

DIANA JHULIA PALHETA DE SOUSA

**SCREENING PARA TOLERÂNCIA À SECA EM GENÓTIPOS DE TRIGO
TROPICAL**

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

Orientador: Maicon Nardino

Coorientador: Aluizio Borem de Oliveira

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2022**

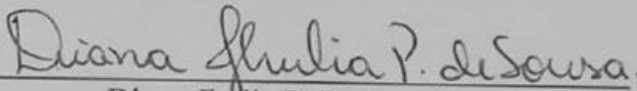
DIANA JHULIA PALHETA DE SOUSA

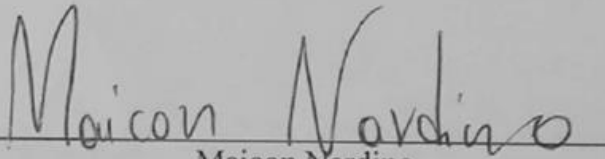
SCREENING PARA TOLERÂNCIA À SECA EM GENÓTIPOS DE TRIGO
TROPICAL

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

APROVADA: 24 de fevereiro de 2022.

Assentimento:


Diana Jhulia Palheta de Sousa
Autora


Maicon Nardino
Orientador

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

T

S725s
2022 Sousa, Diana Jhulia Palheta de, 1997-
Screening para tolerância à seca em genótipos de trigo
tropical / Diana Jhulia Palheta de Sousa. – Viçosa, MG, 2022.
1 dissertação eletrônica (77 f.): il. (algumas color.).

Inclui apêndice.

Orientador: Maicon Nardino.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2022.

Referências bibliográficas: f. 62-76.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2022.325>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Trigo - Seleção. 2. Trigo - Cultivo. 3. Déficit hídrico.
I. Nardino, Maicon, 1988-. II. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em
Fitotecnia. III. Título.

CDD 22. ed. 633.11

Bibliotecário(a) responsável: Bruna Silva CRB6/2552

*À minha família, em especial aos meus pais
Jucinaida Palheta e Ademilson Sousa, por
todo o incentivo para a realização dos
meus sonhos.*

Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus, que me abençoou e guiou meu caminho, dando força e sabedoria para continuar minha caminhada mesmo em determinados momentos tão difíceis.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV) pela a oportunidade de aprendizado e realização do estudo.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Aos meus pais Jucinaida Simões e Ademilson Sousa, por toda dedicação e empenho na minha educação.

A minha avó Alenilda Souza, pelo carinho e compreensão em todos os momentos dos quais passamos juntas (in memoriam).

Ao meu orientador, Dr. Maicon Nardino, pelo acolhimento, orientações e valiosas sugestões desde a elaboração do projeto.

Aos colegas do Programa Trigo – UFV, Henrique Mezzomo, Cleiton Casagrande, Caique Machado, Gabriel Wolter, Guilherme Williman, Marcos Paiva, Pedro Giarola, Tiago Oliveira, Vanessa Pereira, Claudio Batista pela ajuda e apoio do início ao fim do experimento. Em especial aos meus amigos João Ribeiro, Rafael Fronza, Vitor Singorini, Davi Freitas e Chainheny Carvalho que transformaram momentos ruins em grandes histórias sobre companheirismo.

Ao grupo de Estudo da Biodiversidade em Plantas Superiores da Amazônia (EBPS-UFRA) e a Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Pato Branco, pela à disposição do laboratório e auxílio as análises bioquímicas.

A Coordenação, professores, secretária e colegas do Curso de Mestrado em Fitotecnia – UFV.

Finalmente, a todos aqueles que de alguma forma contribuíram para a realização e sucesso deste trabalho.

“A vida não é fácil para nenhum de nós. Mas e daí? Temos que ter perseverança e, acima de tudo, confiança em nós mesmo.”

(Marie Curie)

RESUMO

SOUSA, Diana Jhulia Palheta de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2022. **Screening para tolerância à seca em genótipos de trigo tropical**. Orientador: Maicon Nardino. Coorientador: Aluizio Borem de Oliveira.

O trigo é uma cultura milenar extensivamente cultivada. No Brasil, para atender o consumo interno, o país precisa importar trigo de outros países. Uma importante estratégia para alcançar a autossuficiência no país tem sido o cultivo de trigo na região do Cerrado brasileiro, que tem como obstáculo a disponibilidade de água. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi fenotipar e selecionar genótipos de trigo por meio de índice de seleção e métodos multivariados para tolerância à seca em condições de campo. Para isso, 18 genótipos foram avaliados em dois ambientes: controle (C) e sequeiro (S). No ambiente de sequeiro a restrição hídrica foi aplicada através da suspensão da irrigação, no período de emborrachamento até o final da antese. As características avaliadas foram: produtividade de grãos (kg ha); massa de 100 grãos (gramas), peso hectolitro (kg L⁻¹); teores de potássio e sódio; concentração de amônio, prolina e compostos fenólicos; método de capacidade antioxidante ABTS (μM trolox g⁻¹) e FRAP (μM FeSO₄ g⁻¹), condutância estomática (mol H₂O m⁻² s⁻¹); taxa fotossintética (μmol CO₂ mol⁻² s⁻¹) e transpiração (mmol H₂O m⁻² s⁻¹); carbono interno (μmol CO₂ mol⁻¹); uso de água (mmol CO₂ mol⁻¹ H₂O) e eficiência de carboxilação ($(\mu\text{mol m}^{-2} \text{ s}^{-1}) (\mu\text{mol mol}^{-1})^{-1}$). As avaliações das trocas gasosas foram realizadas aos sete dias (1) e 19 dias (2) após o início do déficit hídrico. A análise de variância foi realizada para cada ambiente (C e S) e conjunta (C+S). As análises realizadas foram do agrupamento de Scott-Knott, dos coeficientes de correlação linear de Pearson, o índice de distância genótipo-ideótipo, os componentes principais e o GT Biplot. Os resultados da análise de variância demonstraram que apenas massa de 100 grãos, compostos fenólicos, método de capacidade antioxidante Abts e Frap, prolina, potássio, sódio, carbono interno e eficiência de carboxilação após 19 dias de déficit hídrico apresentaram diferença significativa em C, S e C+S. Os genótipos que apresentaram maior tolerância à seca ao apresentarem maior número de características necessárias à produção entre as condições de controle e sequeiro foram VI 14001 e VI 14950. Na análise de distância genótipo - ideótipo, destacaram-se VI 130679, VI 14001, VI. 14050, VI 14774 e VI 14950 sob déficit hídrico. Nas análises de componentes principais, os genótipos VI 14774, VI 14118, VI 14980, VI 14867, 14001 e 14055

apresentaram médias mais elevadas. Já no GT Biplot, os genótipos VI 14668, VI 9007 e VI 14426 foram os mais produtivos.

Palavras-chave: Déficit hídrico. Seleção. Genótipos superiores. Trigo.

ABSTRACT

SOUSA, Diana Jhulia Palheta de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2022. **Screening for drought tolerance in tropical wheat genotypes.** Adviser: Maicon Nardino. Co-adviser: Aluizio Borem de Oliveira.

Wheat is an extensively cultivated millenary crop. In Brazil, to meet domestic consumption, the country needs to import wheat from other countries. An important strategy to achieve self-sufficiency in the country has been the cultivation of wheat in the Brazilian Cerrado region, which has water availability as an obstacle. In this sense, the objective of this work was to phenotype and select wheat genotypes through selection index and multivariate methods for drought tolerance under field conditions. For this, 18 genotypes were evaluated in two environments: control (C) and rainfed (S). In the rainfed environment, water restriction was applied through the suspension of irrigation, in the period of booting until the end of anthesis. The characteristics evaluated were: grain yield (kg ha); mass of 100 grains (grams), hectoliter weight (kg L⁻¹); potassium and sodium contents; concentration of ammonium, proline and phenolic compounds; Abts (μM trolox g⁻¹) and Frap (μM FeSO₄ g⁻¹) antioxidant capacity method, stomatal conductance (mol H₂O m⁻² s⁻¹); photosynthetic rate (μmol CO₂ mol⁻² s⁻¹) and transpiration (mmol H₂O m⁻² s⁻¹); inner carbon (μmol CO₂ mol⁻¹); water use (mmol CO₂ mol⁻¹ H₂O) and carboxylation efficiency ((μmol m⁻² s⁻¹) (μmol mol⁻¹)⁻¹). Gas exchange assessments were performed at seven days (1) and 19 days (2) after the onset of water deficit. Analysis of variance was performed for each environment (C and S) and for each environment (C+S). The analyzes were performed using the Scott-Knott cluster, Pearson's linear correlation coefficients, the genotype-ideotype distance index, the principal components and the GT Biplot. The results of analysis of variance showed that only mass of 100 grains, phenolic compounds, Abts and Frap antioxidant capacity method, proline, potassium, sodium, internal carbon and carboxylation efficiency after 19 days of water deficit showed a significant difference in C, S and C+S. The genotypes that showed greater drought tolerance when presenting a greater number of characteristics necessary for production between the control and rainfed conditions were VI 14001 and VI 14950. In the analysis of genotype - ideotype distance, VI 130679, VI 14001, VI stood out. 14050, VI 14774 and VI 14950 under water deficit. In the principal component analyses, the genotypes VI 14774, VI 14118, VI 14980, VI 14867, 14001 and 14055

presented higher means. In GT Biplot, the genotypes VI 14668, VI 9007 and VI 14426 were the most productive.

