorridas nas médias da parte aérea (Tabela 3). Contudo, diversos autores relatam que o intenso desenvolvimento do sistema radicular em ambiente de escassez hídrica está estreitamente relacionado com a capacidade da planta em tolerar esse ambiente (Yu et al., 2008, 2013; Comas et al., 2013).

Dessa forma, é possível ressaltar a linhagem 20-2012 que, apesar de apresentar médias baixas para todas as características avaliadas, mesmo na condição de controle, apresentou média superior para as características CTR e CTRF na condição de estresse em relação à média na

condição controle (Tabela 1, suplementar). Além disso, para as outras características radiculares CRP e VTR, apresentou pequena redução nas médias, sendo 10.64 e 18.61 %, respectivamente (Tabela 3, suplementar). Por outro lado, pode-se destacar a linhagem 20-2024, que também apresentou pequena redução na média das características radiculares no ambiente de estresse, mas, por sua vez, apresentou médias mais elevadas que a linhagem 20-2012. O comportamento das linhagens 20-2012 e 20-2024 se aproximou ao comportamento do híbrido MG580PW, a testemunha tolerante à seca, quando considerada a relação das médias no ambiente de estresse e ambiente controle. Por fim, pode-se destacar o comportamento da linhagem 20-2009 que apresentou o médias semelhantes às médias do híbrido tolerante à seca MG580PW no ambiente de estresse, exceto para o CPA e CTRF, onde a média do híbrido foi estatisticamente menor que a média da linhagem e para a RPA e VTR, onde a média do híbrido foi superior à média da linhagem 20-2009 (Tabela 2, suplementar).

De forma distinta, destacam-se duas linhagens: 20-2005 e 20-2015, que apresentaram baixo rendimento nas médias de todas as características radiculares no ambiente de estresse (Tabela 1, suplementar), além de apresentarem alta redução, superior a 30 %, no desempenho das médias sob seca em relação ao ambiente controle (Tabela 3, suplementar). O desempenho das linhagens 20-2005 e 20-2015 se aproximou ao comportamento do desempenho do híbrido FS481PW, testemunha suscetível à seca, quando considerada a relação entre as médias no ambiente de estresse e ambiente controle.

O resultado de redução das médias do comprimento radicular descritas anteriormente está em descompasso com as respostas obtidas por Khan e colaboradores (2004) ao identificarem acréscimo de 18 % na média do comprimento de raízes de plântulas milho sob deficiência hídrica. Ao passo que Khan et al. (2016) ao estudarem tolerância à seca em plântulas de milho, identificaram decréscimo médio de 15% no comprimento do sistema radicular. Em concordância com as respostas descritas nesse trabalho, alguns estudos consideraram o comprimento radicular uma característica confiável para descrever a tolerância à seca em plantas cultivadas (Ober et al, 2005; Gowda et al, 2011; Iqbal et al, 2011) e para plântulas de milho avaliadas em condição de campo (Avramova et al. 2016). Entretanto, é possível encontrar na literatura alguns autores que não identificaram relação entre o comprimento da raiz com a capacidade de tolerar a seca (Kashiwagi et al, 2006; Jongrunklang et al, 2012). Vadez (2014), no entanto, não discordou da eficácia de se utilizar o comprimento radicular como indicador de tolerância à seca, mas ressaltou que o papel das raízes pode estar mais ligado à capacidade de se adaptar à seca via aquisição e utilização da água do que propriamente ao comprimento do

sistema radicular. Por outro lado, Marschner (1988) relatam que genótipos de milho com comprimentos longos para rizes primárias, seminais, laterais e coronárias, além de apresentarem grande volume de raízes aliados ao elevado peso do sistema radicular, apresentam um bom potencial para alta eficiência na utilização de nutrientes e de água.

Tabela 2 - Resumo da análise de variância conjunta seguindo o modelo fatorial 30x2, sendo os genótipos como primeiro fator e ambientes como segundo fator.

Fatores	GL	QM							
		CPA	CRP	CTR	CTRF	GER	MFPA	RPA	VTR
Genótipos	29	4.4**	23.14**	467.5**	77.82**	2402.2**	0.0058**	0.394**	0.0153**
Ambientes	1	4211.4**	824.5**	13179.6**	2137.8**	9639.3**	3.5124**	38.172**	0.3027**
GxA	29	4.1**	8.53**	189.6**	24.61**	465.5**	0.0051**	0.181**	0.0035**
Resíduo	180	1.7	3.29	40.1	7.62	176.5	0.0006	0.050	0.00034
CV (%)		20.3	11.53	16.74	28.53	26.59	13.82	25.28	12.42

** significativo pelo teste F a 1% de probabilidade

Tabela 3 – Médias e amplitudes das características avaliadas no controle e no estresse, e porcentagem de diferença entre as médias nos ambientes.

Características	Controle (0 MPa)				Estresse (-0.3 MPa)				% de diferença entre médias
	Min	Média	Max	CV (%)	Min	Média	Max	CV (%)	
CPA (cm)	7.00	10.78	13.53	12.28	1.41	2.41	3.59	24.92	-77.69
CRP (cm)	11.94	17.59	20.95	12.07	10.35	13.88	17.26	13.30	-21.07
CTR (cm)	23.90	45.22	77.39	25.03	18.51	30.40	44.57	19.77	-32.78
CTRF (cm)	6.47	12.66	23.67	30.41	18.51	6.69	16.37	49.07	-47.15
GER (%)	16.75	56.30	99.50	37.80	13.75	43.63	86.25	37.25	-22.51
MFPA (g)	0.20	0.30	0.39	17.05	0.03	0.05	0.09	26.04	-81.91
RPA (g/g)	0.35	0.48	0.73	18.79	0.78	1.28	1.97	28.72	164.8
VTR (cm ³)	0.11	0.18	0.37	33.46	0.07	0.11	0.18	25.80	-38.40

5.4. ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS (PCA)

Os componentes principais são utilizados para condensar as variáveis originais em um conjunto menor de variáveis com uma pequena perda de informação (Hotelling, 1933). O número de componentes principais obtidos da matriz de correlação é igual ao número de variáveis avaliadas na análise. Entretanto, alguns dos componentes principais somados podem responder por valores superiores a 95% de toda a variância do conjunto de dados. Permitindo utilizar um menor número de variáveis, perdendo apenas uma parte das informações.

No presente trabalho, foram obtidos oito componentes principais tanto para a PCA construída para o ambiente de disponibilidade hídrica, para a PCA construída para o ambiente de restrição hídrica quanto para a PCA construída para os valores de tolerância à seca. Entretanto, os cinco primeiros componentes respondem por mais de 96.53% da variação total dos dados no ambiente de disponibilidade hídrica, 96.98% da variação total dos dados no ambiente de restrição hídrica e 97.11% da variação total dos dados referentes aos valores de tolerância à seca (Tabela 4), sendo que no ambiente controle, primeiro componente responde por 59.78% e o segundo componente responde por 21%, de tal forma que os dois componentes principais que compõem o gráfico PCA respondem por 80.78% de toda a variação (Figura 2). Do mesmo modo, para o ambiente controle, primeiro componente responde por 50% e o segundo componente responde por 31.1%, de tal forma que os dois componentes principais que compõem o gráfico PCA respondem por 81.1% de toda a variação (Figura 3). Além disso, para a análise realizada com base nos valores de tolerância à seca, o primeiro componente responde por 62.58% e o segundo componente responde por 16.2% de tal forma que os dois componentes principais que compõem o gráfico PCA respondem por 78.78% de toda a variação (Figura 4). Os resultados obtidos estão de acordo com a proposta relatada por Yang et al. (2009) em que, para realizar uma análise confiável dos resultados, é necessário que os dois primeiros componentes principais devem explicar pelo menos 60% de toda a variação dos dados.

Tabela 4 – Proporção da variância dos dados (%) explicada por cada um dos componentes principais.

	Proporção da Variância dos Componentes Principais (%)							
	1	2	3	4	5	6	7	8
CPV	59.78	21.0	7.67	4.93	3.15	2.65	0.66	0.17
DPV	50.0	31.07	6.76	5.11	4.04	1.89	0.78	0.33
DTV	62.58	16.2	9.57	4.79	3.97	1.87	0.83	0.22

A partir da análise PCA para a condição de disponibilidade hídrica, avaliação do primeiro componente (eixo horizontal) do gráfico bidimensional (Figura 2) é possível inferir que as características CPA, CRP, CTR, CTRF, GER, MFPA, RPA e VTR estão correlacionadas de forma positiva entre si, indicando que genótipos que apresentam altos valores para uma dessas características tendem a também apresentar altos valores para as demais características. Com relação ao segundo componente (eixo vertical), as características CTR, GER, RPA e VTR são correlacionadas positivamente entre si, assim como as características CPA, CRP, CTRF e MFPA. Além disso, é possível inferir que os genótipos que estão deslocados na direção do autovetor indicam que esses genótipos apresentam maiores valores para a característica representada pelo autovetor, ao passo que os genótipos que estão opostos ao autovetor apresentam piores valores para a característica representada pelo autovetor (Jolliffe, 2002). Desse modo, é possível assumir que o híbrido FS481PW, que foi projetada na direção dos autovetores é o genótipo que apresenta, de forma isolada, os maiores valores para as características representadas pelos autovetores. A linhagem 20-2056, por sua vez, apresenta, também de forma isolada, os menores valores para as características representadas pelos autovetores, uma vez que foi projetada na direção oposta aos autovetores.

Da mesma forma, avaliando a análise PCA para a condição de restrição hídrica, de acordo com o segundo componente (eixo vertical) do gráfico bidimensional (Figura 3) é possível inferir que é possível inferir que as características CPA, CRP, CTR, CTRF, GER, MFPA, RPA e VTR estão correlacionadas de forma positiva entre si. Para o primeiro componente (eixo horizontal), as características GER, RPA e VTR, estão correlacionadas de forma positiva entre si, do mesmo modo que ocorre para as características CPA, CRP, CTR, CTRF, e MFPA também estão correlacionadas positivamente entre si. A partir disso, para o ambiente de restrição hídrica é possível inferir que o híbrido MG580PW apresentou os melhores desempenhos por estar projetado em direção central à projeção dos autovetores. Da mesma forma, a linhagem 20-2009 foi projetada em direção aos autovetores que caracterizam o CPA, CRP, CTR, CTRF e MFPA, indicando maior desenvolvimento da linhagem no ambiente de restrição hídrica. De forma contrária, a linhagem 20-2056 foi projetada em direção oposta à projeção dos autovetores. Semelhante a isto, o híbrido FS481PW foi projetado de forma oposta à projeção dos autovetores que caracterizam o CPA, CRP, CTR, CTRF e MFPA, indicando menores valores para as características de performance de desenvolvimento sob déficit hídrico.

Pela análise PCA construída para os valores de tolerância à seca, a avaliação do primeiro componente (eixo horizontal) do gráfico bidimensional (Figura 4) permite inferir que as

características CPA, CRP, CTR, CTRF, GER, MFPA, e VTR estão correlacionadas de forma positiva entre si, indicando que genótipos que apresentam altos valores para uma dessas características tendem a também apresentar altos valores para as demais características. Além disso, é possível inferir que as características CPA, CRP e MFPA estão correlacionadas de forma negativa com a característica RPA, indicando que genótipos que apresentam maiores valores para as características CPA, CRP e MFPA tendem a apresentar menores valores para a característica RPA. Este fato era esperado que acontecesse, visto que quanto maiores os valores para as características relacionadas à parte aérea, menor será o valor para a relação entre raiz e parte aérea. Além disso, é possível concluir que os genótipos projetados na direção oposta aos vetores que expressam qualidade no desenvolvimento das plântulas, indicam que os genótipos são menos tolerantes à seca, e, por outro lado, os genótipos que estão projetados em direção aos autovetores indicam que são os genótipos mais tolerantes à seca.

De acordo com a análise da Tabela 5, onde as características destacadas com a cor verde indicam as características que contribuíram com mais de 50% para a resposta do primeiro e do segundo componente em cada um dos valores obtidos. Dessa forma, é possível avaliar a contribuição dos dois primeiros componentes principais na variação total da performance de cada característica avaliada no ambiente de disponibilidade hídrica (CPV), no ambiente de restrição hídrica (DPV) e na performance para tolerância à seca (DTV). Sendo assim, pode-se verificar que, para o ambiente de disponibilidade hídrica, o primeiro componente principal responde por mais de 50% da variação total das seguintes características: CPA, CTR, GER, MFPA e VTR, das quais, a característica que tem maior resposta da variância total explicada pelo primeiro componente é o CTR, com mais de 93% da variação total do CTR sendo explicada pelo primeiro componente. Além disso, nem o primeiro e nem o segundo componente respondem individualmente por mais de 50% da variação total para as seguintes características: CRP, CTRF e RPA.

Do mesmo modo, para o ambiente de restrição hídrica, pode-se verificar que todas as características apresentaram pelo menos um dos dois primeiros componentes respondendo por mais de 50% da variação total, sendo que o primeiro componente responde pela maior variação para as características: CPA, CRP, CTRF, MFPA e RPA, sendo que a característica que tem maior resposta da variância total explicada pelo primeiro componente foi o CPA, com mais de 87% da variação total do CPA sendo explicada pelo primeiro componente. As características que apresentaram maiores respostas pelo segundo componente foram: CTR, GER e VTR, das

quais a característica que mais contribuiu para o segundo componente foi CTR, com mais de 80% da variação total do CTR sendo explicada pelo segundo componente.

Por fim, pode-se destacar que, para os valores referentes à tolerância à seca, todas as características, exceto GER, apresentaram respostas superiores à 50% da variação total expressadas por pelo menos um dos dois primeiros componentes principais, sendo que o primeiro componente principal é responsável pela maior parte da variação para as características CPA, CRP, CTR, CTRF, MFPA e VTR, das quais, a característica que tem maior resposta da variância total explicada pelo primeiro componente foi a MFPA, com mais de 89% da variação total da MFPA sendo explicada pelo primeiro componente. Ao passo que a característica RPA apresentou resposta superior à 50% da variação total sendo explicada pelo segundo componente principal. Outros autores também identificaram o CTR como uma das características mais importantes para tolerância à seca em plântulas de milho (Li et al., 2015) e feijão (Carvalho et al., 2019) através da análise da PCA.

Tabela 5 – Contribuição dos dois primeiros componentes principais na variação total de cada característica avaliada na análise de componentes principais (PCA) para os valores de performance sob disponibilidade hídrica (CPV), sob deficiência hídrica (DPV) e para os valores de tolerância à seca (DTV) sobre cada característica avaliada.

Contribuição dos componentes principais para a variação total de cada característica						
	CPV		DPV		DTV	
	Comp 1	Comp 2	Comp 1	Comp 2	Comp 1	Comp 2
CPA	0.554	0.245	0.876	0.0006	0.829	0.031
CRP	0.287	0.333	0.643	0.0290	0.548	0.153
CTR	0.933	0.0018	0.127	0.804	0.802	0.121
CTRF	0.408	0.387	0.732	0.009	0.672	0.019
GER	0.644	0.188	0.0355	0.659	0.327	0.206
MFPA	0.693	0.0051	0.779	0.072	0.894	0.027
RPA	0.443	0.387	0.693	0.178	0.379	0.505
VTR	0.820	0.133	0.117	0.734	0.556	0.233

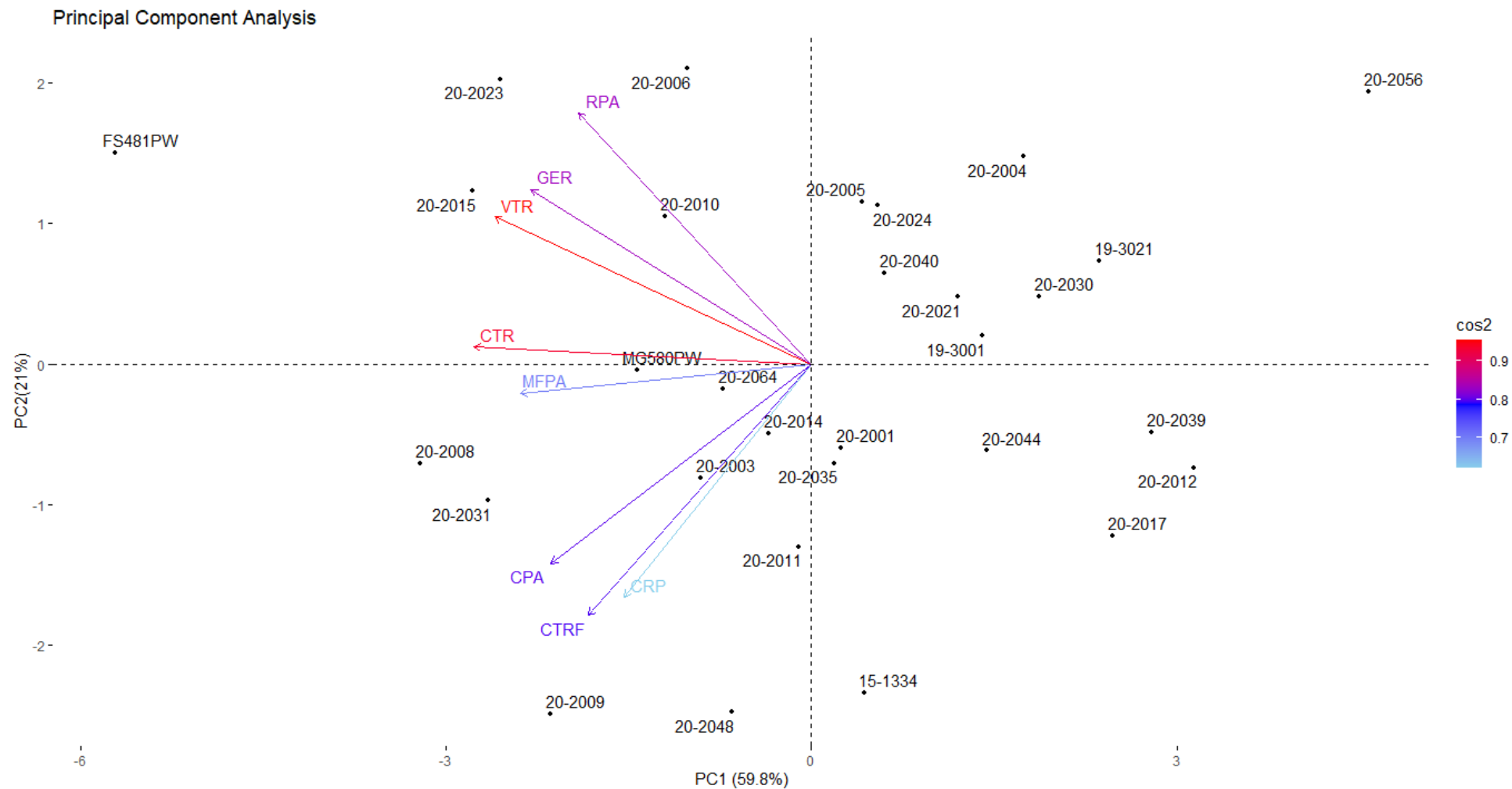


Figura 2 - Análise de Componentes Principais para a performance dos genótipos no ambiente de disponibilidade hídrica (0 MPa).

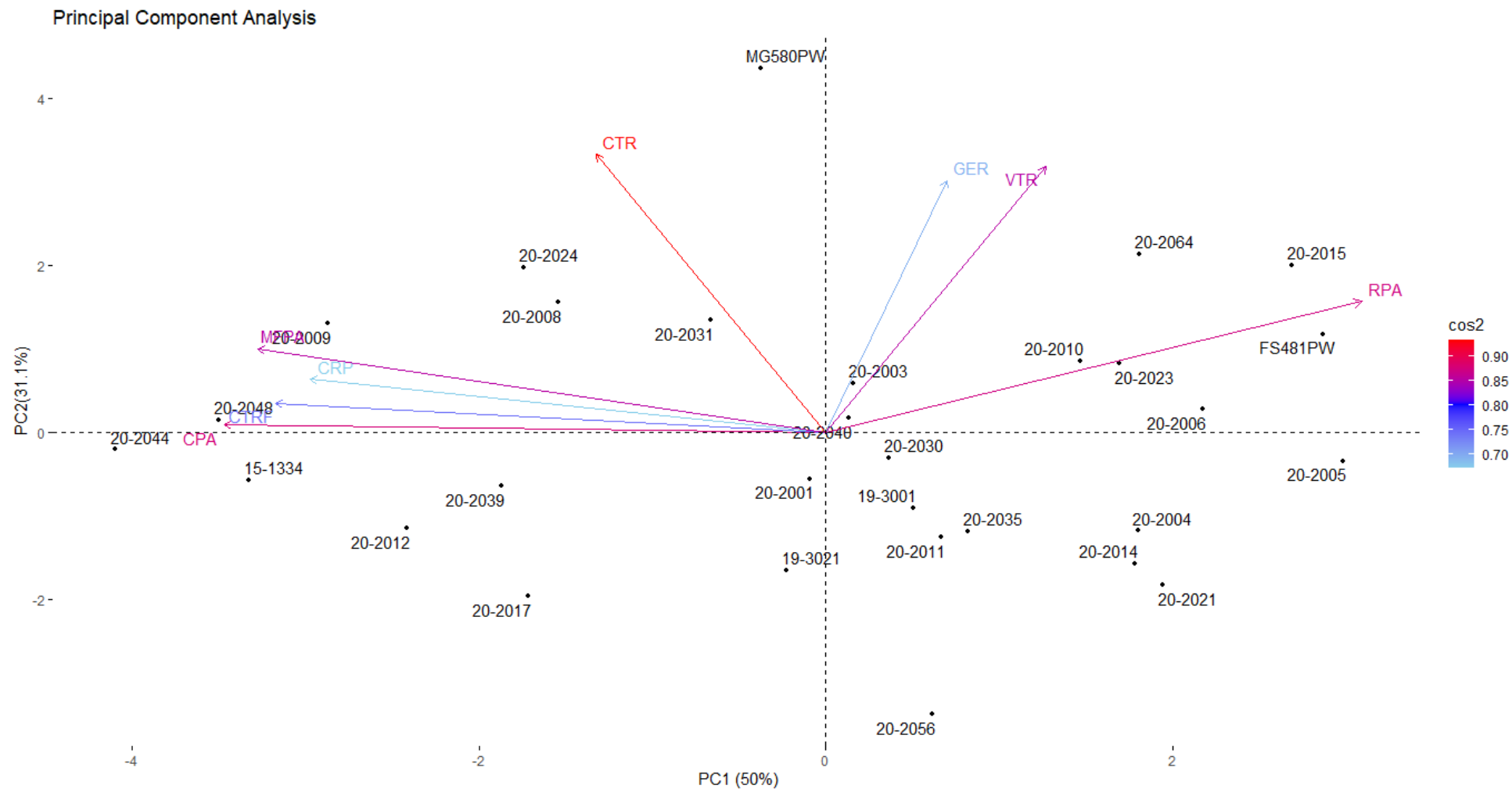


Figura 3 - Análise de Componentes Principais para a performance dos genótipos no ambiente de restrição hídrica (-0.3 MPa).

5.5. ÍNDICES DE TOLERÂNCIA E DE PERFORMANCE

No intuito de facilitar a classificação das linhagens quanto a tolerância à seca, foram elaborados dois índices seguindo a proposta de Pan et al. (2008), que estudaram a tolerância de linhagens de milho a ambientes de baixa disponibilidade de fósforo. Para isso, foram elaborados índices para de tolerância à seca (DTI), de performance sob disponibilidade hídrica (CPI) e de performance sob seca (DPI) para cada uma das populações. A partir das médias de cada índice é possível identificar que a População Viçosa apresentou média superior para os dois índices, o que pode sugerir que os indivíduos dessa população apresentam mais alelos favoráveis para a tolerância à seca e para o desenvolvimento das linhagens sob condição de seca em relação à média da População Beija-Flor (Tabela 6).

Para tornar mais eficiente a seleção das linhagens tolerantes e suscetíveis à seca, foi construído um intervalo de confiança para cada um dos dois índices dentro de cada população. Nesse sentido, foi seguida a proposta de Mundim e colaboradores (2014) que utilizaram um intervalo de confiança para classificar linhagens de milho-pipoca quanto a eficiência de uso de fósforo (Phosphorus Use Efficiency – PUE) em ambiente de baixo fósforo. Da mesma forma que os autores classificaram as médias das linhagens para PUE, neste estudo as linhagens foram classificadas para tolerância à seca (Tabela 6), sendo que as linhagens que apresentaram valores de DTI maiores que o limite superior do intervalo de confiança deste índice foram classificadas como tolerantes à seca, destacadas em cores verdes, ao passo que as linhagens que apresentaram valores de DTI menores que o limite inferior do intervalo de confiança deste índice foram classificadas como suscetíveis à seca, destacadas em cores vermelhas. Além disso, as linhagens que apresentaram valores de DTI entre o limite inferior e o limite superior do intervalo de confiança deste índice foram classificadas como intermediárias para tolerância à seca, destacadas em cores amarelas.

De forma semelhante à classificação que foi realizada para o índice DTI, fez-se a classificação para as linhagens com relação à performance no ambiente de seca através do índice DPI (Tabela 6). Sendo assim, as linhagens que apresentaram valores de DPI maiores que o limite superior do intervalo de confiança deste índice foram classificadas como alta performance sob seca, destacadas em cores verdes, ao passo que as linhagens que apresentaram valores de DPI menores que o limite inferior do intervalo de confiança deste índice foram classificadas como baixa performance sob seca, destacadas em cores vermelhas. Além disso, as linhagens que apresentaram valores de DPI entre o limite inferior e o limite superior do

intervalo de confiança deste índice foram classificadas como intermediárias para performance sob seca, destacadas em cores amarelas.

Tabela 6 – Valores de Índice de Tolerância ao Estresse (DTI), Índice de Performance em condição de Controle (CPI) e Índice de Performance sob Estresse (DPI) das linhagens, e Intervalos de Confiança (IC) referentes às Populações Viçosa e Beija-Flor.

População Viçosa				População Beija-Flor			
Genótipos	DTI	DPI	CPI	Genótipos	DTI	DPI	CPI
15-1334	1.323	1.511	0.237	19-3021	0.943	-0.406	-1.593
19-3001	-0.212	-0.543	-0.898	20-2003	-0.686	0.105	0.726
20-2001	-0.292	-0.129	-0.019	20-2004	-0.291	-1.287	-1.376
20-2008	-0.135	1.276	2.102	20-2005	-1.711	-1.625	-0.497
20-2011	-1.122	-0.737	0.341	20-2006	-1.254	-1.02	0.167
20-2014	-1.841	-1.402	0.321	20-2009	0.425	1.872	1.833
20-2015	-1.813	-0.733	1.428	20-2010	-1.143	-0.475	0.506
20-2023	-0.97	-0.601	1.118	20-2012	2.679	0.869	-1.754
20-2024	2.27	1.511	-0.574	20-2017	1.479	0.253	-1.242
20-2030	0.462	-0.284	-1.239	20-2021	-1.388	-1.562	-0.834
20-2040	0.284	-0.015	-0.502	20-2031	-0.523	0.761	1.819
20-2044	2.795	2.02	-0.743	20-2035	-0.834	-0.791	0.034
20-2048	0.969	1.825	0.927	20-2039	2.257	0.749	-1.594
20-2056	1.363	-1.375	-3.197	FS481PW	-1.087	-2.412	3.151
20-2064	-1.363	-0.245	0.477	MG580PW	1.566	0.741	0.876
FS481PW	-1.087	-2.412	3.151	Média (μ)	0.029	-0.28	0.015
MG580PW	1.566	0.741	0.876	Variância	2.029	1.388	2.193
Média (μ)	0.13	0.024	0.224	IC	$\mu \pm 0.789$	$\mu \pm 0.653$	$\mu \pm 0.82$
Variância	2.002	1.607	2.038				
IC	$\mu \pm 0.728$	$\mu \pm 0.652$	$\mu \pm 0.734$				

De acordo com o resultado do índice, pode-se inferir que o genótipo possui mais ou menos alelos favoráveis para tolerância ou performance sob déficit hídrico. Linhagens com desempenho positivo para o índice sugerem maior presença de alelos favoráveis para suportar a condição se seca, seja para tolerância ou para performance. De forma semelhante, linhagens com desempenho negativo sugerem menor presença de alelos favoráveis para suportar a

condição de seca. Além disso, é possível identificar que algumas linhagens possuem alelos favoráveis para tolerar a deficiência hídrica, mesmo não apresentando alta performance sob a limitação de água disponível no ambiente. Da mesma forma, outras linhagens apresentaram indicativos de alelos favoráveis para bom desenvolvimento em condição de seca, apesar de não apresentarem indicativos da presença de alelos favoráveis para tolerar a dessecação.