Keywords: Drought. Selection. Superior genotypes. Wheat.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1. Imagem ilustrativa das alterações morfológicas, fisiológicas e bioquímicas provocadas pelo	20
Figura 2. Dados climatológicos registrados durante o período de avaliação dos genótipos de trigo em condições semiáridas (junho 2020 á setembro de 2020).....	25
Figura 3. Registros fotográficos durante a condução dos ambientes controle e sequeiro. A) Irrigação no campo experimental após o plantio.....	26
Figura 4. Componentes de rendimento de grãos dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico. A) Produtividade - Prod (Kg/ha). B) Massa de 100 grãos – M100 (Kg). C) Peso hectolitro - PH (kg L ⁻¹).....	33
Figura 5. A) Compostos fenólicos; B) Capacidade Antioxidante pelo Método ABTS; C) Capacidade Antioxidante pelo Método FRAP e D) Concentração de Prolina dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico.....	36
Figura 6. A) Teores de potássio, B) Teores de sódio e C) Concentrações de amônio dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico.	39
Figura 7. A) Concentração de carbono interno dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1º fase (Ci1). B) Concentração de carbono interno dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 2º fase (Ci2).....	41
Figura 8. A) Taxa de transpiração dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1º fase (E1). B) Taxa de transpiração dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 2º fase (E2).....	42
Figura 9. A) Condutância estomática dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1º fase (gs1). B) Condutância estomática dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 2º fase (gs2).....	43
Figura 10. A) Taxa fotossintética dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1º fase (A1). B) Taxa fotossintética dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 2º fase (A2).	44
Figura 11. Eficiência do uso da água dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1º avaliação (A - EUA1) e na 2º avaliação (B - EUA2).....	45
Figura 12. Eficiência do uso de carboxilação dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1º avaliação (A - EiC1) e 2º avaliação (B - EiC2).....	46
Figura 13. Gráfico Biplot para a análise de componentes principais de genótipos de trigo para os ambientes C+S..	57
Figura 14. Gráfico GTBiplot para a análise de componentes principais de genótipos de trigo para os ambientes C+S..	60

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Descrição dos genótipos de trigo utilizados na fenotipagem para tolerância a seca....	24
Tabela 2. Resumo da análise de variância, médias e coeficientes de variação (CV%) dos caracteres avaliados para 16 genótipos e 2 testemunhas de trigo no ambiente controle e sequeiro.....	30
Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta, médias e coeficientes de variação dos caracteres avaliados para 16 genótipos e 2 testemunhas de trigo.....	31
Tabela 4. Matriz de correlação de 16 genótipos e duas testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico para as características:.....	48
Tabela 5. Parâmetros genéticos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico para as características:.....	52
Tabela 6. Estimativas das médias, herdabilidade e ganhos de seleção dos genótipos avaliados para o controle e sequeiro com o uso do índice da distância genótipo – ideótipo.....	54
Tabela 7. Valores das correlações entre os componentes principais (CP) e as características avaliadas em 16 genótipos e 2 testemunhas de trigo nos ambientes controle e sequeiro.....	55

LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

<i>A</i>	Taxa fotossintética
ABTS	Capacidade antioxidante pelo método ABTS
Amo	Concentração de amônio
C	Ambiente controle
<i>C_i</i>	Concentração de carbono interno
<i>CV_e, %</i>	Coefficiente de variação experimental
<i>CV_g %</i>	Coefficiente de variação genético
<i>CV_g/CV</i>	Razão
<i>E</i>	Taxa de transpiração
EiC	Eficiência de carboxilação
EROS	Espécies reativas de oxigênio
EUA	Eficiência de uso de água
Fenol	Composto Fenólicos
FRAP	Capacidade antioxidante pelo método FRAP
<i>gs</i>	Condutância estomática
K	Potássio
M100	Massa de 100 grãos
N	Sódio
PH	Peso hectolitro
Pro	Prolina
Prod	Produtividade
<i>r</i>	Correlação intraclasse
S	Sequeiro

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	14
2. OBJETIVO GERAL.....	16
3. REVISÃO DE LITERATURA	17
3 1 Histórico da cultura do trigo	17
3 2 Importância mundial e no Brasil do Trigo.....	18
3 3 Desafio de produção do trigo no Cerrado brasileiro.....	19
3 4 Déficit hídrico	20
4. MATERIAIS E MÉTODOS.....	24
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
5. CONCLUSÃO.....	61
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	62

1. INTRODUÇÃO

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é uma cultura alimentar extensivamente cultivada, sendo uma importante fonte de nutrientes para cerca de 40% da população mundial e fornecendo por volta de 15% das calorias consumidas todos os dias (GIRALDO et al., 2019). A sua qualidade e quantidade de proteínas, além de amplas aplicações na alimentação animal e em produtos não alimentícios, contribui para o desenvolvimento e manutenção de diversas atividades agrícolas e industriais, gerando assim emprego e renda (MORI, 2015).

Ao desempenhar um papel único na economia global, o trigo é segunda cultura agrícola mais cultivada no mundo em produção com 769,6 milhões ton em 2021 (FAO, 2021). No Brasil, a estimativa de produção na safra de 2021 foi em torno de 6,2 milhões de ton, entretanto para atender ao consumo interno de trigo o país necessitou da importação de 6,8 milhões de ton (CONAB, 2021).

Desde os anos 2000, o cultivo no Cerrado brasileiro vem contribuindo para o aumento da produção de trigo, onde é estimado que a produção nacional pode aumentar em até quatro vezes, podendo alcançar a autossuficiência (MORI; TÔSTO; HIRAKURI, 2018; SOUZA; VIEIRA FILHO, 2020). E isso se deve, em grande parte, ao cultivo em dois sistema produção: irrigado e sequeiro na região, sendo o segundo com maior oportunidade de crescimento pois não disputa espaço nos pivôs com culturas mais rentáveis como feijão, milho, soja e hortaliças (CHAGAS et al., 2018).

A produção de trigo no sistema sequeiro é extremamente atrativa para os produtores da região, uma vez que a liquidez com melhores preços do ano é alcançada devido a colheita do trigo ocorrer no período de entressafra da região Sul e da Argentina, e ainda a região promove as primeiras colheitas do Brasil (SOUZA; VIEIRA FILHO, 2020). No entanto, a disponibilidade limitada de água durante a estação de cultivo do trigo em sequeiro no Cerrado é um obstáculo para o incremento na produção, uma vez dependendo das condições climáticas do ano a falta de precipitação pode ocorrer no final do espigamento e florescimento, podendo gerar até 68% de perdas na produtividade (TRICKER et al., 2018).

O déficit hídrico pode ser simplesmente definido como uma escassez de água que induz mudanças morfológicas, bioquímicas, fisiológicas e moleculares (SALLAM et al., 2019). A severidade do déficit hídrico na planta pode depender desde o estágio de crescimento, do genótipo, e da intensidade e duração do período (AHMED et al., 2020). É um dos principais estresses abióticos, considerado complexo uma vez que normalmente ocorre associado a outros estresses, tais como elevada intensidade de radiação, temperatura, baixa UR(%), todos fatores

que restringem a produtividade do trigo em todo o mundo (ZAMPIERI et al., 2017), especialmente quando coincidem com as fases fenológicas de floração e enchimento de grãos, etapas mais sensíveis para o rendimento de grãos (HASANUZZAMAN et al., 2018).

Dentre os prejuízos causados pelo déficit hídrico no trigo podemos citar a redução drástica no número de grãos e na produtividade (SENAPATI et al., 2018), diminuição no acúmulo de biomassa (MAHER HAFEZ; GHARIB, 2016), danos no aparato fotossintético (MATHUR; TOMAR; JAJOO, 2019), acúmulo de espécies reativas de oxigênio (CAVERZAN; CASASSOLA; BRAMMER, 2016), acúmulo de osmólitos como prolina e sacarose (WANG et al., 2019).

O desenvolvimento e adoção de genótipos de trigo mais tolerantes ao déficit vem sendo considerada como a principal ferramenta para aumentar a produtividade (MWADZINGENI et al., 2016). Pesquisas sobre déficit hídrico em campo são um desafio, uma vez que ao abranger ciclos inteiros da cultura estão sujeitos à variabilidade climática sazonal (YADAV et al., 2020).

A complexidade de fatores que permeia as respostas das plantas ao déficit hídrico, sugere que os critérios de seleção de genótipos tolerantes devem fundamentar-se nas análises das características agrônômicas e marcadores bioquímicos associados a maior resposta à produtividade e resistência (AHMED et al., 2019; MKHABELA et al., 2019; SATTAR et al., 2020). Além de proporcionar um progresso ao entendimento das vias metabólicas, fisiológicas e bioquímicas que as plantas de trigo usam quando expostas ao estresse (SALLAM et al., 2019).

E para selecionar plantas tolerantes à seca é essencial empregar e adaptar modelos biométricos para obter estimativas precisas e confiáveis que minimizem distorções impostas por vieses intrínsecos às medições fenotípicas (BORNHOFEN et al., 2017). Além disso, índices de seleção e métodos multivariados para selecionar genótipos tolerantes à seca têm sido utilizados frequentemente em conjunto de variáveis que são de relevância para o melhoramento (CRUZ, 2013; OLIVEIRA et al., 2021). Essas técnicas podem ser usadas para explorar relacionamentos, classificação e previsão de parâmetros dentro de conjuntos de dados complexos, pois as conclusões são mais realistas, significativas e precisas (BOHM et al., 2013).

2. OBJETIVO GERAL

Realizar o screening para selecionar genótipos de trigo visando tolerância a seca em condições tropicais a partir de características agronômicas e fisiológicas.

2.1. Objetivos específicos

- a. Avaliar os impactos do déficit hídrico nas características agronômicas de genótipos de trigo tropical;
- b. Analisar as variáveis bioquímicas para avaliar os efeitos do déficit hídrico nos genótipos de trigo;
- c. Avaliar as trocas gasosas para quantificar o efeito do déficit hídrico no trigo;
- d. Fenotipar e selecionar os genótipos de trigo quanto à tolerância ao estresse por seca com índice de seleção e análise biplot;

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Histórico da cultura do trigo

O trigo pertence à tribo botânica *Triticeae* da família das gramíneas *Poaceae* (SNAPE; PÁNKOVÁ, 2013). O *Triticum aestivum* é uma espécie hexaplóide ($2n = 42$) resultado de dois eventos de interespecíficos de hibridação natural, cada um acompanhado de poliploidização, o primeiro ocorrendo entre os genomas de *Triticum urartu* (AuAu) e *Aegilops speltoides* (BB) para produzir o alotetraploide do trigo selvagem *Triticum turgidum* (AuAuBB), onde a var. *dicoccoides* com *Aegilops tauschii* (genoma DD) resultou no trigo cultivado (AABBDD) (BERKMAN et al., 2013; CHANTRET et al., 2005; PENG et al., 2011; EL BAIDOURI et al., 2017).

A história da domesticação do trigo remete a 10.000 anos atrás, como parte da 'Revolução Neolítica', tendo papel crucial na ascensão da agricultura moderna juntamente com a história humana (MARCUSSEN et al., 2014). As evidências arqueológicas sugerem que a domesticação inicial ocorreu na região das cadeias de montanhas que ladeavam as planícies da Mesopotâmia e no deserto da Síria (SNAPE; PÁNKOVÁ, 2013).

A domesticação do trigo foi governado, em grande parte, pelo gene *Q* (localizado no braço longo do cromossomo 5A) na qual possibilitou transformações nas características genéticas, morfológicas e fisiológicas, como espiga indeiscentes facilitando a colheita, perda de glumas duras facilitando a debulha livre, aumento no tamanho das sementes, número reduzido de afilhos, crescimento mais ereto e dormência reduzida das sementes, e além disso, o maior rendimento de grãos e melhora nos componentes do rendimento do trigo (DUBCOVSKY; DVORAK, 2007; PELEG et al., 2011; PENG; SUN; NEVO, 2011; SIMONS et al., 2006; TANNO; WILLCOX, 2006).

Modificações adicionais na planta de trigo ocorreram durante a domesticação e reprodução subsequente em relação ao tamanho das sementes (sementes maiores em espécies domésticas), ao tipo de fileira de grãos (mais fileiras em algumas espécies domesticadas), planta, altura, dureza do grão, perfilhamento, dormência das sementes, fotoperíodo, vernalização e data do florescimento (KILIAN; MARTIN; SALAMINI, 2010).

O trigo hexaplóide foi disperso pelos primeiros agricultores tanto para a Europa e Ásia, através da região dos Balcãs e o Gansu na China via Rússia (BONJEAN; ANGUS, 2011; DODSON et al., 2013). Na América, o trigo foi introduzido no século XVI pelos colonizadores europeus e em 1534 o donatário Martim Afonso de Sousa trouxe as primeiras sementes para

Capitania de São Vicente no Brasil, caracterizado como um dos primeiros países a cultivar trigo (CAFÉ et al., 2003).

Atualmente o trigo é a principal cultura de inverno no Brasil, com cultivo concentrado na região Sul e em expansão para os estados de São Paulo, Minas Gerais e Mato Grosso do Sul (MINGOTI; HOLLER; SPADOTTO, 2014). O deslocamento do cultivo de trigo para a região do cerrado vem sendo possibilitado com a irrigação (CAMPONOGARA et al., 2014), uso de cultivares tolerantes (CHAGAS et al., 2020), sistema de plantio direto (MOREIRA et al., 2018) e inoculação de rizobactérias associada à aplicação de nitrogênio (GALINDO et al., 2017).

3 2 Importância mundial e no Brasil do Trigo

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é considerado um dos alimentos base na história da civilização humana e além disso possui a capacidade de produzir produtos alimentícios mais convenientes ao “estilo de vida ocidental” (SHEWRY; HEY, 2015). A versatilidade do trigo somado a variedade de componentes essenciais e benéficos para a dieta humana permitiu seu consumo em todo o mundo, esclarecendo a crescente demanda global por trigo ao longo dos anos (IGREJAS; BRANLARD, 2020).

Desde preparação de pães, macarrão e biscoitos, o trigo pode ser empregado na fabricação de cerveja, álcool ou combustível de biomassa (ZHENG et al., 2019). A variabilidade de produtos alimentícios pode ser explicada em parte devido a farinha de trigo ser uma importante fonte das proteínas do glúten que formam massa, portanto a cultura é parte essencial na maior parte da população mundial e é proeminente no comércio mundial (UTHAYAKUMARAN; WRIGLEY, 2017).

O trigo é contado entre as grandes culturas do mercado mundial de cereais, com estimativa de 773,6 milhões de toneladas na safra de 2020/2021, um aumento de 1,15% em relação à safra anterior (FAO, 2020). No Brasil, segundo o levantamento da Abitrigo (Associação Brasileira da Indústria do Trigo) a estimativa para o consumo brasileiro no ano de 2019/20 foi de 12,1 milhões de toneladas. Enquanto que, a produtividade média brasileira foi de 2.644 kg ha⁻¹ totalizando a produção de 6.183 milhões de toneladas de trigo na safra 2020 (CONAB, 2020). Diante desse cenário, a taxa de consumo de trigo supera a produção nacional, necessitando realizar a importação de trigo de outros países.

O cultivo de trigo no Brasil está concentrado nas regiões sul, centro-oeste e sudeste, cujos os estados com maior área plantada são o Rio Grande do Sul, Paraná e Santa Catarina (OLIVEIRA NETO; SANTOS, 2017). A região sul apresenta as melhores condições para o

desenvolvimento do trigo e assim os estados do Rio Grande do sul e Paraná são os maiores produtores em escala comercial e industrial do cereal (CONAB, 2020). Pasinato et al., (2018) ao mapear o bioma do Cerrado no Brasil Central observou o grande potencial para expansão da triticultura nacional, com aproximadamente 2,7 milhões de área favoráveis e com melhor combinação de fatores climáticos que satisfazem o desenvolvimento da cultura.

3 3 Desafio de produção do trigo no Cerrado brasileiro

As plantas estão expostas a vários estresses ambientais durante o crescimento e desenvolvimento em condições naturais e agrícolas. Dentre estes, o déficit hídrico é um dos estresses abióticos mais severos que afetam a produtividade das plantas. Que pode ser definido como uma escassez de água que induz mudanças morfológicas, bioquímicas, fisiológicas e moleculares.

A severidade desse estresse reside no fato que cerca de 80-95% da biomassa fresca do corpo da planta é composta de água, que desempenha um papel vital em vários processos fisiológicos, incluindo muitos aspectos do crescimento, desenvolvimento e metabolismo das plantas (ANJUM et al., 2011). A seca prejudica o crescimento normal, perturba as relações hídricas e reduz a eficiência do uso da água nas plantas (FAROOQ et al., 2012).

No trigo, o déficit hídrico é reconhecido como um dos principais estresses abióticos que afeta a produção, qualidade do grão e rendimento (KUMAR et al., 2018; LANDI et al., 2017; TOUNSI; FEKI; BRINI, 2019). Para os próximos anos em virtude das mudanças climáticas com eventos de seca mais frequentes é previsto uma redução de 22% na produção mundial do trigo, levantando preocupações e incertezas em torno da segurança alimentar futura (LI et al., 2019; MAMRUTHA et al., 2019).

No caso do Brasil, o cultivo em sequeiro no Cerrado ocorre entre os meses de fevereiro a julho, onde a falta de precipitação pode ocorrer no final do espigamento e florescimento, ou o que geralmente ocorre no início do enchimento e maturação de grãos (SOUZA; VIEIRA FILHO, 2020). Esses estágios de desenvolvimento são os mais suscetíveis ao déficit hídrico na cultura do trigo (TRNKA et al., 2014).

Para Akter e Rafiquil Islam (2017), possíveis estratégias que melhorem o cultivo do trigo diante desse estresse devem se basear em abordagens como uma boa gestão genética e agrônômica, que incluem a triagem de germoplasma disponível que apresente tolerância aos estresses abióticos em ensaios de campo.

Contudo, a dificuldade dos programas de melhoramento do trigo para a melhoria da tolerância consiste na natureza complexa das características e respostas da planta, bem como, a variedade dos estresses abióticos que ocorrem simultaneamente em uma única safra (SRIVASTAVA, 2019). Assim, cultivares com maior tolerância a estresse hídrico ainda são um desafio que envolve muito tempo e trabalho com famílias multigênicas que governam os mecanismos moleculares e fisiológicos (ABHINANDAN et al., 2018).