A partir da análise dos intervalos de confiança construídos para os índices de tolerância (DTI) e de performance (DPI) sob seca, e de performance no controle (CPI) (Tabela 6), é possível identificar desempenhos negativos e positivos para os genótipos em cada um dos índices. A partir destes valores, é possível concluir que valores negativos para DTI referem-se a genótipos que não possuem a capacidade de tolerar ambientes de seca, ao passo que, valores positivos para DTI representam genótipos capazes de tolerar a deficiência hídrica. No mesmo sentido, pode-se concluir que valores negativos para DPI são referentes à genótipos que apresentam baixa performance sob déficit hídrico, e, conseqüentemente, valores positivos para DPI são referentes à genótipos que apresentam boas performances em ambientes de seca. Desta forma, os valores negativos dos índices para a testemunha suscetível à seca, o híbrido FS481PW - menores que os limites inferiores dos intervalos de confiança - e os valores positivos dos índices para a testemunha tolerante à seca, o híbrido MG580PW – maiores que os limites superiores dos intervalos de confiança – comprovam a eficiência da utilização dos índices e a eficiência do intervalo de confiança construído para classificar os genótipos de forma mais assertiva. Do mesmo modo que foi descrito para o índice DPI, os valores para o índice CPI descrevem os genótipos com melhores rendimentos quando avaliados em condição de controle, onde foi observado o melhor desempenho do híbrido FS481PW, assim como era esperado.

Sendo assim, a primeira linhagem que pode ser destacada é a 15-1334, que apresentou valores de índices maiores que o limite superior do intervalo de confiança. Vale ressaltar que esta linhagem consiste na autofecundação da linhagem 05-402-1, classificada como eficiente no uso de nitrogênio em ambiente de alto e baixo nitrogênio por Mundim et al. (2013b). O acúmulo de alelos favoráveis para tolerância à estresses abióticos é de suma importância para ambientes de agricultura tropical, como o Brasil, onde corriqueiramente esses estresses aparecem de forma simultânea (Bänziger et al., 1997), além de interações complexas entre esses estresses, como a ocorrência de seca inibindo a absorção de nutrientes, como nitrogênio e fósforo (Weber et al., 2012), que são adquiridos via fluxo de massa. Nesse sentido, o Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) conduz diversos programas de melhoramento de populações de milho para tolerância à seca e ao estresse de baixo nitrogênio

(Edmeades et al. 1992; Beck et al. 1996; Bänziger & Lafitte 1997; Bänziger et al. 1997, 2000). Além disso, outros autores também estudaram os estresses de seca e de baixo nitrogênio associados (Machado et al. 2013; Weber, et al., 2012).

Além da linhagem 15-1334, dentro da População Viçosa foram classificadas como tolerantes à seca as linhagens: 20-2024, 20-2044 e 20-2048. Ao passo que, na População Beija-Flor, as linhagens classificadas como tolerantes foram: 20-2012 e 20-2039. Essas linhagens foram selecionadas por apresentarem valores para os índices de tolerância à seca (DTI) e para o índice de performance sob seca (DPI) maiores que os limites superiores dos intervalos de confiança construídos para cada índice. Da mesma forma, as linhagens classificadas como suscetíveis à seca dentro da População Viçosa foram: 20-2011, 20-2014 e 20-2015. Já dentro da População Beija-Flor foram: 20-2005, 20-2006 e 20-2021. Essas linhagens foram selecionadas por apresentarem valores de índices menores que os limites inferiores dos intervalos de confiança. As demais linhagens foram classificadas como intermediárias.

A linhagem 20-2009 da População Beija-Flor apresentou o maior valor para o índice de performance sob seca (DPI) dentre todos os genótipos avaliados nessa população, inclusive da testemunha tolerante à seca (MG580PW) que, apesar de ambos os genótipos apresentarem valores maiores que o limite superior do intervalo de confiança, a linhagem destacada resultou em valor de índice duas vezes e meia maior que o valor de índice da testemunha tolerante, indicando que a linhagem 20-2009 possui ótimo desempenho sob condição de deficiência hídrica. Esse resultado é corroborado pelas médias apresentadas em cada característica avaliada no ambiente de estresse por seca, podendo considerar o comportamento da linhagem 20-2009 como o melhor desempenho entre as linhagens da População Beija-Flor e como um dos melhores desempenhos entre os genótipos de todas as populações (Tabela 1, suplementar). Apesar do bom desempenho sob déficit hídrico, a linhagem 20-2009 não apresentou alto valor para o índice de tolerância à seca (DTI), visto que o valor de DTI da linhagem 20-2009 ficou entre o intervalo de confiança, fazendo com que este genótipo seja considerado intermediária para tolerância ao ambiente de seca (Tabela 8). A ocorrência da menor capacidade da linhagem 20-2009 em tolerar à seca quando comparada a outras linhagens, se deve à queda considerável de desempenho da linhagem 20-2009 quando comparados os rendimentos no ambiente de deficiência hídrica com os rendimentos no ambiente de disponibilidade hídrica normal, sugerindo que a linhagem 20-2009 possui mais alelos favoráveis para se desenvolver em condição de baixa disponibilidade hídrica (Tabela 3, suplementar).

De maneira oposta, destaca-se a linhagem 20-2056, da População Viçosa, que apresentou alto valor para o índice de tolerância à seca (DTI) e baixo valor para o índice de performance sob seca (DPI), o que sugere que este genótipo possui mais alelos que favorecem a tolerância e menos alelos que favorecem a performance sob seca (Tabela 6). Além disso, assim como ocorre com a linhagem 20-2012, a linhagem 20-2056 possui médias baixas para as características nos dois ambientes. Entretanto, a linhagem 20-2056 possui médias ainda menores que a linhagem 20-2012, se mostrando um genótipo com baixa fonte de alelos favoráveis para rendimentos agronômicos importantes para o desenvolvimento da planta. De forma análoga ao comportamento da linhagem 20-2056, a linhagem 19-3021, da População Beija-Flor, apresentou valor do índice de tolerância à seca (DTI) maior que o limite superior e valor intermediário para o índice de performance sob seca (DPI) (Tabela 6). Dentro da População Beija-Flor, duas linhagens apresentaram valores muito baixos para os índices de tolerância e de performance sob seca, sendo que esses valores foram menores que os limites inferiores dos intervalos de confiança construídos para os dois índices, indicando que as duas linhagens podem ser classificadas como suscetíveis à seca, são elas: 20-2006 e 20-2021.

5.6. REDE DE CORRELAÇÃO

As estimativas de correlação de Pearson entre os caracteres avaliados no ambiente de controle e de estresse estão dispostas na Tabela 7, onde as correlações acima da diagonal principal são referentes às correlações entre caracteres no ambiente controle e as correlações abaixo da diagonal principal são referentes às correlações entre caracteres no ambiente de deficiência hídrica. No ambiente de disponibilidade hídrica, o comprimento total de raiz (CTR) apresentou correlação forte – maior que 0,7 – para todos os caracteres, exceto para o comprimento da raiz principal (CRP). Os valores de correlação para CTR variaram entre 0.693 com CRP e 0.905 com volume total de raiz (VTR).

Para o ambiente de deficiência hídrica, foram observadas poucas correlações fortes quando comparado com o ambiente sem estresse. Entre elas, pode se destacar os caracteres CRP com CTR, que não haviam apresentado correlação forte no ambiente controle, e apresentaram correlação maior que 0.7 no ambiente de seca. Além disso, um ponto importante para ser destacado consiste que apenas duas características apresentaram três correlações fortes no ambiente de seca. Essas correlações maiores que 0.7 puderam ser observadas nos caracteres CPA e MFPA, sendo que as duas características avaliadas da parte aérea apresentaram correlações fortes com as mesmas características, CRP e CTRF. Outro ponto importante que foi observado é que apenas no ambiente de déficit hídrico foram observadas correlações

negativas, sendo que a característica RPA apresentou três correlações negativas com CPA, CTRF e MFPA. Esse decréscimo no valor e na magnitude das estimativas de correlação é originado pela ação do estresse, causado pela redução da disponibilidade hídrica para as plantas. Uma possível causa para se observar correlações de Pearson fracas é a provável expressão e o número de genes diferentes em cada ambiente. Outra possível causa para a origem das correlações fracas é natureza dos caracteres (Schuster, 2017).

Valores de correlações fenotípicas semelhantes aos obtidos neste estudo foram relatados por Khan e colaboradores (2016), onde, sob disponibilidade hídrica, os autores também observaram correlação fraca entre a germinação e o comprimento da parte aérea, relatando valor de correlação 0.502, semelhante ao valor de 0,551 obtido neste trabalho (Tabela 7). Além disso, outra correlação fraca observada por Khan et al. (2016) que está em concordância com este estudo é a correlação matéria fresca da parte aérea com germinação. Em relação à correlação forte relatada pelos autores que está em concordância com a correlação obtida neste estudo, foi a correlação entre o comprimento da raiz e a matéria fresca da parte aérea, com valor de 0.835 (Tabela 7), se assemelha ao valor de 0.783 obtido pelos autores. Por outro lado, os resultados demonstrados no trabalho de Khan et al. (2016) que relataram correlações fracas entre as características comprimento da parte aérea com comprimento da raiz, matéria fresca da parte aérea com comprimento da parte aérea e comprimento da raiz com germinação, na condição de disponibilidade hídrica, estão em descompasso com os resultados obtidos neste trabalho para as mesmas características, que apresentaram correlações fortes.

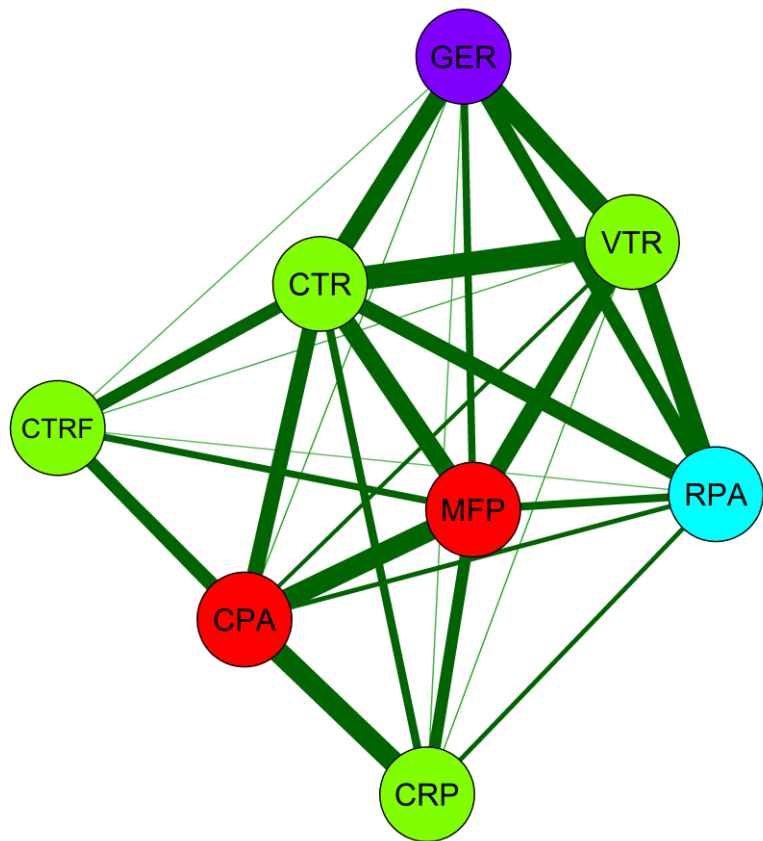
Para o ambiente de deficiência hídrica, os valores de correlações fenotípicas relatados no trabalho de Khan et al. (2016) corroboram com os valores obtidos neste trabalho (Tabela 7). De tal forma que foram observados baixos valores de correlação entre comprimento da parte aérea com germinação 0.177, assim como para a correlação entre matéria fresca da parte aérea com germinação 0.250, e para comprimento da parte aérea com comprimento da raiz 0.602. Entretanto, Khan et al. (2016) assim como Dantas (2018) não relataram correlações fortes entre nenhuma característica, o que está em descompasso com algumas observações realizadas neste estudo. Uma vez que, quando levado em consideração as características avaliadas nos dois estudos, correlações fortes foram observadas no comprimento da parte aérea com matéria fresca da parte aérea 0.879, e do comprimento da raiz com a germinação 0.703 (Tabela 7).

Tabela 7 – Valores de correlação acima da diagonal são referentes à correlação de Pearson entre as características avaliadas na condição de disponibilidade hídrica (0 MPa). Já os valores abaixo da diagonal são referentes à correlação entre as características avaliadas na condição de deficiência hídrica (-0,3 MPa).

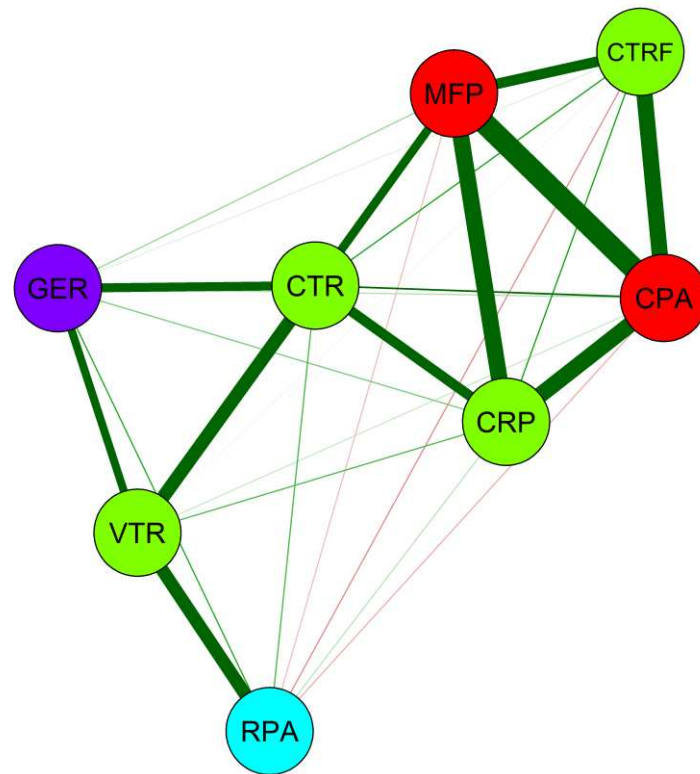
Correlação de Pearson entre as características								
	CPA	CRP	CTR	CTRF	GER	MFPA	RPA	VTR
CPA		0.874	0.793	0.753	0.551	0.862	0.647	0.635
CRP	0.802		0.693	0.707	0.448	0.740	0.641	0.534
CTR	0.602	0.721		0.756	0.835	0.835	0.800	0.905
CTRF	0.802	0.596	0.555		0.433	0.676	0.385	0.488
GER	0.177	0.320	0.703	0.076		0.679	0.777	0.859
MFPA	0.879	0.807	0.698	0.723	0.250		0.688	0.825
RPA	-0.184	0.155	0.428	-0.280	0.541	-0.155		0.850
VTR	0.129	0.426	0.765	-0.021	0.691	0.349	0.758	

A fim de ilustrar as correlações fenotípicas obtidas neste estudo, foi construída uma rede de correlação para o ambiente de sem estresse hídrico (Figura 5, 0 MPa) e com estresse hídrico (Figura 5, -0.3 MPa), onde a espessura das linhas que unem as características representa o grau de correlação entre as características conectadas, sendo que quanto maior a espessura, maior a correlação entre os caracteres. Além disso, linhas de cores verdes representam correlações positivas e linhas de cores vermelhas representam correlações negativas entre as características conectadas.