3 4 Déficit hídrico

A seca é um dos principais estresses responsáveis pelas perdas no rendimento e produção agrícola mundial, devido a planta depender muito da função e propriedade da água para o metabolismo e crescimento vegetal (ASLAM; KHATTAK; AHMED, 2017). A capacidade das plantas de resistir às condições de seca é importante para a produção agrícola em todo o mundo (FEI et al., 2017).

O estresse por seca ocorre quando a oferta de água é incapaz de atender à demanda, resultando em estresse da planta (SWANN, 2018). O déficit hídrico regula direta ou indiretamente vários processos bioquímicos, fisiológicos e morfológicos (Figura 1). E comprometendo desenvolvimento das plantas e em seus diferentes estágios de crescimento, absorção e transporte de água e nutrientes, fotossíntese, respiração, transpiração e translocação de assimilados (HASANUZZAMAN et al., 2018).



Figura 1. Imagem ilustrativa das alterações morfológicas, fisiológicas e bioquímicas provocadas pelo

déficit hídrico na planta de trigo. Elaborado pelo próprio autor. EROS = espécies reativas de oxigênio.

O sistema radicular é o primeiro órgão da planta a sentir uma limitação do suprimento de água, graças a um conjunto de sensores específicos (WASSON et al., 2012). Uma das sinalizações iniciais da planta em resposta a seca é o aumento nos níveis de ácido abscísico, uma pequena molécula chave responsável pelo fechamento estomático através da regulação da pressão osmótica das células-guarda (HELANDER; VAIDYA; CUTLER, 2016; GEIGER et al., 2009).

Com o fechamento estomático ocorre a restrição das trocas gasosas levando à repressão da atividade fotossintética, fluxo de transpiração e condutância estomática (BLUM, 2015; DASZKOWSKA-GOLEC, 2013). Com as reduções na assimilação de carbono resultam em um desequilíbrio entre a excitação de elétrons e a utilização através da fotossíntese, o que resulta na produção de espécies reativas de oxigênio (EROS), e estas danificam membranas celulares, proteínas e ácidos nucleicos, causando estresse oxidativo (REDDY; CHAITANYA; VIVEKANANDAN, 2004).

Com a limitação de água a absorção de nutrientes pelo o sistema radicular também é comprometida, e assim a absorção de nutrientes importantes para o desenvolvimento da planta é diminuída. O potássio é um importante elemento nutriente que afeta significativamente o peso de grãos e a produtividade dos cereais (BRENNAN; BOLLAND, 2009). No déficit hídrico, a diminuição de absorção de potássio pode diminuir algumas atividades de enzimas dependentes de K (YANG et al., 2009), perturbar o metabolismo fisiológico da planta, ativa vias de sinalização celular sobrepostas e respostas celulares, como a redução da produção de clorofila e da capacidade fotossintética (SALA et al., 2010). Além disso, em situações de déficit hídrico a deficiência de K é acentuada nas razões alteradas entre o potássio e sódio (K^+ / Na^+) (MUNNS; TESTER, 2008). A alteração da relação K^+ / Na^+ deve-se ao aumento do influxo de Na^+ , através de vias que geralmente funcionam para o influxo de K^+ , pois os raios iônicos de Na^+ e K^+ em suas formas hidratadas são semelhantes, dificultando a discriminação entre os dois íons (KEISHAM et al., 2018)

As respostas comuns das plantas também incluem regulação negativa de genes codificadores de proteínas envolvidos na expansão da parede celular, DNA e síntese de proteínas (SKIRYCZ; INZE, 2010), destruição do aparelho fotossintético e material clorofilado (WARAICH et al., 2011), reduções na produção de biomassa e no rendimento das culturas (VARSHNEY; TUBEROSA; TARDIEU, 2018).

Os mecanismos de tolerância a seca incluem indução hormonal, sinalização da cascata de quinases, regulação da expressão gênica, eliminação de espécies reativas de oxigênio (EROS), síntese de osmólitos, modulação da estrutura celular, ativação de canais iônicos, metabolismo de carboidratos e energia, assimilação de nitrogênio e metabolismo de aminoácidos, bem como como metabolismo de ácidos graxos (WANG et al., 2016; KOSOVÁ et al., 2015).

Alguns dos principais osmólitos que se acumulam nas plantas em déficit hídrico incluem compostos como a prolina (Pro), que tem seu acúmulo causado principalmente por aumento da síntese de ácido glutâmico (RAO et al., 2020). A prolina atua como osmoprotetor, funciona como um estabilizador de proteína e um sequestrador de radical hidroxila, estabiliza as membranas celulares pela interação com fosfolipídios (KAVI KISHOR et al., 2005), funciona como uma reserva de nitrogênio orgânico que pode ser usada durante toda a fase de recuperação do estresse (SAIRAM; TYAGI, 2004), além de proteger os cloroplastos, as mitocôndrias e o DNA do dano oxidativo (FAROOQ et al., 2009).

Os compostos fenólicos (Fenol) também é uma das mais importantes enzimas intermediárias entre o metabolismo primário e secundário em plantas em déficit hídrico. A síntese de compostos fenólicos ocorre em uma via bioquímica denominada fenilpropanóide, que se inicia com a atividade da fenilalanina amônia-liase (LI et al., 2017). Seu papel contribui no alívio de EROS sob déficit hídrico (NADERI et al., 2020), tem efeito protetor sobre o aparelho fotossintético (potencial de absorção de radiação) (HURA et al., 2009); atuam como antioxidantes (WROBEL et al., 2005). A capacidade antioxidante dos ácidos fenólicos se deve à sua capacidade de sequestrar radicais livres, doar átomos de H ou elétrons ou quelar íons metálicos, o que é ainda influenciado pelo número e posição dos grupos hidroxila em relação ao grupo funcional carboxila (AMAROWICZ et al., 2004).

3 5 Melhoria para tolerância à seca

A seca é de longe o estresse ambiental mais importante na agricultura, e muitos esforços têm sido feitos para melhorar o rendimento das culturas sob condições de escassez de água. Muitas pesquisas fundamentais fizeram progressos significativos na compreensão das respostas fisiológicas e moleculares das plantas à escassez de água, mas uma grande lacuna permanece entre os rendimentos sob condições ótimas e de estresse (CATTIVELLI et al., 2008).

Nesse sentido, nas últimas décadas as pesquisas tem sido voltadas na busca de aspectos moleculares da tolerância ao estresse que permitam selecionar/desenvolver novas variedades

através do melhoramento que sejam tolerantes e possam produzir ótimos rendimentos (CHATER; COVARRUBIAS; ACOSTA-MASPONS, 2019; VARSHNEY; TUBEROSA; TARDIEU, 2018).

Uma vez que, as técnicas convencionais de melhoramento não são suficientes para fornecer resistência de longo prazo contra estresse hídrico (SHINWARI et al., 2020). A fenologia e a tolerância a seca são poligênicas, necessitando do ajuste contínuo das frequências alélicas em muitos locais, que forneça um fluxo constante de cultivares incrementadas (ATLIN; CAIRNS; DAS, 2017). E o entendimento da complexidade da sinalização, fatores de transcrição, hormônios e metabólitos secundários produzidos pela planta sob déficit hídrico podem possibilitar o sucesso no melhoramento (LAMAQUI et al., 2018).

Por isso, para a tolerância ao déficit hídrico no trigo é necessário decifrar a complexidade e plasticidade das características fisiológicas e genômicas que informações inadequadas sobre sua complexidade tornaram difícil identificar características fisiológicas específicas necessárias para melhorar o desempenho das culturas (NEZHADAHMADI et al., 2013).

Muitos índices têm sido empregados para avaliar e auxiliar no entendimento da complexidade e plasticidade das respostas das plantas quando submetidas ao déficit hídrico. Esses índices podem ser classificados em índices únicos, múltiplos e compostos (SVOBODA, 2009). No caso do índice composto, é considerado como uma agregação de vários índices de seca em um único índice de modo que seja capaz de explicar as informações contidas em variáveis multivariadas de seca (RAJSEKHAR et al., 2015).

A análise de componentes principais é um índice composto que combina variáveis por meio de um método linear, capaz de explicar a variância entre um grande número de variáveis através de alguns componentes principais (WILKS, 2011). A análise GT biplot é geralmente também utilizada pelos melhoristas nos últimos anos, permite a visualização da correlação genética entre as características também auxilia no estudo das relações genótipo por características e avaliação de genótipos com base em características múltiplas (AKCURA; KOKTEN, 2017). E ainda o índice da distância genótipo-ideótipo também vem auxiliando como uma abordagem para cálculo de um genótipo mais próximo do que pode ser considerado ideal, e se baseia no cálculo da dissimilaridade dos genótipos avaliados em relação ao ideótipo (MARINHO et al., 2014).

4. MATERIAL E METÓDOS

Condução do experimento

Os experimentos foram realizados na Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Minas Gerais, no campo experimental Professor Diego Alves de Mello (lat 20° 45 '14' 'S, long 42° 52' 55 " W, alt 648 m de altitude). O solo é classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo, antigo Podzólico Vermelho-Amarelo (EMBRAPA, 2006).

Foram utilizados 18 genótipos provenientes do Programa de Melhoramento de Trigo da UFV (Programa Trigo UFV) em fase de valor de cultivo e uso (VCU), e duas testemunhas (BRS 264 – sensível ao déficit hídrico; TBIO Aton – tolerante ao déficit hídrico) (Tabela 1).

Tabela 1. Descrição dos genótipos de trigo utilizados na fenotipagem para tolerância a seca.

Obs	Genótipos	Obtentor	Etapa
1	VI 130679	Programa Trigo	VCU
2	VI 130755	Programa Trigo	VCU
3	VI 130758	Programa Trigo	VCU
4	VI 131313	Programa Trigo	VCU
5	VI 14001	Programa Trigo	VCU
6	VI 14026	Programa Trigo	VCU
7	VI 14050	Programa Trigo	VCU
8	VI 14055	Programa Trigo	VCU
9	VI 14118	Programa Trigo	VCU
10	VI 14426	Programa Trigo	VCU
11	VI 14668	Programa Trigo	VCU
12	VI 14774	Programa Trigo	VCU
13	VI 14867	Programa Trigo	VCU
14	VI 14950	Programa Trigo	VCU
15	VI 14980	Programa Trigo	VCU
16	VI 9007	Programa Trigo	VCU
17	BRS 264	EMBRAPA	Cultivar comercial
18	TBIO Aton	Biotrigo Genética	Cultivar comercial

Anteriormente a implantação dos experimentos, foi realizada a determinação da retenção de água no solo. A princípio, foram enviadas ao laboratório de análises de solos (Departamento de Solos – Universidade Federal de Viçosa), as amostras coletadas de 0-10 e 10-20 cm de profundidade de ambas as áreas. Os resultados obtidos consistiram em: -10kpa = 0,391 kg/kg; -30kpa = 0,35kg/kg; -50kpa = 0,327kg/kg; -100kpa = 0,294kg/kg; -300kpa = 0,274kg/kg; -1500kpa = 0,234kg/kg.

Para o monitoramento da umidade do solo foram tomadas coletas de solo nas profundidades de 0-10 e 10-20 cm em 10 pontos de cada área a cada dois dias. As amostras de solo, em seguida, foram pesadas (peso do solo úmido – P1) e secadas em estufa com circulação de ar de 60°C. Após 48h, amostras foram pesadas novamente (peso do solo seco – P2) para a determinação da quantidade de água no solo ($U\% = ((P1 - P2) / P2) \times 100$).

Os experimentos foram implantados no mês de junho/2020, sendo que o controle (C) e sequeiro (S) tiveram a diferença uma semana de implantação e distância de áreas de aproximadamente 20m. A irrigação de ambas os ambientes foram realizados por meio de aspersão respeitando a demanda da cultura e capacidade de retenção de água no solo. A restrição hídrica foi aplicada através da suspensão da irrigação no ambiente sequeiro, no período emborrachamento até o final da antese. Os experimentos foram colhidos em setembro/2020.

As condições climáticas durante o período de condução do experimento foram monitoradas pela estação meteorológica convencional de Viçosa instalada no Campus da Universidade Federal de Viçosa (UFV, 2020) (Figura 2).

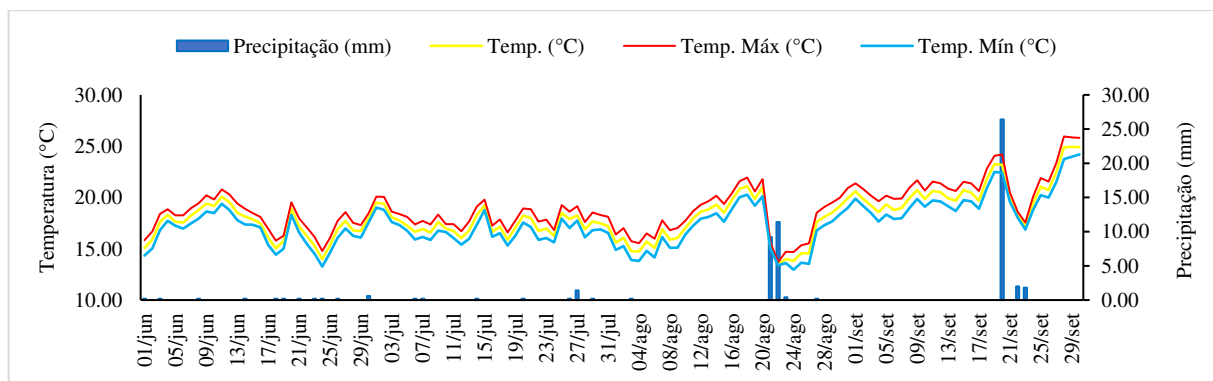


Figura 2. Dados climatológicos registrados durante o período de avaliação dos genótipos de trigo em condições semiáridas (junho 2020 á setembro de 2020). Eixo vertical à esquerda: Temp – temperatura média (°C), Temp. Máx. – Temperatura média (°C), Temp. Mín. – Temperatura mínima (°C). Eixo vertical à direita: Precipitação pluviométrica média (mm).

Delineamento experimental

O delineamento experimental foi em blocos ao acaso com três repetições, sendo as parcelas experimentais compostas por cinco linhas de 5 m, com espaçamento de 0,20 m entre linhas e densidade de 350 sementes por m² (Figura 3). Na adubação da área experimental, foram aplicados 110 Kg ha⁻¹ de ureia, dividido em duas épocas: metade da dose no início do

afilamento e o restante no início do emborrachamento. O controle de plantas daninhas foi realizado com herbicida ALLY® 5 g por hectare e 2,4-D 500 ml por hectare.

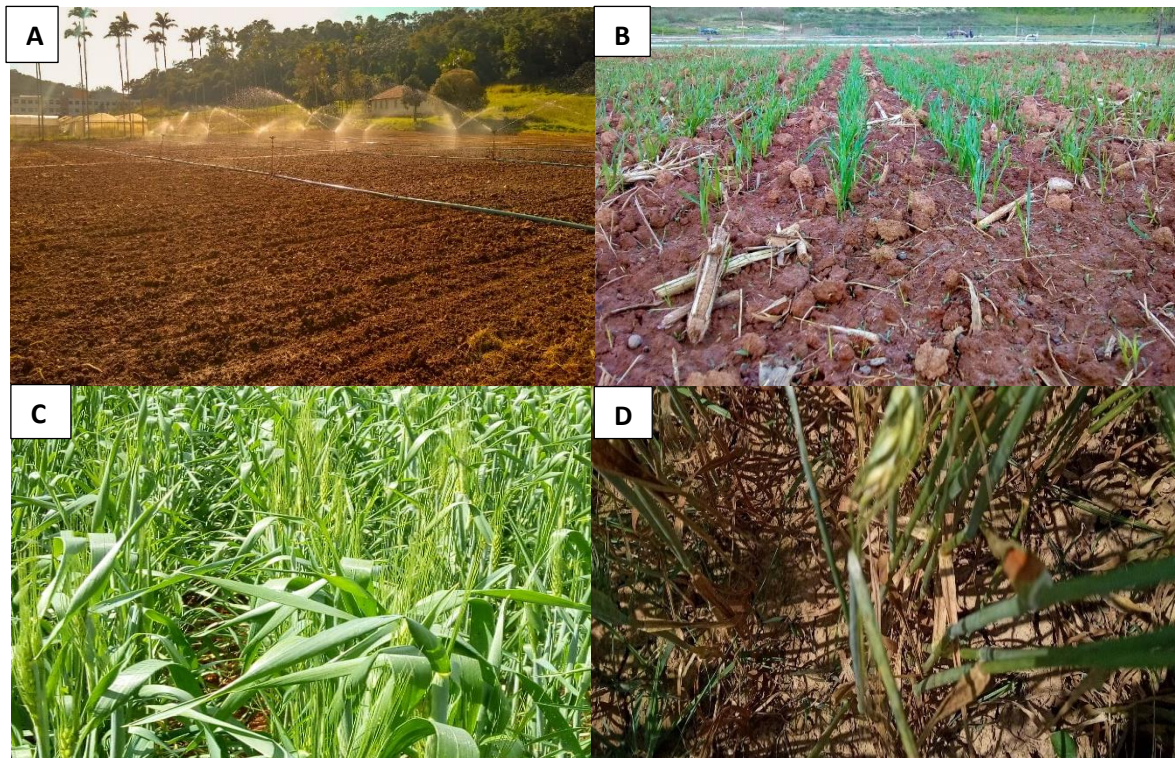


Figura 3. Registros fotográficos durante a condução dos ambientes controle e sequeiro. A) Irrigação no campo experimental após o plantio. B) Crescimento das plantas de trigo. C) Ambiente controle. D) Ambiente sequeiro.

Caracteres avaliados

Trocas gasosas

As trocas gasosas foram avaliadas em duas fases do experimento: 1) sete dias após o início do déficit hídrico 2) após 19 dias de restrição hídrica. A mensuração das trocas gasosas foram realizadas nas folhas bandeiras totalmente expandidas de três plantas em cada repetição, entre 08:00 e 11:00h usando um analisador de gás infravermelho portátil de CO₂/H₂O (IRGA) (LCPro +, ADC Bioscientific Ltd., Hoddesdon, UK), tendo uma ampla câmara foliar destacável (LCpro-32070) com sensor PAR (silício sensor baseado, LCpro-32070) e sonda de termistor de folha (ADC, M.PLC-011).