0 MPa



-0,3 MPa



- Traits_PA
- Traits_R
- R.PA
- Ger

Figura 5 – Rede de correlação entre as características no ambiente controle (0 MPa) e ambiente estresse (- 0,3 MPa).

5.7. DIVERSIDADE GENÉTICA

Para que haja sucesso em um programa de melhoramento, principalmente no melhoramento de culturas como o milho, onde a heterose pode ser explorada, o estudo de variabilidade genética entre os acessos do banco de germoplasma é essencial nas etapas iniciais do melhoramento (Reif, et al. 2005; Barata & Carena, 2006) para que o melhorista tenha conhecimento da diversidade genética entre os acessos disponíveis. Para isso, estudar as variações fenotípicas entre os genótipos é uma boa opção para agrupar os acessos, por demandarem menor tempo e custo reduzido para implantação dos estudos de variabilidade (Franco et al., 2001; Aci et al., 2018). Sendo assim, identificar genótipos e grupos de genótipos contrastantes é útil para estudar a herança de características além de identificar combinações híbridas promissoras a partir de pais contrastantes (Falconer & Mackay, 1996). No caso de programas de melhoramento de milho e milho-pipoca, as combinações híbridas são originadas a partir da combinação entre pais divergentes. Essa divergência entre os genitores ocorre quando os pais apresentam desvios de dominância favorável entre os alelos de um determinado loco gênico. Quando a divergência entre os alelos proporciona superioridade na média da progênie em relação à média dos genitores, ocorre heterose (Hallauer & Miranda, 1988).

As distâncias euclidianas foram estimadas para todas as linhagens, unindo as duas populações de milho-pipoca, com base nas oito características avaliadas - CPA e MFPA (características relacionadas à parte aérea), CRP, CTR, CTRF e VTR (características relacionadas ao sistema radicular), RPA e GER - que foram selecionadas ao final da análise de multicolinearidade (Tabela 1). A análise de agrupamento foi realizada com base no método de Mojena (1977) para os níveis de disponibilidade hídrica (0 MPa) e restrição hídrica (-0.3 MPa) separadamente (Figura 6). A análise de agrupamento foi realizada com ponto de corte na altura de 1.3 e separou os 30 genótipos em quatro grupos tanto para o ambiente de disponibilidade hídrica quanto para o ambiente de restrição hídrica. Esse agrupamento está em concordância com a análise de agrupamento realizada por Santos (2020), que estudou diferenças morfoagronômicas, fisiológicas e radiculares entre variedades de milho-pipoca sob deficiência hídrica e obteve quatro grupos na análise de diversidade por ambientes de estresse hídrico e sem estresse hídrico.

Na análise de agrupamento para o ambiente de disponibilidade hídrica (0 MPa) (Figura 5, B), o grupo I foi constituído por 20 genótipos, sendo o grupo que apresentou o maior número de genótipos. Os genótipos desse grupo foram os que apresentaram os piores desempenhos quando existia água disponível no ambiente. O grupo II, formado por 8 genótipos, entre eles o

híbrido MG580PW, a testemunha tolerante à seca. Este segundo grupo consiste no conjunto de genótipos que apresentou desempenho intermediário. Os grupos III e IV foram formados por apenas um genótipo cada, sendo eles a linhagem 20-2009 e o híbrido FS481PW, a testemunha suscetível à seca, respectivamente. Esses grupos foram formados pelos genótipos que apresentaram os melhores desempenhos no ambiente controle. Apesar desses genótipos apresentarem os melhores desempenhos no desenvolvimento das plântulas, o híbrido FS481PW ficou grupado separadamente da linhagem 20-2009 por apresentar desempenho muito superior ao desempenho da linhagem. Este comportamento muito superior do desenvolvimento das plântulas apresentado pelo híbrido FS481PW era esperado que acontecesse devido ao vigor híbrido. O fato que surpreendeu foi o desempenho intermediário no desenvolvimento do híbrido MG580PW, que pode ser explicado pela menor qualidade do lote de sementes desse híbrido em relação às sementes do híbrido FS481PW.

Já para o ambiente de restrição hídrica (-0.3 MPa) (Figura 6, A), diferentemente do que foi observado no ambiente de disponibilidade hídrica (0 MPa) (Figura 6, B) que o grupo I agregou o maior número de genótipos, no ambiente de estresse hídrico, o grupo II, com 22 genótipos, foi o que agrupou o maior número de genótipos. Neste caso, os genótipos desse grupo foram os que apresentaram os piores desempenhos no desenvolvimento das plântulas quando existia limitação hídrica no sistema. O grupo I, por sua vez, foi constituído por seis genótipos, sendo que eles apresentaram baixos desempenhos para o desenvolvimento das plântulas, contemplando inclusive a testemunha suscetível à seca, o híbrido FS481PW. Assim como no ambiente de disponibilidade hídrica, no ambiente de seca, os grupos III e IV também foram formados por apenas um genótipo, sendo que a linhagem 20-2009 está presente no grupo III, assim como ocorreu no ambiente de disponibilidade hídrica. Entretanto, o grupo IV agrupou somente a testemunha tolerante à seca, o híbrido MG580PW, assim como era esperado que acontecesse, devido ao desenvolvimento superior que ocorre nos híbridos em relação ao desenvolvimento das linhagens. Os resultados observados para o agrupamento da linhagem 20-2009 e do híbrido MG580PW de formas isoladas, corroboram com os resultados obtidos para as médias das características avaliadas na condição de deficiência hídrica para os dois genótipos evidenciando os desenvolvimentos superiores para esses genótipos em relação aos demais (Tabela 1, suplementar).

Além disso, como foi observado para o desempenho dos genótipos mencionados anteriormente, pode-se destacar o comportamento das linhagens 20-2012 e 20-2044, que nos dois ambientes foram agrupadas no grupo I (Figura 6), sendo que, quando havia disponibilidade

hídrica (Figura 6, B), essas linhagens apresentaram baixo desenvolvimento das características avaliadas e quando havia restrição hídrica (Figura 6, A), essas linhagens apresentaram desenvolvimento intermediário para as mesmas características. Este comportamento é corroborado pelos valores positivos e elevados do índice de tolerância à seca apresentado para essas linhagens, sendo que elas apresentaram os dois maiores valores para o índice de tolerância à seca (DTI) (Tabela 6). De forma oposta ao comportamento das linhagens 20-2012 e 20-2044, pode-se destacar o comportamento das linhagens 20-2006 e 20-2015, que, quando havia disponibilidade hídrica (Figura 6, B), apresentaram desempenhos intermediários para o desenvolvimento das características avaliadas, mas quando a água disponível no sistema ficou restrita (Figura 6, A), o desenvolvimento das linhagens reduziu drasticamente (Tabela 1, suplementar). Assim como pode ser observado pelos altos valores negativos para DTI (Tabela 6), confirmando o bom agrupamento das linhagens.

Por último, pode-se destacar a relevância do agrupamento de forma isolada da linhagem 20-2009 que - pertence a População Beija-Flor (Figura 6) - devido ao desempenho médio de desenvolvimento deste genótipo tanto em condição de disponibilidade quanto em condição de deficiência hídrica para o programa de melhoramento de milho-pipoca (Tabela 1, suplementar). Esses agrupamentos isolados significam que esta linhagem pode ser utilizada como uma boa fonte doadora de alelos favoráveis para desenvolvimento de plântulas em ambientes com e sem disponibilidade hídrica. Dessa forma, a linhagem 20-2009 pode ser utilizada como testadora em cruzamentos com linhagens pertencente à outras populações, no intuito de explorar a heterose, além de ser utilizada em cruzamentos com outras linhagens pertencentes à população Beija-Flor, a fim de aumentar a frequência de alelos favoráveis nesta população, elevando a média de desenvolvimento das plantas oriundas da População Beija-Flor tanto em condições normais de disponibilidade hídrica, quanto em condição de restrição na disponibilidade de água no ambiente.

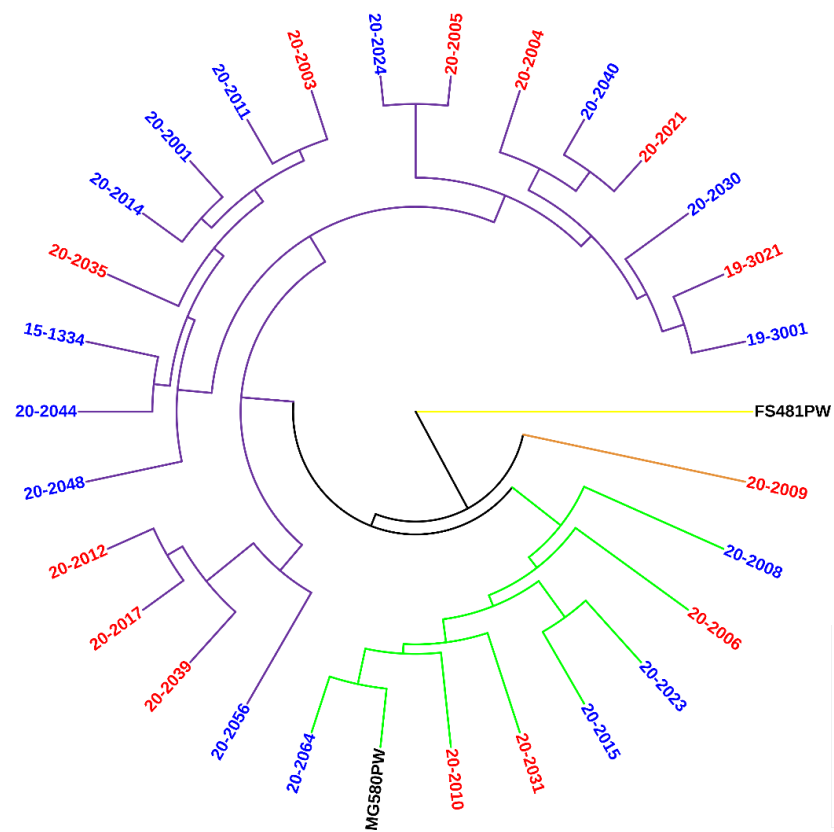
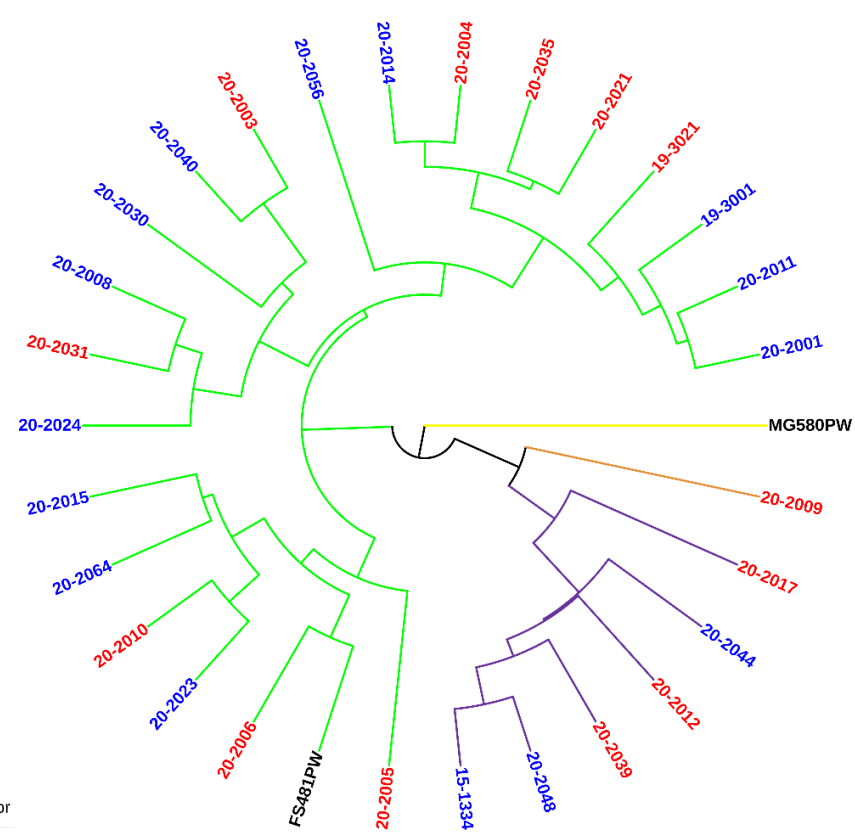
A**B**

Figura 6 – Dendrograma dos genótipos no ambiente controle 0 MPa (A) e dendrograma no ambiente de estresse -0.3 MPa (B).

5.8. ANÁLISE GGE BIPLLOT

O modelo base para um GGE biplot proposto pela metodologia de Yan (2001) pode ser descrito com base na decomposição do valor singular dos primeiros – singular value decomposition (SVD) - componentes principais:

$$Y_{ij} - Y_j = \lambda_a \xi_{ia} \eta_{ja} + \lambda_b \xi_{ib} \eta_{jb} + \dots + \lambda_n \xi_{in} \eta_{jn} + \varepsilon_{ij}$$

Onde, Y_{ij} é a média mensurada do genótipo i no ambiente j ; Y_j é a média de todos os genótipos no ambiente j ; λ_a e λ_b são os valores singulares para os componentes principais a até n ; ξ_{i1} e ξ_{i2} são os escores para os componentes principais a até n para o genótipo i ; η_{j1} e η_{j2} são os escores para os componentes principais a até n para o ambiente k ; ε_{ij} é o resíduo do modelo associado ao genótipo i no ambiente j . Os componentes principais que compõem os valores de a até n são os componentes principais com autovetores maiores ou iguais a 1.

Tabela 8 – Autovalores de cada componente principal para valores padronizados das características avaliadas em condição controle (CPV), em condição de seca (DPV) e para tolerância à seca (DTV).

	Autovalores dos Componentes Principais							
	1	2	3	4	5	6	7	8
CPV	2.19	1.30	0.78	0.63	0.50	0.46	0.23	0.12
DPV	2.00	1.58	0.74	0.64	0.57	0.39	0.25	0.16
DTV	2.24	1.14	0.87	0.62	0.56	0.38	0.25	0.13

No presente estudo, o primeiro componente explica 60.05% e o segundo componente explica 39.95% da variação total das características entre os genótipos avaliados nos dois ambientes. No gráfico de análise Biplot do tipo Which-won-Where (Figura 7), são formados mega ambientes que agrupam os genótipos que mais se destacam dentro de cada um dos mega ambientes. A partir disso, quanto mais distante do centro de origem do gráfico, melhor é o desempenho do genótipo para o ambiente em que ele está inserido. Desse modo, os genótipos mais distantes do centro de origem formam os vértices de um polígono, indicando o genótipo que apresenta o melhor desempenho para cada mega ambiente (Yan, 2001; Yihunie & Gesesse, 2018). Os mega ambientes são separados por linhas pontilhadas e identificados por vetores que nomeiam os mega ambientes e possibilita identificar quais os genótipos estão englobados dentro de cada mega ambiente avaliado, sendo que os vetores que indicam os mega ambientes estão correlacionados entre si, de modo que o cosseno do ângulo formado entre os ambientes

corresponde à correlação genética entre os ambientes. De modo que quanto maior o ângulo formado pelos ambientes, menor será a correlação genética e mais distintos serão os ambientes (Yan et al., 2007).

A partir da análise do gráfico Which-won-Where (Figura 7), é possível observar os mega ambientes formados, sendo o ambiente de disponibilidade hídrica (controle) descrito como ambiente A1 e o ambiente de restrição hídrica (seca) identificado como ambiente A2. Dentro do ambiente A1 é possível identificar o maior número de genótipos, onze, em relação ao ambiente A2, três. Além disso, também no ambiente A1 é possível identificar o desempenho diferencial e muito superior do híbrido FS481PW, presente no vértice do polígono neste ambiente, assim como as linhagens 20-2003, 20-2006, 20-2010, 20-2011, 20-2014, 20-2015, 20-2023, 20-2031, 20-2035 e 20-2064, que apresentaram os maiores desempenhos quando existia disponibilidade hídrica no sistema. Para o ambiente A2 é possível identificar a linhagem 20-2044 no vértice do polígono neste ambiente, indicando-o como o genótipo que apresentou o melhor desempenho sob restrição hídrica. Da mesma forma, outros genótipos que apresentaram altos desempenhos no ambiente de restrição hídrica e foram agrupados no mega ambiente A2 foram as linhagens 15-1334 e 20-2024.

De forma análoga à descrita para os ambientes A1 e A2, é possível descrever um terceiro ambiente que é intermediário aos ambientes de disponibilidade e restrição hídrica. Nesse ambiente, a linhagem 20-2009 está presente no vértice do polígono, indicando-a como o genótipo que apresentou o melhor desempenho neste ambiente. Outros genótipos que estão presentes neste ambiente são as linhagens 20-2008 e 20-2048, além da testemunha tolerante à seca, o híbrido MG580PW. Esses quatro genótipos se distinguem dos demais por apresentarem altos rendimentos tanto no ambiente de disponibilidade quanto no ambiente de restrição hídrica, sendo que as linhagens 20-2009 e 20-2008 apresentaram valores do índice de performance sob seca (DPI) e do índice de performance em condição de controle (CPI) maiores que os limites superiores de cada intervalo de confiança construído. A linhagem 20-2048 e o híbrido MG580PW apresentaram valores maiores que o limite superior do intervalo de confiança somente para o índice de performance sob seca (DPI) e valores intermediários para o intervalo de confiança para o índice de performance em condição de controle (CPI). Dessa forma, pode-se inferir que este ambiente agrega os genótipos que apresentaram os melhores desenvolvimentos tanto no ambiente A1 quanto no ambiente A2.

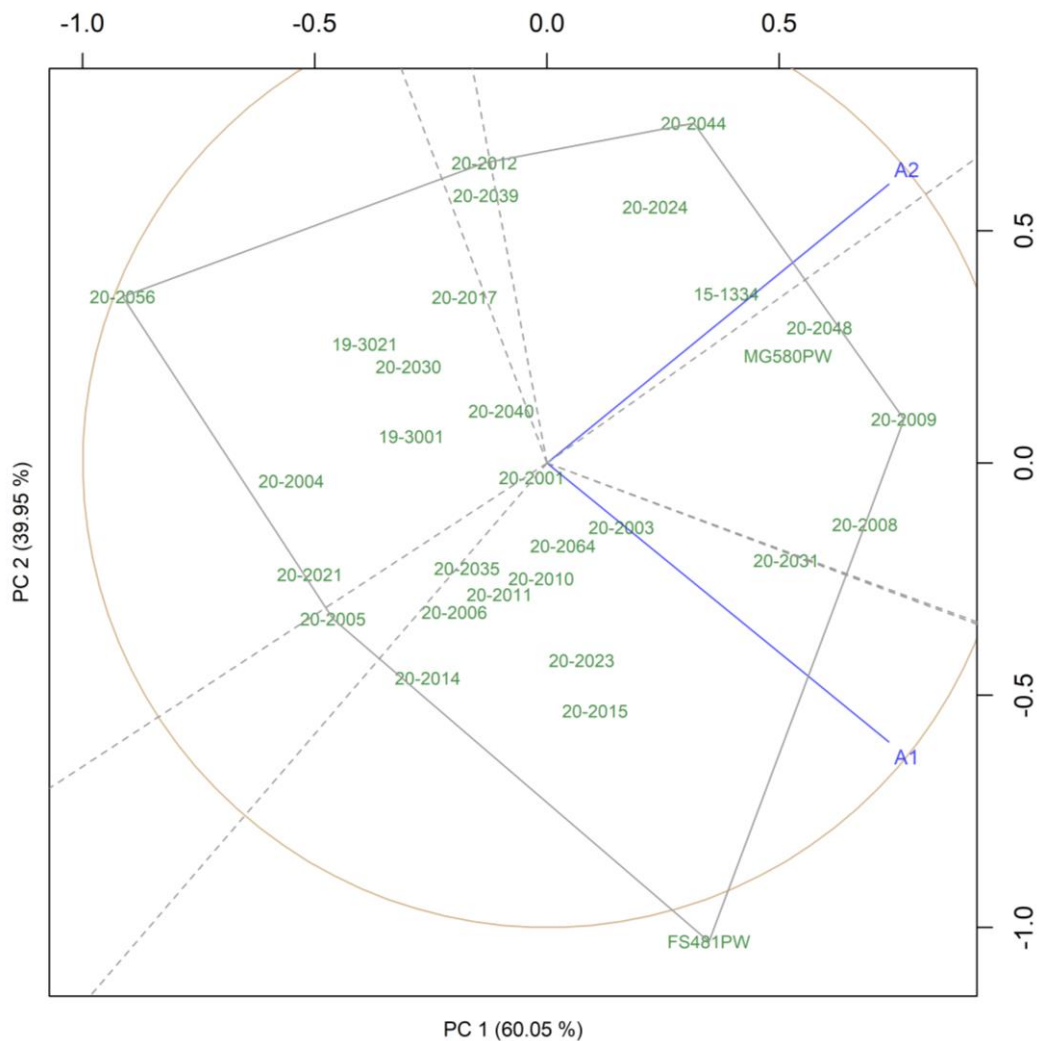


Figura 7 – Gráfico Biplot Which-won-Where desenvolvido a partir de índices de performance de desenvolvimento no ambiente (A1) de disponibilidade hídrica (0 MPa) e no ambiente (A2) de restrição hídrica (-0.3 MPa).

No gráfico da análise Biplot do tipo Média vs Estabilidade (Figura 8, A) a média do desempenho dos genótipos é definida pelo eixo horizontal, representado pelo primeiro componente principal (PC1), onde a ponta da flecha presente no eixo indica o genótipo ideal e a média do desempenho dos genótipos entre os ambientes é representada pelo centro de origem dos eixos. De modo que os genótipos localizados à esquerda do centro de origem são aqueles que apresentaram desempenho superior à média, ao passo que os genótipos localizados à direita do centro de origem apresentam desempenho inferior à média. A estabilidade, por sua vez, é representada pelo segundo componente principal (PC2) e pode ser mais facilmente observada pelas linhas tracejadas que ligam os códigos dos genótipos ao eixo do componente principal, de tal forma que quanto menor o comprimento da linha tracejada de um determinado genótipo, mais próximo ele estará do eixo PC1, que representa a média do genótipo, indicando maior

estabilidade para a característica avaliada (Gabriel, 1971; Yan & Kang, 2003). Sendo assim, Yan & Rajcan (2001) descreveram como genótipos ideais aqueles que apresentam elevado valor para o primeiro componente principal, indicando alto desempenho para a característica avaliada e pequeno valor para o segundo componente, expressando alta estabilidade para as médias.

A partir da análise do primeiro componente principal, eixo horizontal do Gráfico Biplot para Média vs Estabilidade (Figura 8, A), é possível inferir sobre as médias de desenvolvimento dos genótipos, ressaltando que as linhagens 20-2008, 20-2009, 20-2031, 20-2048 e o híbrido MG580PW foram os genótipos que ficaram deslocados à extrema esquerda do centro de origem e apresentaram as maiores médias de desenvolvimentos para os dois ambientes com base nos índices DPI e CPI. Sendo que as linhagens que apresentaram as maiores médias de desenvolvimento foram as linhagens 20-2009 e 20-2008, respectivamente. Os genótipos descritos anteriormente foram os mesmos genótipos agrupados no ambiente intermediário aos ambientes A1 e A2 formado no Gráfico Which-won-Where (Figura 7). Ainda analisando o primeiro componente principal do Gráfico Biplot para Média vs Estabilidade (Figura 8, A), pode-se observar que, de forma oposta ao que foi relatado anteriormente, a linhagem 20-2056 foi o genótipo que ficou deslocado à extrema direita do centro de origem, de forma isolada, significando que a linhagem 20-2056 é o genótipo que apresentou a pior média de desenvolvimento entre todos os genótipos.

Ainda avaliando o Gráfico Biplot para Média vs Estabilidade (Figura 8, A), porém analisando o segundo componente principal, eixo vertical, é possível verificar a estabilidade das médias dos genótipos a partir da projeção dos genótipos medidos a partir das linhas tracejadas. Desse modo, verifica-se que os cinco genótipos que apresentaram o maior comprimento das projeções de linhas pontilhadas e conseqüentemente as maiores instabilidades foram: o híbrido FS481PW, como o mais instável entre todos os genótipos, seguido pelas linhagens 20-2044, 20-2012, 20-2039 e 20-2024, respectivamente. Ao passo que os cinco genótipos que apresentaram os menores comprimentos das projeções de linhas tracejadas e conseqüentemente maior estabilidade foram as linhagens 20-2001, 20-2004, 19-3001, 20-2009 e 20-2008, respectivamente.

Já no gráfico da análise Biplot do tipo Ranking de Genótipos (Figura 8, B), os genótipos são classificados bom base na hipótese do genótipo ideal. Desse modo, um genótipo ideal que é aquele que apresenta maior rendimento e maior estabilidade, sendo aquele que esteja projetado à maior distância do primeiro componente principal no sentido positivo do eixo, indicando rendimentos superiores à média aliados à menor distância do segundo componente

principal, sendo aquele que esteja mais próximo ao centro do círculo concêntrico (Yan, 2001). Desse modo, o genótipo ideal buscado pelos programas de melhoramento é aquele que possui maior rendimento e maior estabilidade de médias (Melo et al., 2018). Segundo o trabalho de Yan (2001), análises do tipo Ranking de Genótipos foram eficientes para selecionar genótipos de trigo. Outros trabalhos na literatura confirmam a eficiência do método do Ranking de Genótipos para seleção de genótipos de trigo (Kaya et al., 2006), batata (Gedif & Yigzaw, 2014) e cevada (Sarkar et al., 2014).

Avaliando o Gráfico Biplot do tipo Ranking de Genótipos (Figura 8, B), as projeções dos genótipos são às projeções observadas no Gráfico Biplot do tipo Média vs Estabilidade (Figura 8, A), uma vez que o ranking de genótipos é baseado na média e na estabilidade dos genótipos. Dessa forma, é possível verificar que o genótipo que mais se aproxima da hipótese do genótipo ideal para desenvolvimento nos ambientes de disponibilidade hídrica (A1) e restrição hídrica (A2), é aquele que mais se aproxima do centro do círculo concêntrico. Assim, é pode-se concluir que o genótipo ideal para estes ambientes é a linhagem 20-2009, da mesma forma que o a linhagem 20-2008 pode ser considerada próxima à hipótese do genótipo ideal. Além disso, a linhagem 20-2056 pode ser considerada como a mais distante da idealidade de genótipo para os ambientes avaliados, por estar projetada na extremidade oposta à dos círculos concêntricos. A partir desses resultados, pode-se assumir que as linhagens 20-2009 e 20-2008 apresentam maiores desenvolvimentos e maiores estabilidades para as médias das plântulas nos dois ambientes, ao passo que a linhagem 20-2056 apresenta o pior desenvolvimento e estabilidade reduzida para as médias das plântulas nos dois ambientes avaliados.

6. CONCLUSÕES

A partir das análises realizadas neste trabalho é possível concluir que existe variabilidade genética entre as 28 linhagens de milho-pipoca que foram testadas para tolerância à seca com base na germinação das sementes e no desenvolvimento inicial em fase de plântula. Também é possível concluir que as linhagens da População Viçosa apresentaram melhor performance de desenvolvimento que as linhagens da População Beija-Flor, tanto nos ambientes de disponibilidade e restrição hídrica, com base nos índices de performance, além da População Viçosa apresentar maior média para a tolerância à seca.

Da mesma forma, é possível concluir que as linhagens 15-1334, 20-2009, 20-2012, 20-2024, 20-2031, 20-2039, 20-2044, e 20-2048 ao apresentarem alta performance de desenvolvimento em condição limitante de água e altos valores para o índice de tolerância à seca, assim como o híbrido MG580PW, testemunha tolerante à seca, podem ser classificadas como tolerantes à seca. Do mesmo modo, é possível concluir que as linhagens 20-2005, 20-2006, 20-2011, 20-2014 e 20-2015 ao apresentarem performances de desenvolvimento em condição de disponibilidade hídrica muito superior às performances de desenvolvimento no ambiente de restrição hídrica, além de baixos valores para o índice de tolerância à seca, assim como o híbrido FS481PW, testemunha suscetível à seca, podem ser classificadas como suscetíveis à seca. As demais linhagens avaliadas neste trabalho foram classificadas como intermediárias para tolerância à seca.