As medições foram feitas mantendo as seguintes condições: um PAR saturante de 1000 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ fornecido por uma fonte de luz LED (LCpro Lamp 32070-Broad, ADC

Bioscientific Ltd. UK), temperatura do ar de 25-26 °C, concentração de CO₂ de 400 μmol mol⁻¹ para plantas cultivadas com CO₂ elevado e ambiente respectivamente e umidade relativa de 55–60%. Os dados fornecidos pelo equipamento foram: taxa de transpiração (*E1* e *E2*), condutância estomática (*gs1* e *gs2*), taxa fotossintética (*A1* e *A2*) e concentração de carbono interno (*Ci1* e *Ci2*). A eficiência do uso da água no nível da folha (*EUA1* e *EUA2*) foi calculada a partir dos dados de troca gasosa dividindo a taxa fotossintética pela taxa de transpiração (*A/E*), enquanto que a eficiência de carboxilação (*EiC1* e *EiC2*) é o quociente da divisão entre taxa fotossintética e concentração interna de carbono (*A/Ci*).

Análises bioquímicas

Após 19 dias do início da restrição hídrica, foram retiradas folhas bandeiras de trigo de cada repetição e em seguida congeladas e liofilizadas por 48 horas, em liofilizador marca Liotop (modelo L101) com temperatura de trabalho de -55°C. Logo após, foi realizada a moagem em moinho analítico. Foram determinados: compostos fenólicos (fenol) (SINGLETON, ORTHOFER e LAMUELARAVENTÓS et. al. 1999), capacidade antioxidante pelo método ABTS (ABTS - [2,2'-azino-bis(3-etilbenzotiazolin)6-ácido sulfônico]) (RUFINO et al., 2010), capacidade antioxidante pelo método FRAP (FRAP) (RUFINO et al., 2010), concentração de prolina (PRO) (BATES et al., 1973, modificado por Torello & Rice, 1986), concentração de amônio (WEATHERBURN et. al., 1967), teores de potássio (MALAVOLTA, 1997) e sódio (EMBRAPA, 2009).

Análises agronômicas

Na fase da pós-colheita, foram contabilizados o peso de 100 grãos (M100, g) e a produtividade de grãos (PROD, kg ha⁻¹) com ajuste para 13% de umidade em todas as parcelas, com auxílio de uma balança de precisão. O peso do hectolitro (PH, kg L⁻¹) foi determinado de acordo com uma balança específica adquirida da marca Dalle Molle.

Análises estatísticas

Análise individual: os dados dos caracteres das 16 linhagens e duas testemunhas de trigo foram avaliados inicialmente para cada ambiente (controle e sequeiro), conforme o seguinte modelo:

$$y_{ij} = \mu + g_i + r_j + \epsilon_{ij}$$

Em que: y_{ij} é o valor observado do genótipo i no bloco j , μ é a média geral do experimento; g_i é o efeito do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, 18$); r_j é o efeito da repetição j ($j = 1, 2$ e 3); ε_{ij} é o erro aleatório associado à observação y_{ij} .

Análise conjunta: em seguida, foi realizada a análise dos experimentos sequeiro e irrigado. e adotou-se o seguinte modelo:

$$Y_{ilj} = \mu + g_i + al + b/alj + gail + \bar{\varepsilon}_{ilj}$$

Em que: Y_{ilj} é o valor observado do genótipo i na repetição j , dentro do ambiente l ; μ é a média geral do experimento; g_i é o efeito do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, 18$); al é o efeito do ambiente l ($l = 1, 2$); b/alj é o efeito da repetição j ($j = 1, 2, 3$) dentro do ambiente l ; $gail$ é o efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente l ; ε_{ilj} é o erro aleatório média associado à observação Y_{ilj} .

Havendo significância as médias foram agrupadas pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade de erro e os coeficientes de correlação linear de Pearson foram estimados. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software Genes (CRUZ, 2016).t

A partir dos dados foram também analisados os obtidos os seguintes parâmetros genéticos: herdabilidade média (\hat{h}_m^2); correlação intraclasses (r), coeficiente de variação genético (CVg %), coeficiente de variação experimental (CVe, %) e razão CVg/CV). Para selecionar os genótipos de trigo foi empregado o índice da distância genótipo-ideótipo por intermédio da metodologia citada por Cruz (2006). O critério de seleção utilizado foi a redução dos caracteres gs e E , e o aumento para Prod, M100, PH, K, Na, Amo, Pro, Fenol, ABTS, FRAPs, A, Ci, EUA e EiC. Adotaram-se peso econômico igual a 3 para os componentes de rendimento de grãos (Prod, M100 e PH), igual a 2 para a eficiência dos parâmetros das trocas gasosas (EUA e EiC) e peso igual a 1 para as demais características.

As análises genéticas, de componentes principais e o índice de distância genótipo-ideótipo foram processadas por meio do Programa Computacional em Genética e Estatística – Programa GENES (CRUZ, 2016). Para o método GT Biplot foram usadas médias de cada variável, e as figura geradas os GT Biplot no software R (RDevelopment Core Team, 2014), com o pacote “GGEBiplotGUI”.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise de variância

A análise de variância para o ambiente controle encontra-se na Tabela 2. Houve diferença significativa entre os genótipos para as variáveis M100, Fenol, ABTS, FRAP, Pro, K, Na, *Ci2* e *EiC2*. A maioria das características avaliadas obteve baixa estimativa de erro experimental (PIMENTEL-GOMES, 1991), com exceção para Amo ($\geq 30\%$).

No caso do ambiente sequeiro, houve diferença significativa entre os genótipos para as características Prod, M100, PH, fenol, ABTS, FRAP, Pro, K, Na, *Ci2*, *E2*, *A2* e *EiC2*. O coeficiente de variação no ambiente sequeiro apresentou variação de 2,3% a 24,8%, com classificação de baixa a alta (PIMENTEL-GOMES, 1991).

As magnitudes dos quadrados médios em S foram, em geral, maiores do que em C. Isto sugeriu que a expressão ou variabilidade foi aumentada sob condições de déficit hídrico. Resultados semelhantes foram encontrados por Elwada-Abou e Shehzad (2021), ao estudar a diversidade genética em *Triticum aestivum* L. submetidas a déficit hídrico.

Na análise de variância conjunta (Tabela 3), houve interação significativa entre os genótipos para as variáveis Prod, M100, PH, Fenol, ABTS, FRAP, Pro, Amo, K, Na, *E1*, *Ci2*, *EUA2* e *EiC2*. Enquanto entre os ambientes as variáveis que apresentaram diferença significativa Prod, M100, PH, Fenol, ABTS, FRAP, Pro, Amo, K e Na. Para a interação genótipo x ambiente (G x A), houve diferença significativa para os caracteres Prod, M100, PH, Fenol, ABTS, FRAP, Pro, Amo, K, Na e *EiC2*, indicando a presença de considerável variação genética que poderia ser explorada para melhorar a produtividade e a tolerância à seca. O coeficiente de variação na análise conjunta variou entre 2,33% a 24,75% (baixa a alta) (PIMENTEL-GOMES, 1991).

Tabela 2. Resumo da análise de variância, médias e coeficientes de variação (CV%) dos caracteres avaliados para 16 genótipos e 2 testemunhas de trigo no ambiente controle e sequeiro.

	Análise de variância - Quadrados médios									
	Controle					Sequeiro				
	Blocos	G	Resíduo	MG	CV (%)	Blocos	G	Resíduo	MG	CV (%)
GL	2	17	34			2	17	34		
Prod	323642,1	709083,5 ^{ns}	405467,6	4265,7	14,9	480617	857691,5 ^{**}	178960,3	3723,7	11,4
m100	0,04	0,6 ^{**}	0,1	3,9	9,7	0,2	0,8 ^{**}	0,1	3,8	7,4
PH	6,1	10,0 ^{ns}	5,6	73,7	3,2	16,1	12,9 ^{**}	2,9	73,9	2,3
fenol	3,4	6,9 ^{**}	1,5	23,6	5,2	0,4	17,8 ^{**}	1,2	26,8	4,1
ABTS	16,9	331,7 ^{**}	23,5	67,4	7,2	5,8	571,5 ^{**}	14,9	67,5	5,7
FRAP	60,5	406,2 ^{**}	20,1	61,7	7,3	2,0	660,7 ^{**}	10,1	79,5	4,0
Pro	1312,9	837289,1 ^{**}	3212,7	701,0	8,1	3149,2	1282255,6 ^{**}	2408,9	1103,5	4,5
K	0,1	161,7 ^{**}	0,9	26,4	3,7	0,5	329,9 ^{**}	1,5	30,4	4,1
Na	0,0	0,0 ^{**}	0,0	1,8	0,5	0,0	0,5 ^{**}	0,0	2,1	6,1
Amo	6,6	3,9 ^{ns}	4,1	9,2	22,1	4,3	9,6 ^{ns}	7,9	11,4	24,8
Ci1	723,1	146,4 ^{ns}	123,2	292,1	3,8	550,2	473,7 ^{ns}	280,8	282,7	5,9
E1	26,2	1,4 ^{ns}	0,8	5,9	15,3	15,2	1,5 ^{ns}	1,1	4,9	20,7
gs1	0,1	0,0 ^{ns}	0,0	0,5	26,7	0,1	0,0 ^{ns}	0,01	0,4	23,6
A1	18,2	6,6 ^{ns}	4,2	18,2	11,2	33,3	5,5 ^{ns}	7,2	16,9	15,8
EUA1	9,7	0,2 ^{ns}	0,3	3,2	16,0	1,6	0,5 ^{ns}	0,5	3,6	19,2
EiC1	0,0	0,0 ^{ns}	0,0	0,1	14,0	0,0	0,0 ^{ns}	0,0	0,6	18,4
Ci2	441,6	538,7 ^{**}	163,4	303,7	4,2	1540,9	723,2 ^{**}	257,5	301,8	5,3
E2	17,6	0,9 ^{ns}	1,0	6,5	15,4	25,8	1,43 [*]	0,6	5,3	14,9
gs2	0,1	0,0 ^{ns}	0,0	0,5	30,1	0,0	0,01 ^{ns}	0,0	0,4	22,6
A2	11,7	6,9 ^{ns}	5,4	14,9	15,6	11,7	21,9 ^{**}	5,3	13,8	16,7
EUA2	1,6	0,5 ^{ns}	0,2	2,4	18,8	9,8	0,6 ^{ns}	0,4	2,7	21,7
EiC2	0,0	0,0 [*]	0,0	0,1	16,0	0,0	0,0 ^{**}	0,0	0,1	17,9