Além disso, seguindo os resultados das análises GGE-Biplot, é possível concluir que a linhagem 20-2009 pode ser selecionada como o genótipo ideal pela boa performance de desenvolvimento tanto para o ambiente de disponibilidade quanto para o ambiente de restrição hídrica, seguida pela linhagem 20-2008. De forma oposta, conclui-se que as linhagens 20-2056 e 20-2004 podem ser selecionadas para as piores performances de desenvolvimento tanto para o ambiente de disponibilidade quanto para o ambiente de restrição hídrica.

De acordo com os resultados das análises de componentes principais é possível concluir que a seleção de linhagens de milho-pipoca para tolerância à seca em estágio de germinação da semente e crescimento inicial de plantas em deficiência hídrica induzida por PEG 6000 pode ser baseada na resposta do comprimento da parte aérea (CPA), no comprimento total da raiz (CTR) e na matéria fresca da parte aérea (MFPA), por serem as características que mais contribuem com o primeiro componente, e a relação raiz/parte aérea (RPA) a característica que mais contribuiu com o segundo componente principal.

Vale ressaltar que a classificação de genótipos em tolerantes e suscetíveis à seca que foi realizada neste trabalho, abre o caminho para estudos mais aprofundados sobre os mecanismos de tolerância que estão presentes nas linhagens. Também podem ser avaliados os comportamentos bioquímico e fisiológico das linhagens sob condição de estresse e não estresse por deficiência hídrica. Além disso, trabalhos sobre o desempenho dos genótipos em condição de campo e em fase reprodutiva são necessários para compreender melhor o impacto dos caracteres avaliados para tolerância à seca em estágio inicial de desenvolvimento da planta ao longo de todo o ciclo da cultura.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABRATES – Associação Brasileira de Tecnologia de Sementes. **Vigor de Sementes: Conceitos e Testes**. Abrates, 601 p., Ed. 2020, 2020.
- ABREU, V. M. et al. Combining ability and heterosis of maize genotypes under water stress during seed germination and seedling emergence. **Crop Science**, v. 59, p. 1-11, 2019.
- ACI, M. M. et al. Genetic variation and structure of maize populations from Saoura and Gourara oasis in Algerian Sahara. **BMC Genetics**, v. 19, n. 51, 2018.
- ADAMS, M. W. An estimate of homogeneity in crop plants with special reference to genetic vulnerability in dry season *Phaseolus vulgaris*. **Euphytica**, v. 26, p. 665-679, 1995.
- AKINWALE, R. O. et al. Assessing the usefulness of GGE Biplot as a statistical tool for plant breeders and agronomists. **Cereal Research Communications**, v. 4, n. 3, p. 534-546 2014.
- AKINWALE, R. O. et al. Determinants of drought tolerance at seedling stage in early and extra-early maize hybrids. **Maydica**, v. 62, 2017.
- ALI, M. L. et al. Greenhouse screening of maize genotypes for deep root mass and related root traits and their association with grain yield under water-deficit conditions in the field. **Euphytica**, v. 207, p. 79-94, 2016.
- ANUÁRIO BRASILEIRO DO MILHO. **Gazeta Santa Cruz Ltda.**, Santa Cruz do Sul, RS, 72 p., 2019.
- ARAUS, J. L. et al. **Advances in plant physiology and new technologies for maize and sorghum phenotyping under water stress**. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 30., 2014, Salvador. **Anais...** Sete Lagoas: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, p. 29, 2014.
- ARAUS, J. L. et al. Phenotyping maize for adaptation to drought. **Frontiers in Physiology**, v. 3, n. 305, p. 259–282, 2012.
- ARNHOLDE, E. Evaluation of top-cross popcorn hybrids using mixed linear model methodology. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 69, p. 46-53, 2009.

- ASFAW, A. & BLAIR, M. W. Quantification of drought tolerance in Ethiopian common bean varieties. **Agricultural Sciences**, v. 5, n. 2, p. 124-139, 2014.
- AVRAMOVA, V. et al. Screening for drought tolerance of maize hybrids by multi-scale analysis of root and shoot traits at the seedling stage. **Journal of Experimental Botany**, v. 67, n. 8, p. 2453-2466, 2016.
- BALESTRE, M. et al. Stability and adaptability of upland rice genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 357-363, 2010.
- BÄNZIGER M & LAFITTE H. R. Efficiency of secondary traits for improving maize for low nitrogen target environments. **Crop Science**, v. 37, p. 1110–1117, 1997
- BÄNZIGER, M. et al. **Breeding for drought and nitrogen stress tolerance in maize. From theory to practice.** CIMMYT, Mexico, DF, 2000.
- BÄNZIGER, M. et al. Efficiency of highnitrogen selection environments for improving maize for low nitrogen target environments. **Crop Science**, v. 37, p. 1103–1109, 1997.
- BARATA, C.; CARENA, M. J. Classification of North Dakota maize inbred lines into heterotic groups based on molecular and testcross data. **Euphytica**, v. 151, p. 339-349, 2006.
- BAYUELO-JIMÉNEZ, J. S. et al. Genotypic variation for root traits of maize (*Zea mays* L.) from the Puehepecha Plateau under contrasting phosphorus availability. **Field Crops Research**, v. 121, p. 352-362, 2011.
- BECK D. et al. Progress in developing drought and low soil nitrogen tolerance in maize. **In: Proceedings of the 51st annual corn and sorghum industrial research conference. Chicago, Dec 6–11.** ASTA, p. 85–111, Washington, DC, 1996.
- BIANCHI, L. et a. Adaptação das plantas ao deficit hídrico. **Acta Iguazu**, v. 5, n. 4, p. 15-32, 2016.
- BIJU, S. et al. Silicon improves seed germination and alleviates drought stress in lentil crops by regulating osmolytes, hydrolytic enzymes and antioxidant defense system. **Plant physiology and biochemistry**, v. 119, p. 250-264, 2017.

- BOURTON, A. L. et al. QTL mapping and Phenotypic variation of root anatomical traits in maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 128, p. 93-106, 2015.
- BRACCINI, A. L. et al. Influência do potencial hídrico induzido por polietilenoglicol na qualidade fisiológica de sementes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n. 9, p. 1451-1459, Brasília, 1998.
- BRASIL. **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**. Regras para análise de sementes. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. Brasília: MAPA/ACS, 395 p., 2009.
- CÂMARA, T. M. M. et al. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. **Bragantia**, v. 66, n. 4, p. 595-603, 2007.
- CARENA, M. J. et al. Breeding maize for higher yield and quality under drought stress. **Maydica**, v. 54, n. 2, p. 287, 2009.
- CARPENTIERI-PÍPOLO, V. et al. Correlações entre caracteres quantitativos em milho pipoca. **Horticultura Brasileira**, v. 20, p. 551-554, 2002.
- CARVALHO, M. et al. Screening of worldwide cowpea collection to drought tolerant at a germination stage. **Scientia Horticulturae**, v. 247, p. 107-115, 2019.
- CLIFFORD, H. T. & STEPHENSON, W. An introduction to numerical classification. Academic Press, p. 229, Londres, 1975.
- COLMAN, B. A. et al. Indução de tolerância ao estresse hídrico na germinação de sementes de feijão-caupi. **Comunicata Scientiae**, v. 5, p. 449-455, 2014.
- COMAS, L. H. et al. Root traits contributing to plant productivity under drought. **Frontiers in Plant Science**, v. 4, 2013.
- COOLEY, W. W.; LOHNES, P. R. **Multivariate data analysis**. John Wiley & Sons, Inc., New York, 1971.
- CRUZ, C. D. GENES – A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

- CRUZ, J. C. et al. Manejo da cultura do milho. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo. **(Embrapa Milho e Sorgo. Circular Técnica, 87)** 12 p., 2006.
- DANTAS, S. A. G. **Estratégia de indução de déficit hídrico em soja e desenvolvimento de GWAS para a germinação e vigor de sementes**. Tese. Universidade Federal de Viçosa, 93 p., Viçosa, 2018
- DANTAS, S. A. G. et al. Strategy for selection of soybean genotypes tolerant to drought during germination. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, 2017.
- DURÃES, F. O. M. et al. Fenotipagem associada a tolerância a seca em milho para uso em melhoramento, estudos genômicos e seleção assistida por marcadores. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, **(Embrapa Milho e Sorgo. Circular Técnica, 39)** 18 p., 2004.
- EDMEADES G.O. et al. Progress in breeding for drought tolerance in maize. In: **Wilkinson D (ed) Proceedings of the 47th annual corn and sorghum industrial research conference**. ASTA, p 93–111, Washington, DC, 1992.
- FALCONER, D. D.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4 ed. Harlow: Longman Green, 464 p., 1996.
- FAROOQ, M. et al. Plant drought stress: effects, mechanisms and management. **Agronomy for Sustainable Development**, v. 29, p, 185-212, 2009.
- FENTA, B. A. et al. Field phenotyping of soybean roots for drought stress tolerance. **Agronomy**, v. 4, p. 418-435, 2014.
- FLACH, R. et al. Conserving the Cerrado and Amazon biomes of Brazil protects the soy economy from damaging warming. **World Development**, v. 146:105582, 2021.
- FLORES, J. et al. The combined effect of water stress and temperature on seed germination of Chihuahuan Desert species. **Journal of Arid Environments**, v. 146, p. 95-98, 2017.
- FRANCO, J. et al. A method for combining molecular markers and phenotypic attributes for classifying plant genotypes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, p. 944-952, 2001.
- FREITAS, M. N., et al. Tolerance of cotton cultivars to water stress induced during seeds germination. **Principia**, n. 53, João Pessoa, 2020.

- GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.
- GAO, Y., LYNCH, J. P. Reduced crown root number improves water acquisition under water deficit stress in maize (*Zea mays* L.). **Journal of Experimental Botany**, v. 67, p. 4545-4557, 2016.
- GATTI, L. V. et al. Amazonia as a carbon source linked to deforestation and climate change. **Nature**, v. 595, p. 388-393, 2021.
- GE, R. et al. Effects of water stress on growth, biomass partitioning, and water-use efficiency in summer maize (*Zea mays* L.) throughout the growth cycle. **Acta Physiologiae Plantarum**, v. 34, p. 1043-1053, 2011.
- GEDIF, M; YIGZAW, D. Genotype by environment interaction analysis for tuber yield of potato (*Solanum tuberosum* L.) using a GGE Biplot method in Amhara Region, Ethiopia. **Agricultural Sciences**, v. 5, p. 239-249, 2014.
- GOVINDARAJ, J. et al. Simple, rapid and cost effective screening method for drought resistant breeding in pearl millet. **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 1, p. 590-599, 2010.
- GOWDA, V. R. P. et al. Root biology and genetic improvement for drought avoidance in rice. **Field Crops Research**, v. 122, p. 1-13, 2011.
- GUIMARÃES, M. de A. et al. Hidratação de sementes. **Trópica**, v. 2, p. 31-39, 2008
- GUIMARÃES, P. de S. et al. Characterizing corn hybrids (*Zea mays* L.) for water shortage by principal components analysis. **Maydica**, v. 59, n. 1, p. 72-79, 2014.
- HALLAUER, A. R. & MIRANDA, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 633 p., 1988.
- HANWAY, J. J. How a corn plant develops. **Special Report**. 38, 1966.
- HASANUZZAMAN, M. et al. **Plant tolerant to environmental stress. Role of Phytoprotectants**. (1^a Ed.), Boca Raton, Florida: CRC Press. Taylor & Francis Group. 469 p., 2019.

- HENDRICK, N. & PREGITZER, K. The dynamics of fine root length, biomass and nitrogen content in two hardwood ecosystems. **Canadian Journal of Forest Research**, v. 23, p. 2507-2520, 1993.
- HOTELLING, H. Analysis of a complex of statistical variables in to principal components. **Journal of Educational Psychology**, v. 24, n. 6 & 7, p. 417-441 & 498-520, 1933.
- IPCC: **Climate Change 2021: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change** [Masson-Delmotte, V., P. Zhai, A. Pirani, S. L. Connors, C. Péan, S. Berger, N. Caud, Y. Chen, L. Goldfarb, M. I. Gomis, M. Huang, K. Leitzell, E. Lonnoy, J. B. R. Matthews, T. K. Maycock, T. Waterfield, O. Yelekçi, R. Yu and B. Zhou (eds.)]. Cambridge University Press. In Press, 2021.
- IQBAL K. F. M. et al. Variability for drought tolerance in cotton (*Gossypium hirsutum*) and its genetic basis. **International Journal of Agriculture and Biology**, v. 13, p. 61-66, 2011.
- JAIN, M. et al. Water Deficit Stress Effects and Responses in Maize. In: **Plant Abiotic Stress Tolerance**. Springer, Cham, p. 129-151, 2008.
- JAMES G. et al. An introduction to statistical learning with applications in R. **Springer Texts in Statistics**, 434 p., 2013.
- JOLLIFFE, I. T. **Principal Component Analysis**. Ed. 2, New York: Springer-Verlag New York, Inc. 2002.
- JONGRUNGKLANG, N. et al. Classification of root distribution patterns and their contributions to yield in peanut genotypes under mid-season drought stress. **Field Crops Research**, v. 127, p. 181-190, 2012
- JOSLIN, J. D. et al. Effects of altered water regimes on forest root systems. **New Phytologist**, v. 147, p. 117-129, 2000.
- KASHIWAGI, J. et al. Variability of root length density and its contributions to seed yield in chickpea (*Cicer arietinum L.*) under terminal drought stress. **Field Crops Research**, v. 95, p. 171-181, 2006.