G = genótipos, MG = média geral, CV(%) = coeficiente de variação, Prod= produtividade, M100 = massa de grãos, PH = peso hectolitro, Fenol = compostos fenólicos, ABTS = capacidade antioxidante pelo método ABTS, FRAP = capacidade antioxidante pelo método FRAP, Pro= prolina, K = potássio, Na = sódio, Amo = concentração de amônio, ci1 e ci2 = concentração de carbono interno, E1 e E2 = taxa de transpiração, gs1 e gs2 = condutância estomática, A1 e A2 = taxa fotossintética, EUA1 e EUA2 = eficiência do uso de água, EiC1 e EiC2 = eficiência de carboxilação.* significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; ** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns não significativo pelo teste F.

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta, médias e coeficientes de variação dos caracteres avaliados para 16 genótipos e 2 testemunhas de trigo.

F.V./Car.	Análise Conjunta (C+S) Quadrados médios					
	Genótipo (G)	Ambiente (A)	AxG	Resíduo	Média	CV(%)
GL	17	1	17	68		
Prod	1619335,7*	5428420,1**	458710,6 ^{ns}	424528,9	3947,9	16,50
m100	1,4**	0,0**	0,3 ^{ns}	0,3	3,8	13,07
PH	60,3 ^{ns}	63,5 ^{ns}	49,3 ^{ns}	56,6	73,1	10,29
fenol	24,6*	357,2**	9,4 ^{ns}	7,0	24,9	10,60
ABTS	641,4 ^{ns}	61,4 ^{ns}	329,2**	65,2	66,7	12,10
FRAP	595,9 ^{ns}	9885,6**	463,9**	65,7	69,9	11,59
Pro	1858531,3**	4458494,2**	273702,5**	3279,2	900,4	6,36
Amo	4,7 ^{ns}	136,8**	8,78 ^{ns}	6,0	10,3	23,88
K	298,3 ^{ns}	442,3**	193,2**	1,2	28,4	3,92
Na	0,3 ^{ns}	1,6**	0,3**	0,0	1,9	4,58
Ci1	397,2 ^{ns}	2385,1 ^{ns}	222,9 ^{ns}	201,9	287,3	4,9
E1	2,4**	27,3 ^{ns}	0,6 ^{ns}	0,9	5,4	17,8
gs1	0,0 ^{ns}	0,4 ^{ns}	0,0 ^{ns}	0	0,45	25,9
A1	6,5 ^{ns}	43,4 ^{ns}	5,6 ^{ns}	5,7	17,6	13,6
EUA1	0,5 ^{ns}	3,1 ^{ns}	0,2 ^{ns}	0,4	3,4	17,9
EiC1	0,0 ^{ns}	0,0 ^{ns}	0,0 ^{ns}	0	1,0	16,3
Ci2	995,8**	107,2 ^{ns}	266,1 ^{ns}	210,4	302,7	4,8
E2	1,1 ^{ns}	37,2 ^{ns}	1,2 ^{ns}	0,8	5,9	15,3
gs2	0,0 ^{ns}	0,1 ^{ns}	0,0 ^{ns}	0	0,4	27,3
A2	19,8 ^{ns}	34,9 ^{ns}	9,1 ^{ns}	5,4	14,4	16,2
EUA2	0,7*	3,8 ^{ns}	0,2 ^{ns}	0,3	2,5	20,6
EiC2	0,0*	0,0 ^{ns}	0,0*	0,0	0,0	16,9

F.V. = fontes de variação, Car = Caracteres, CV(%)= coeficiente de variação, Prod= produtividade, M100 = massa de grãos, PH = peso hectolitro, Fenol = compostos fenólicos, ABTS = capacidade antioxidante pelo método ABTS, FRAP = capacidade antioxidante pelo método FRAP, Pro= prolina, K = potássio, Na = sódio, Amo = concentração de amônio, Ci1 e Ci2 = concentração de carbono interno, E1 e E2 = taxa de transpiração, gs1 e gs2 = condutância estomática, A1 e A2 = taxa fotossintética, EUA1 e EUA2 = eficiência do uso de água, EiC1 e EiC2 = eficiência de carboxilação.* significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; ** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ns não significativo pelo teste F.

Análises agronômicas

O rendimento de grãos obteve diferença significativa ao déficit hídrico entre os genótipos (Figura 4A). Os genótipos VI 14001 (4310 Kg ha⁻¹) e VI 14980 (4093,33 kg ha⁻¹), foram classificados como os genótipos de maior rendimento sob condições de estresse hídrico, enquanto VI 14055 (4950 kg ha⁻¹) e VI 14867 (3403,3 kg ha⁻¹) foram o de menor rendimento. Na condição de controle, os genótipos com maiores rendimentos foram VI 14055 (4950 kg ha⁻¹) e VI 131313 (4946 kg ha⁻¹), enquanto os genótipos VI 14867 (3403,3 kg ha⁻¹) e VI 130758 (3513,3 kg ha⁻¹) obtiveram a menor produção de grãos. Em geral, sob condições C e S, o desempenho médio da testemunha BRS 264 superou a produtividade de grãos dos genótipos. Sob as condições de S, os genótipos VI 14980 (3,1%), VI 14668 (3,5%) e VI 14118 (9,7%) obtiveram os menores percentuais de perda de produtividade de grãos em relação ao controle, o que indica a estabilidade de produtividade sob as condições de C e S.

O déficit hídrico reduz o potencial de rendimento de grãos de trigo ao promover o desequilíbrio osmótico e assim a diminuição de produção de fotoassimilados (POUDEL et al., 2020), a redução no número de grãos (HASSAN; OGUNLELA; SINHA, 1987) e o peso dos grãos (SIELING et al., 1994). A seleção de genótipos com melhor rendimento de grãos sob condições de déficit hídrico e irrigado, permite que os genótipos mantenham classificações de alto rendimento em ambas as situações (MWADZINGENI et al., 2016b). Por isso, menor perda no percentual de rendimento de grãos significa metabolismo fisiológico proficiente para reter o teor de umidade durante a fase de estresse, revelando genótipos com potenciais traços de tolerância (AHMED et al., 2020).

Houve diferença significativa na M100 para os genótipos sob as condições C e S, bem como na análise C+S (Figura 4). Na condição C, os genótipos VI 14118 (4,4 g) e VI 14774 (4,3 g) apresentaram as maiores médias, enquanto as menores médias foram alcançadas pelos os genótipos VI 130755 (2,6 g) e VI 130758 (3,4 g). Em condição de S, os genótipos que obtiveram maiores médias foram VI 14867 (4,9 g) e VI 131313 (4,5 g), à medida que os genótipos VI 130755 (2,8 g) e VI 130758 (3,0 g) obtiveram as menores médias. Os resultados indicaram que 25,0% e 56,3% dos genótipos obtiveram médias superiores as testemunhas BRS 264 e Tbio Aton, respectivamente.

A massa de grãos de trigo é afetada severamente sob condição de déficit hídrico, a partir do momento da diminuição de fotossíntese e aumento na senescência foliar (THAPA et al., 2018), uma vez que a maioria dos assimilados translocados para grãos são fornecidos pela fotossíntese na folha bandeira, penúltimas folhas e espiga (ALLAHVERDIYEV;

JAHANGIROV; HUSEYNOVA, 2018). WASAYA et al, (2021) ao estudarem 14 genótipos de *Triticum aestivum* L, sob condição de déficit hídrico observaram a redução significativa na massa de grãos nos genótipos sensíveis, enquanto os genótipos tolerantes obtiveram aumento no acúmulo de fotoassimilados devido um melhor aparato fotossintético.