- KAUSER, R. et al. Chlorophyll fluorescence: A potential indicator for rapid assessment of water stress tolerance in canola (*Brassica napus* L.) **Pakistan Journal of Botany**, v. 38, p. 1501-1509, 2006.
- KAYA, M. et al. GGE-Biplot analysis of multi-environment yield trials in bread wheat. **Turkish Journal of Agriculture and Forestry**, v. 30, p. 325-337, 2006.
- KHAN, I. A. et al. Comparative evaluation and analysis of seedling traits for drought tolerance in maize. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 6, n. 2, 2004.
- KHAN, N. H. et al. Genetics of drought tolerance at seedling and maturity stages in *Zea mays* L. **Spanish Journal of Agricultural Research**, v. 14, n. 3, 11 p., 2016.
- KHODARAHMPOUR, Z. Effect of drought stress induced by polyethylene glycol (PEG) on germination indices in corn (*Zea mays* L.) hybrids. **African Journal of Biotechnology**, v. 10(79), p. 18222-18227, 2011.
- KRANNER, I. et al. What is stress? Concepts, definitions and applications in seed science. **New Phytologist Foundation**, v. 188, p. 655-673, 2010
- KUMAR, B. et al. Genotypic variation for root architecture traits in seedlings of maize (*Zea mays* L.) inbred lines. **Plant Breeding**, v. 131, n. 4, p. 465-478, 2012.
- LARHER, F. et al. Effectors for the osmoinduced proline response in higher plants. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 31, p. 911-922, 1993.
- LEITE-FILHO, A. T. et al. Deforestation reduces rainfall and agricultural revenues in the Brazilian Amazon. **Nature Communications**, v. 12:2591, 2021.
- LI, P. et al. QTL-By-Environment interaction in the response of maize root and shoot traits to different water regimes. **Frontiers in Plant Science**, v. 9:229, 2018, doi: 10.3389/fpls.2018.00229.
- LI, R. et al. Genetic variation for maize root architecture in response to drought stress at the seedling stage. **Breeding Science**, v. 65, n. 4, p. 298-307, 2015.
- LSPA – LEVANTAMENTO SISTEMÁTICO DA PRODUÇÃO AGRÍCOLA. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**, 2016.

- LSPA – LEVANTAMENTO SISTEMÁTICO DA PRODUÇÃO AGRÍCOLA. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**, 2020.
- LU, Y et al. Comparative LD mapping using single SNPs and haplotypes identifies QTL for plant height and biomass as secondary traits of drought tolerance in maize. **Molecular breeding**, v. 30, n. 1, p. 407-418, 2012.
- LU, Y. et al. Large-scale screening for maize drought resistance using multiple selection criteria evaluated under water-stress and well-watered environments. **Field Crops Research**, v. 124, p. 37-45, 2011.
- LYNCH, J. P. et al., Root anatomical phenes associated with water acquisition from drying soil: targets for crop improvement. **Journal of Experimental Botany**, v. 65, p. 6155-6166, 2014.
- LYNCH, J. P. Roots of the second green Revolution. **Australian Journal of Botany**, v. 55, p. 493-512, 2007.
- LYNCH, J. P., WOJCIECHOWSKI, T. Opportunities and challenges in the subsoil: pathways to deeper rooted crops. **Journal of Experimental Botany**, v. 66, p. 2199-2210, 2015.
- LYNCH, J. Steep, cheap and deep: an ideotype to optimize water and N acquisition by maize root systems. **Annals of Botany**, v. 112, p. 347-357, 2013.
- MACHADO NETO, N.B. et al. Deficiência hídrica induzida por diferentes agentes osmóticos na germinação e vigor de sementes de feijão. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 28, n. 1, p. 142-148, 2006.
- MAGAR, M. M. et al. Effect of PEG induced drought stress on germination and seedling traits of maize (*Zea mays* L.) Lines. **Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi**, v. 6, n. 2, p. 196-205, 2019.
- MAGUIRE, J. D. Speed of germination-aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. **Crop Science**, v. 2, p. 176-177, 1962.
- MARCOS FILHO, J. Fisiologia de sementes de plantas cultivadas. 2.ed. Londrina: **Abrates**, 660 p., 2015.

- MARCOS FILHO, J. Fisiologia de sementes de plantas cultivadas. Piracicaba: Fealq, 495 p., Piracicaba, São Paulo, 2005.
- MARENCO, J. A. Water and climate change. **Estudos Avançados**, v. 22, n. 63, p. 83-96, 2008.
- MARSCHNER, H. Role of root growth, arbuscular mycorrhiza, and root exudates for the efficiency in nutrient acquisition. **Field Crops Research**, v. 56, p. 203-207, 1988.
- MELO, P. G. S. et al. Adaptability and stability of common bean genotypes in Family farming systems. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 2, 2018
- MICHEL, B. E., KAUFMANN, M. R. The osmotic potential of polyethylene glycol 6000. **Plant Physiology**, v. 51, n. 5, p. 914-916, 1973.
- MIR, R. et al. Integrated genomics, physiology and breeding approaches for improving drought tolerance in crops. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, n. 4, p. 625-645, 2012.
- MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stoppings rules: an evaluations. **The Computer Journal**, v. 20, p. 359-363, 1977.
- MORTELE, L. M. Influência do estresse hídrico sobre o desempenho fisiológico de sementes de híbridos simples de milho-pipoca. **Ciência Agrotecnologia**, v. 32, n. 6, p. 1810-1817, Lavras, 2008.
- MUNDIM, G. B. et al. Early evaluation of popcorn hybrids for vegetative use efficiency of nitrogen and phosphorus and secondary traits. **Maydica**, v. 59, p. 321-328, 2014.
- MUNDIM, G. B. et al. Early evaluation of popcorn inbred lines for phosphorus use efficiency. **Plant Breeding**, v. 132, p. 613-619, 2013a.
- MUNDIM, G. B. et al. Genetic diversity and path nalysis for nitrogen use efficiency in popcorn inbled lines. **Euphytica**, v. 191, n. 2, p. 191-199, 2013b.
- OBER, E. et al. Genotypic diferences in rooting patterns and soil water extraction related to drought tolerance in sugar beet. **Comparative Biochemistry and Physiology – Part A: Molecular & Integrative Physiology**, v. 141, p. 302-310, 2005

- PAIVA, E. P. et al. Germination and tolerance of cowpea (*Vigna unguiculata*) cultivars to water stress. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 22, n. 6, p. 407-411, 2018.
- PAN, X. et al. Assessment on phosphorus efficiency characteristics of soybean genotypes in phosphorus-deficient soils. **Agricultural Sciences in China**, v. 7, n. 8, p. 958-969, 2008.
- PEARSON, K. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. **Philosophical Magazine**, s. 6, v. 2, n. 11, p. 559-572, 1901.
- PIRDASHTI, H. et al. Effect of water stress on seed germination and seedling growth of rice (*Oryza sativa* L.) genotypes. **Pakistan Journal of Agronomy**, v. 2, n. 4, p. 217-222, Faisalabad, 2003.
- POORTER, L. & MARKESTEIJN, L. Seedling traits determine drought tolerance of tropical tree species. *Biotropica*, v. 40, n. 3, p. 321-331, 2008.
- QUEIROZ, R. J. B. **Resposta fisiológica e molecular de dois genótipos de milho à limitação hídrica**. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista, 154 f., Jaboticabal, 2010.
- R Core Team** (2009) R: a language and environment for statistical computing.
- RAHIM, F. et al. Identification of contrasting tropical popcorn inbreds for studying aluminum toxicity tolerance inheritance. **Euphytica**, v. 215, p. 47-59, 2019.
- RAHNAMA, A et al. A screening method to identify genetic variation in root growth response to a salinity gradient. **Journal of Experimental Botany**, v. 26, p. 69-77, 2011.
- RAO, C. R. The use and interpretation of principal component analysis in applied research. **Sankhya A**, v. 26, p. 329-358, 1964.
- REIF, J. C. et al. Heterosis and heterotic patterns in maize. **Maydica**, v. 50, p. 215-223, 2005.
- ROSSETTO, C. A. V. et al. Comportamento das sementes de soja durante a fase inicial do processo de germinação. *Sciência Agrícola*, v. 54, p. 1-2, Piracicaba, 1997

- SANTOS, F.S. et al. Genetic gain prediction of the third recurrent selection cycle in a popcorn population. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 30, p. 651-655, 2008.
- SANTOS, R. et al. Root and Agro-Morphological traits performance in cowpea under drought stress. **Agronomy**, 10:1604, 2020
- SANTOS, T. O. **Diferenciação morfoagronômica, fisiológica e radicular de variedades de milho-pipoca em ambientes com deficit hídrico**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 92 p. Campos dos Goytacases, 2020.
- SARKAR, B. et al. Identifying superior feed barley genotypes using GGE Biplot for diverse environments in India. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 74, p. 26-33, 2014
- SCHIGAKI, F. et al. Influência do estresse hídrico nos parâmetros de crescimento, acúmulo e produtividade de diferentes variedades de cana-de-açúcar em Miracema-RJ. **Revista Universidade Rural: Serie Ciência da Vida**, v. 24, n. 1, p. 63-71, Seropédica 2004.
- SCHUSTER, A. **Diversidade entre linhagens de milho tropical quanto a características de raiz e parte aérea em condições contrastantes de fósforo**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 50 p., Viçosa, 2017.
- SHAMIM, F. et al. Screening and selection of tomato genotypes/cultivars for drought tolerance using multivariate analysis. **Pakistan Journal of Botany**, v. 46, p. 1165-1178. 2014.
- SHAO, H. B. et al. Water-deficit stress-induced anatomical changes in higher plants. **Comptes Rendus Biologies**, v. 33, p. 215-225, 2008.
- SHI, Y.; ZHANG, Y. et al. Silicon enhances water stress tolerance by improving root hydraulic conductance in *Solanum lycopersicum* L. **Frontiers in plant science**, v. 7, p. 196, 2016.
- SINGH, M. et al. Roles of osmoprotectants in improving salinity and drought tolerance in plants: a review. **Reviews in Environmental Science and Bio/Technology**, v. 14, n. 3, p. 407-426, 2015.

- SOUSA, R. S. **Fenotipagem em milho para identificação de genótipos tolerantes à deficiência hídrica**. 2012. 77 p. (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2012.
- TAIZ, L. & ZEIGER, E. **Fisiologia Vegetal**. 5. ed. Porto Alegre: Artmed, 918 p. 2013.
- TAIZ, L. & ZEIGER, E. **Fisiologia Vegetal**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.
- TAIZ, L. & ZEIGER, E. **Fisiologia Vegetal**. Porto Alegre: Artmed, 2004.
- TAIZ, L. & ZEIGER, E. **Plant Physiol**. 3. Ed.: I-xxvi, 1-690, 2002.
- TEIXEIRA, F. F. et al. Evaluation of maize core collection for drought tolerance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 312-320, 2010.
- TORRES, S. B. et al. Avaliação do potencial fisiológico de sementes de tomate pelo teste de estresse hídrico. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n. 5, p. 653-657, Brasília, 1998.
- TRACHSEL, S. et al. Growth of axile and lateral roots of maize: response to desiccation stress induced by polyethylene glycol 8000. **Maydica**, v. 55, p. 101-109, 2010.
- TRACHSEL, S. et al. Mapping of QTLs for lateral and axile root growth for tropical maize. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 119, p. 1413-1424, 2009.
- VADEZ, V. Root hydraulics: the forgotten side of roots in drought adaptation. **Field Crops Research**, v. 165, p. 15-24, 2014.
- VAN DER MOEZEL, P. G.; BELL, D. T. Comparative seedling salt tolerance of several *Eucalyptus* and *Melaleuca* species from Western Australia. **Australian Forestry Research**, v. 17, p. 151-158, 1987.
- VAUGHAN et al., Accumulation of terpenoidphytoalexins in maize roots is associated with drought tolerance. **Plant, Cell & Environment**. v. 38, n. 11, p. 2195-2207 2015.
- VAZ DE MELO, A. et al. Germinação e vigor de sementes de milho-pipoca submetidas ao estresse térmico e hídrico. **Biosciência Jornal**, v. 28, n. 5, p. 687-695, Uberlândia, 2012.

- VILLELA, F. A. et al. Tabela de potencial osmótico em função do polietilenoglicol 6000 e da temperatura. **Revista Agropecuária Brasileira**, v. 26, n. 11/12, p. 1957-1968, 1991.
- WEBER, V. S. et al. Efficiency of managed-stress screening of elite maize hybrids under drought and low nitrogen for yield under rainfed conditions in Southern Africa. **Crop Science**, v. 52, p. 1011-1020, 2012.
- WRIGHT, I. J. et al. Differences in seedling growth behavior among species: trait correlations across species, and trait shifts along nutrient compared to rainfall gradients. **Journal of Ecology**, v. 87, p. 85-97, 1999.
- XU, N. et al. The application of GGE biplot analysis for evaluating test locations and mega-environment investigation of cotton regional trials. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 13, n. 9, p. 1921-1933, 2014.
- YAN, W. et al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, v. 40, n. 3, p. 597-605, 2000.
- YAN, W. et al. GGE Biplot vs AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v. 47, n. 2, p. 643-655, 2007.
- YAN, W. GGE Biplot a windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, v. 93, p. 1111-1118, 2001.
- YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Flórida: Boca Raton, 286 p., 2003.
- YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, v. 42, p. 11-20, 2001.
- YAN, W.; TINKER, A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 86, n. 3, p. 623-645, 2006.
- YANG, R. C. et al. Biplot analysis of genotype x environment interaction proceed with caution. **Crop Science**, v. 49, n. 5, p. 1564-1576, 2009.

- YIHUNIE, T. A. & GESESSE, C. A. GGE Biplot analysis of genotype by environment interaction in field pea (*Pisumsativum* L.) genotypes in Northwestern Ethiopia. **Journal Crop Science and Biotechnology**, v. 21, p. 67-74, 2018.
- YU, L. H. et al. Activated expressions of na Arabidopsis HD-START protein confers dorought tolerance with improved root system and reduced stomatal density. **Plant Cell**, v. 20, p. 1134-1151, 2008.
- YU, L. H. et al. Arabdopsis enhanced drought tolerance1/HOMEODOMAINS GLABROUS11 confers drought tolerance in transgenic rice without yield penalty, **Plant Physiology**, v. 162, p. 1378-1391, 2013.
- ZHAN, A. et al. Reduced lateral root branching density improves drought tolerance in maize. **Plant Physiology**, v. 168, p. 1603-1615, 2015.
- ZHANG, H. et al. Large-scale evaluation of maize germoplasm for low-phosphorus tolerance. **Plos One**, v. 10, n. 5, 2015.
- ZHU, J. et al. Root cortical aerenchyma improves the drought tolerance of maize (*Zea mays* L.). **Plant Cell and Environment**, v. 33, p. 740-749, 2010.

8. TABELAS SUPLEMENTARES

Tabela 1 – Tabela de médias para as variáveis CPA (comprimento de parte aérea, cm); CRP (comprimento da raiz principal, cm); CTR (comprimento total da raiz, cm); CTRF (comprimento total de raízes finas, cm); GER (germinação, %); MFPA (matéria fresca da parte aérea, g); RPA (relação raiz/parte aérea, g/g); VTR (volume total da raiz, cm³); observadas nos ambientes controle (0 MPa) e ambiente de estresse (-0,3 MPa).

Genótipos	Médias															
	CPA		CRP		CTR		CTRF		GER		MFPA		RPA		VTR	
	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3
15-1334	12.61	3.42	19.60	15.52	42.11	31.70	15.19	12.22	42.00	35.00	0.27	0.07	0.37	0.78	0.13	0.09
19-3001	9.89	2.16	18.32	15.25	39.83	26.59	9.78	5.80	57.25	40.50	0.23	0.04	0.46	1.37	0.14	0.09
19-3021	9.06	2.25	15.97	15.51	36.65	23.46	10.76	6.13	48.75	45.25	0.20	0.04	0.48	0.97	0.13	0.07
20-2001	10.62	2.53	18.48	14.02	43.59	28.23	12.63	5.77	40.75	38.50	0.32	0.05	0.45	1.19	0.18	0.11
20-2003	11.63	2.02	18.64	14.63	49.69	35.08	15.44	8.45	54.75	40.50	0.32	0.05	0.49	1.47	0.19	0.12
20-2004	9.45	1.71	15.63	11.70	33.38	25.01	7.05	4.69	41.50	38.75	0.28	0.04	0.53	1.33	0.18	0.10
20-2005	10.82	1.89	16.61	10.36	45.02	26.75	9.97	4.57	69.75	60.75	0.23	0.03	0.56	1.87	0.17	0.09
20-2006	9.70	2.21	18.87	13.08	49.57	29.29	8.55	2.81	70.50	38.00	0.29	0.04	0.67	1.91	0.26	0.14
20-2008	10.96	2.67	20.95	15.09	67.66	36.24	19.59	8.18	84.50	61.75	0.34	0.07	0.51	1.01	0.26	0.13
20-2009	12.64	3.17	20.24	15.15	58.45	39.67	23.67	16.37	51.75	48.75	0.30	0.06	0.49	1.13	0.19	0.11
20-2010	10.85	2.25	16.82	11.16	47.95	31.42	10.52	4.87	83.25	53.25	0.36	0.05	0.49	1.50	0.24	0.14
20-2011	11.72	2.01	17.97	13.38	44.29	24.73	15.33	5.29	49.00	36.00	0.31	0.05	0.41	1.14	0.17	0.10
20-2012	9.70	3.06	16.90	15.10	28.67	29.10	8.94	9.40	16.75	22.25	0.26	0.07	0.35	0.80	0.12	0.10

20-2014	11.75	1.60	17.68	13.21	42.04	23.15	12.73	4.53	51.75	30.75	0.34	0.04	0.47	1.47	0.19	0.10
20-2015	11.10	1.70	18.87	12.47	53.30	32.18	12.90	3.86	88.75	57.75	0.36	0.04	0.61	1.97	0.29	0.18
20-2017	10.59	3.44	18.75	14.85	32.21	23.86	10.31	6.91	22.25	31.50	0.23	0.05	0.39	0.81	0.11	0.07
20-2021	9.84	1.85	17.54	12.53	38.49	22.77	9.00	3.10	45.50	22.25	0.28	0.04	0.48	1.47	0.17	0.10
20-2023	11.17	1.99	13.37	12.59	62.84	28.75	14.74	3.13	85.50	61.25	0.36	0.05	0.60	1.53	0.29	0.14
20-2024	10.01	3.04	17.90	16.69	43.67	41.82	10.56	8.52	68.00	55.00	0.22	0.06	0.59	1.26	0.16	0.13
20-2030	10.99	2.45	13.87	12.22	36.87	28.79	8.76	7.45	56.50	62.00	0.27	0.05	0.39	1.17	0.13	0.09
20-2031	13.53	2.59	20.11	15.14	54.25	32.93	13.29	6.26	68.00	61.50	0.38	0.06	0.49	1.19	0.25	0.13
20-2035	10.35	1.96	19.94	14.80	43.09	24.40	13.94	4.02	34.00	27.25	0.29	0.05	0.52	1.33	0.18	0.11
20-2039	9.93	3.00	14.60	13.08	35.18	32.26	12.43	10.77	23.50	36.75	0.24	0.06	0.37	0.87	0.12	0.09
20-2040	10.39	2.17	16.46	12.79	45.21	34.46	9.44	7.69	49.50	42.25	0.30	0.05	0.49	1.19	0.18	0.11
20-2044	9.86	3.59	16.80	17.10	36.54	32.45	13.75	11.00	43.50	24.75	0.29	0.09	0.39	0.78	0.14	0.10
20-2048	12.17	3.33	19.62	17.26	45.65	34.72	18.56	12.25	44.50	32.50	0.35	0.07	0.39	0.93	0.15	0.10
20-2056	7.00	2.16	11.94	11.83	23.90	18.51	6.47	3.13	36.75	13.75	0.23	0.05	0.40	0.82	0.11	0.07
20-2064	10.94	2.15	18.53	11.78	49.24	36.04	13.45	5.52	75.75	68.00	0.31	0.05	0.46	1.86	0.19	0.15
FS481PW	13.24	1.41	18.35	12.00	77.39	32.96	16.02	3.77	99.50	36.00	0.39	0.04	0.73	1.94	0.37	0.17
MG580PW	10.99	2.41	18.40	16.22	49.75	44.57	16.10	4.32	85.25	86.25	0.32	0.07	0.50	1.39	0.20	0.18

Tabela 2 – Resultado do teste de agrupamento de médias para as variáveis CPA (comprimento de parte aérea, cm); CRP (comprimento da raiz principal, cm); CTR (comprimento total da raiz, cm); CTRF (comprimento total de raízes finas, cm); GER (germinação, %); MFPA (matéria fresca da parte aérea, g); RPA (relação raiz/parte aérea, g/g); VTR (volume total da raiz, cm³); observadas nos ambientes controle (0 MPa) e ambiente de estresse (-0,3 MPa).

Genótipos	Estatística															
	CPA		CRP		CTR		CTRF		GER		MFPA		RPA		VTR	
	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3	0	-0,3
15-1334	Aa	Ba	Aa	Ba	Ab	Ba	Ac	Ab	Ac	Ac	Ac	Ba	Ac	Bd	Ad	Bd
19-3001	Ab	Bc	Aa	Ba	Ac	Bb	Ad	Bd	Ac	Ac	Ad	Ba	Ab	Bb	Ad	Bc
19-3021	Ab	Bd	Ab	Aa	Ac	Bb	Ad	Bd	Ac	Ac	Ad	Ba	Ab	Bd	Ad	Be
20-2001	Aa	Bb	Aa	Ba	Ab	Bb	Ac	Bd	Ac	Ac	Ab	Ba	Ab	Bc	Ac	Bc
20-2003	Aa	Bd	Aa	Ba	Ab	Ba	Ac	Bc	Ac	Ac	Ab	Ba	Ab	Bb	Ac	Bb
20-2004	Ab	Be	Ab	Bb	Ac	Bb	Ad	Ad	Ac	Ac	Ac	Ba	Ab	Bb	Ac	Bc
20-2005	Aa	Be	Ab	Bb	Ab	Bb	Ad	Bd	Ab	Ab	Ad	Ba	Aa	Ba	Ac	Bc
20-2006	Ab	Bc	Aa	Bb	Ab	Ba	Ad	Bd	Ab	Bc	Ac	Ba	Aa	Ba	Ab	Bb
20-2008	Aa	Bc	Aa	Ba	Aa	Ba	Ab	Bc	Aa	Bb	Ab	Ba	Ab	Bc	Ab	Bb
20-2009	Aa	Ba	Aa	Ba	Aa	Ba	Aa	Ba	Ac	Ab	Ab	Ba	Ab	Bc	Ac	Bc
20-2010	Aa	Bc	Ab	Bb	Ab	Ba	Ad	Bd	Aa	Bb	Aa	Ba	Ab	Bb	Ab	Bb
20-2011	Aa	Bd	Aa	Bb	Ab	Bb	Ac	Bd	Ac	Ac	Ab	Ba	Ac	Bc	Ac	Bc
20-2012	Ab	Bb	Ab	Aa	Ad	Aa	Ad	Ac	Ad	Ac	Ac	Ba	Ac	Bd	Ae	Bc
20-2014	Aa	Bf	Aa	Bb	Ab	Bb	Ac	Bd	Ac	Bc	Ab	Ba	Ab	Bb	Ac	Bc

20-2015	Aa	Be	Aa	Bb	Ab	Ba	Ac	Bd	Aa	Bb	Aa	Ba	Aa	Ba	Ab	Ba
20-2017	Aa	Ba	Aa	Ba	Ac	Bb	Ad	Ad	Ad	Ac	Ad	Ba	Ac	Bd	Ae	Be
20-2021	Ab	Be	Aa	Bb	Ac	Bb	Ad	Bd	Ac	Bc	Ac	Ba	Ab	Bb	Ac	Bc
20-2023	Aa	Bd	Ac	Ab	Aa	Ba	Ac	Bd	Aa	Bb	Aa	Ba	Aa	Bb	Ab	Bb
20-2024	Ab	Bb	Aa	Aa	Ab	Aa	Ad	Ac	Ab	Ab	Ad	Ba	Aa	Bb	Ac	Bb
20-2030	Aa	Bc	Ac	Ab	Ac	Ba	Ad	Ad	Ac	Ab	Ac	Ba	Ac	Bc	Ad	Bd
20-2031	Aa	Bc	Aa	Ba	Ab	Ba	Ac	Bd	Ab	Ab	Aa	Ba	Ab	Bc	Ab	Bb
20-2035	Ab	Bf	Aa	Ba	Ab	Bb	Ac	Bd	Ad	Ac	Ac	Ba	Ab	Bb	Ac	Bc
20-2039	Ab	Bb	Ac	Ab	Ac	Aa	Ac	Ac	Ad	Ac	Ad	Ba	Ac	Bd	Ae	Bd
20-2040	Ab	Bd	Ab	Bb	Ab	Ba	Ad	Ad	Ac	Ac	Ab	Ba	Ab	Bc	Ac	Bc
20-2044	Ab	Bb	Ab	Aa	Ac	Aa	Ac	Ac	Ac	Bc	Ac	Ba	Ac	Bd	Ad	Bc
20-2048	Aa	Ba	Aa	Aa	Ab	Ba	Ab	Bb	Ac	Ac	Aa	Ba	Ac	Bd	Ad	Bc
20-2056	Ac	Bc	Ac	Ab	Ad	Bb	Ad	Ad	Ac	Bc	Ad	Ba	Ac	Bd	Ae	Be
20-2064	Aa	Be	Aa	Bb	Ab	Ba	Ac	Bd	Ab	Ab	Ab	Ba	Ab	Ba	Ac	Bb
FS481PW	Ab	Bf	Aa	Bb	Aa	Ba	Ac	Bd	Aa	Bc	Aa	Ba	Aa	Ba	Aa	Ba
MG580PW	Aa	Bc	Aa	Aa	Ab	Aa	Ac	Bd	Aa	Aa	Ab	Ba	Ab	Bb	Ac	Aa

As letras minúsculas referem-se ao comportamento dos genótipos dentro de cada ambiente. Já as letras maiúsculas referem-se aos ambientes dentro de cada genótipo. De acordo com o teste de Skott & Knott à 5% de probabilidade, genótipos seguidos pelas mesmas letras apresentam médias estatisticamente iguais.

Tabela 3 – Valores que representam a diferença de performance entre o desenvolvimento das linhagens sob condição de restrição hídrica (-0.3 MPa) com relação a condição de disponibilidade hídrica (0 MPa).

Diferença entre as médias da condição de controle e de déficit hídrico								
Genótipos	CPA	CRP	CTR	CTRF	GER	MFPA	RPA	VTR
15-1334	-72.90	-20.84	-24.72	-19.55	-16.67	-72.60	112.77	-35.04
19-3001	-78.20	-16.76	-33.26	-40.64	-29.26	-82.82	197.22	-33.83
19-3021	-75.17	-2.87	-35.99	-43.05	-7.18	-78.46	102.07	-42.76
20-2001	-76.19	-24.16	-35.25	-54.36	-5.52	-83.32	162.93	-40.32
20-2003	-82.68	-21.50	-29.41	-45.27	-26.03	-84.75	202.20	-36.66
20-2004	-81.87	-25.12	-25.06	-33.45	-6.63	-85.22	149.95	-42.18
20-2005	-82.57	-37.60	-40.58	-54.22	-12.90	-87.72	231.84	-44.98
20-2006	-77.25	-30.66	-40.91	-67.18	-46.10	-86.90	185.12	-46.88
20-2008	-75.64	-27.99	-46.45	-58.24	-26.92	-78.68	98.32	-49.56
20-2009	-74.91	-25.18	-32.14	-30.84	-5.80	-79.20	132.25	-39.24
20-2010	-79.27	-33.69	-34.46	-53.71	-36.04	-85.78	206.22	-40.69
20-2011	-82.86	-25.54	-44.17	-65.47	-26.53	-84.80	179.43	-40.49
20-2012	-68.51	-10.64	1.49	5.14	32.84	-72.67	130.14	-18.61
20-2014	-86.40	-25.26	-44.94	-64.44	-40.58	-88.61	212.56	-49.05
20-2015	-84.68	-33.88	-39.63	-70.07	-34.93	-87.83	221.45	-39.71
20-2017	-67.54	-20.81	-25.95	-32.99	41.57	-76.35	108.42	-33.39
20-2021	-81.16	-28.53	-40.83	-65.59	-51.10	-86.50	206.50	-39.43
20-2023	-82.21	-5.80	-54.26	-78.75	-28.36	-85.80	155.42	-52.73
20-2024	-69.61	-6.76	-4.23	-19.30	-19.12	-73.34	112.76	-19.69

20-2030	-77.70	-11.87	-21.93	-15.01	9.73	-83.15	199.30	-32.63
20-2031	-80.89	-24.72	-39.30	-52.88	-9.56	-82.82	144.90	-45.64
20-2035	-81.03	-25.75	-43.37	-71.20	-19.85	-83.53	155.84	-38.67
20-2039	-69.82	-10.44	-8.31	-13.30	56.38	-73.20	134.88	-24.33
20-2040	-79.07	-22.32	-23.77	-18.57	-14.65	-82.97	141.56	-36.62
20-2044	-63.57	1.77	-11.18	-19.95	-43.10	-69.71	97.86	-23.92
20-2048	-72.67	-12.05	-23.95	-34.01	-26.97	-78.48	138.82	-31.19
20-2056	-69.16	-0.94	-22.58	-51.58	-62.59	-77.85	105.96	-30.23
20-2064	-80.34	-36.40	-26.82	-58.97	-10.23	-84.48	308.55	-21.02
FS481PW	-89.33	-34.57	-57.41	-76.46	-63.82	-89.12	166.95	-54.01
MG580PW	-78.10	-11.87	-10.41	-73.17	1.17	-77.94	177.03	-9.08