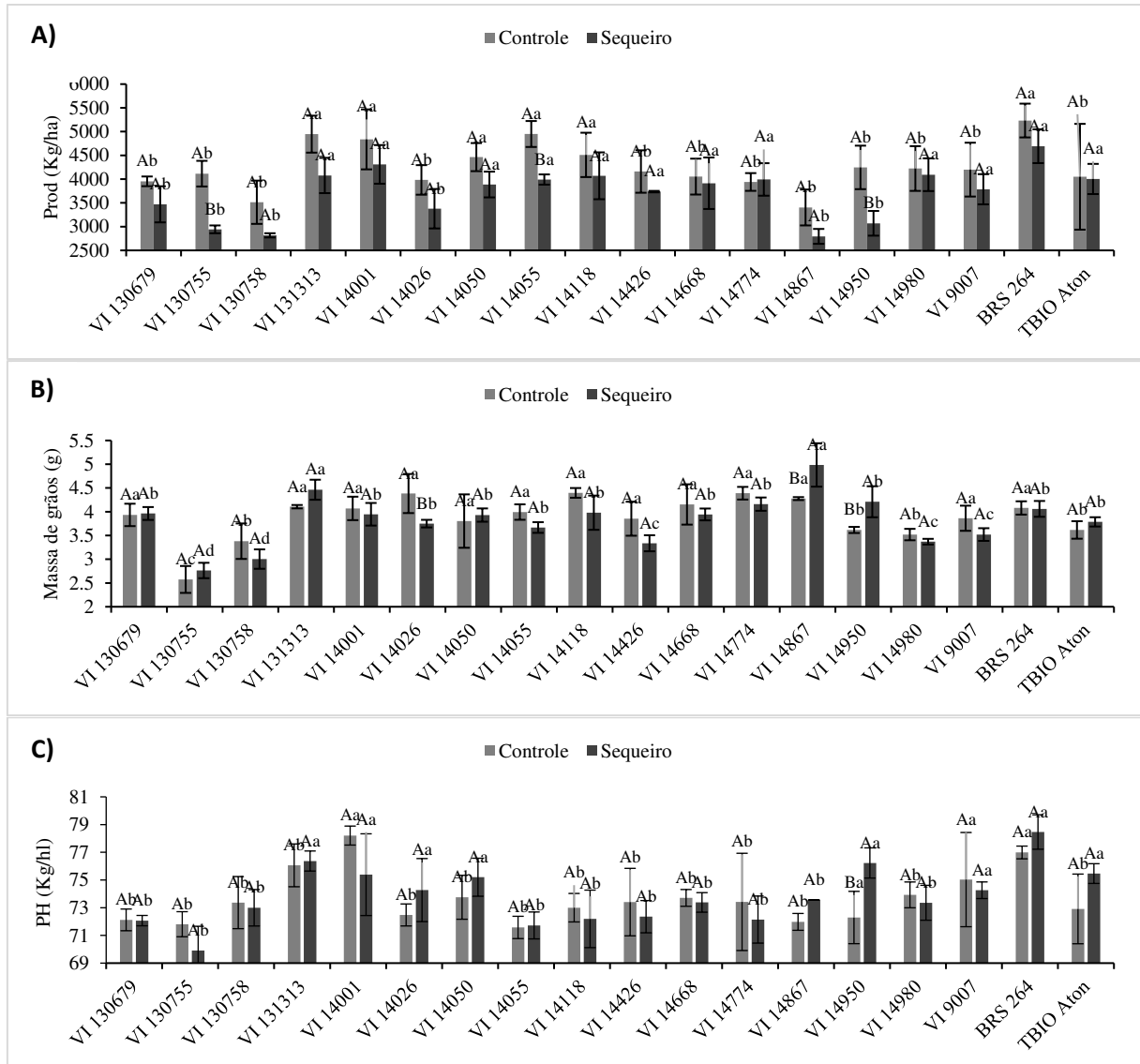


Figura 4. Componentes de rendimento de grãos dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico. A) Produtividade - Prod (Kg/ha). B) Massa de 100 grãos – M100 (g). C) Peso hectolitro - PH (kg L⁻¹). Letras maiúsculas correspondem ao teste de média dentro do genótipo; letras minúsculas correspondem ao teste de média dentro do ambiente. Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

O PH apresentou diferenças significativas entre os genótipos no sequeiro sob déficit hídrico e na interação GxA (Figura 4C). Os resultados indicam que sob a condição de C os genótipos que obtiveram as médias superiores foram VI 14001 (78,2 kg L⁻¹) e VI 131313 (76,1 kg L⁻¹). Enquanto, as menores médias foram alcançadas pelos genótipos VI 14055 (71,5 kg L⁻¹).

¹) e VI 130755 (71,8 kg L⁻¹). Sob a condição S as maiores médias foram obtidas pelo os genótipos VI 131313 (76,4 kg L⁻¹) e VI 14950 (76,2 kg L⁻¹), e as menores médias foram VI 14055 (71,7 kg L⁻¹) e VI 130679 (72,01 kg L⁻¹). Em média foi estimado que 37,5% dos genótipos obtiveram aumento significativo no sequeiro, sendo os genótipos VI 14950 e VI 14026 apresentaram maior estimativa de PH com aumento de 5,2% e 2,4%, respectivamente. Cabe ressaltar que, apesar das diferenças estatisticamente significativas, apenas o VI 14001 (controle) e a testemunha BRS 264 (sequeiro) apresentaram níveis aceitáveis de comercialização (PH \geq 78 kg L⁻¹).

O peso hectolitro é uma capacidade intrínseca do genótipo, possui correlação positiva com o rendimento e qualidade dos grãos de trigo em farinha ou sêmola, de tal forma que maiores rendimentos são esperados em maiores valores de peso hectolitro (BOSCHINI et al., 2011; BAYE et al., 2020). No entanto a precipitação pluvial é um dos fatores que mais diretamente relacionados à qualidade tecnológica, superando as variações vinculadas as genótipo ao promover decréscimo no enchimento do grão, diminuindo o peso de mil grãos e aumentando a atividade enzimática (HIRANO, 1976; PETERSON et al., 1998; MIRRALLES; SLAFER, 2000). Nesse sentido, podemos inferir que no presente estudo os valores baixos podem ser devidos as chuvas que acometeram ao final do período do experimento no mês de setembro.

Compostos fenólicos e atividade antioxidante

Para a característica dos compostos fenólicos no controle, os genótipos VI 14950 (26,5 mg EAG/g m,s,) e VI 14026 (26,4 mg EAG/g m,s,), obtiveram as maiores médias, enquanto que os genótipos VI 130755 (21,8 mg EAG/g m,s,) e VI 14980 (22,1 mg EAG/g m,s,) obtiveram as menores médias (Figura 5A). No sequeiro, os genótipos que obtiveram as maiores médias foram VI 14950 (31,1 mg EAG/g m,s,) e VI 130679 (30,5 mg EAG/g m,s,), à medida que os genótipos VI 130758 (24,1 mg EAG/g m,s,) e VI 14867 (24,2 mg EAG/g m,s,) obtiveram as menores médias. Os genótipos com menor variação na concentração de compostos fenólicos entre os ambientes contrastantes foram VI 131313 (2,8%), VI 14867 (4,5%) e VI 130758 (5,6%) acompanhando o comportamento da testemunha tolerante TBIO Aton (5,83%).

Os compostos fenólicos são metabólitos especializados com múltiplas funções nas plantas, incluindo a eliminação de espécies reativas de oxigênio (KIROVA 2021). A biossíntese e o acúmulo são geralmente acelerados como uma estratégia de remediação durante o déficit hídrico, e seu nível poderia ser usado como indicador de resistência à seca (VALIFARD et al, 2014; GUO, 2020). Estudos têm demonstrado que a biossíntese de compostos fenólicos

aumenta mais em espécies sensíveis do que em espécies tolerantes ao estresse (AGATI et al., 2012). A possível razão é que espécies sensíveis ao estresse exibem uma primeira linha de defesa menos eficaz contra espécies reativas de oxigênio sob condições estressantes e são posteriormente expostas a um estresse oxidativo mais grave (TATTINI et al., 2006; WOLF et al., 2010).

Quanto a característica ABTS, os grupos de maiores médias no controle - 82,9 μM trolox g^{-1} e no sequeiro - 91,8 μM trolox g^{-1} , à medida que o grupo de menores médias foi de 52,7 μM trolox g^{-1} , no controle, e S - 48,0 μM trolox g^{-1} (Figura 5B). Em geral, 44,4% dos genótipos indicaram aumento significativo da característica ABTS quando submetidas ao sequeiro, acompanhando o comportamento das testemunhas. Os genótipos VI 14950 e VI 130679 apresentaram respectivamente 90,7 μM trolox g^{-1} e 81,3 μM trolox g^{-1} as maiores médias para ABTS quando submetidas ao sequeiro, um aumento de 10,8 % e 7,6% quando comparado ao controle.

O princípio do método com o radical ABTS utilizam da capacidade dos compostos antioxidantes presentes na reação proveniente do extrato da amostra de capturar os radicais livres ABTS, sendo muito empregados na determinação da atividade antioxidante (LU; FOO, 2000; ZULUETA; ESTEVE; FRÍGOLA, 2009). A importância do método reside no fato de que em condições de déficit hídrico a produção de espécies reativas de oxigênio é inevitável, com níveis tóxicos as células vegetais (VERMA et. al., 2019). Por isso, podemos supor que aumento significativo da inibição do radical ABTS no sequeiro permitiu maior capacidade dos genótipos em manter a homeostase das espécies reativas de oxigênio, ou seja, reduzir o dano induzido por estresse oxidativo sob condições de déficit hídrico.

Para a característica FRAP (Figura 5C), no controle foi observado a maior pelo genótipo VI 14055 (77,1 μM sulfato ferroso g^{-1}) e o menor pelo o genótipo VI 14001 (49,4 μM sulfato ferroso g^{-1}). No sequeiro, o genótipo de menor média VI 14055 apresentou 63,9 μM sulfato ferroso g^{-1} , um decréscimo significativo 17,0 % em relação ao controle. No entanto, 9 genótipos obtiveram aumento significativo de 1,3 – 37,0 % na concentração de FRAP, em especial o genótipo VI 14950, que apresentou 112,0 μM FeSO_4 g^{-1} . Comportamento observado também na testemunha tolerante (BRS 264).

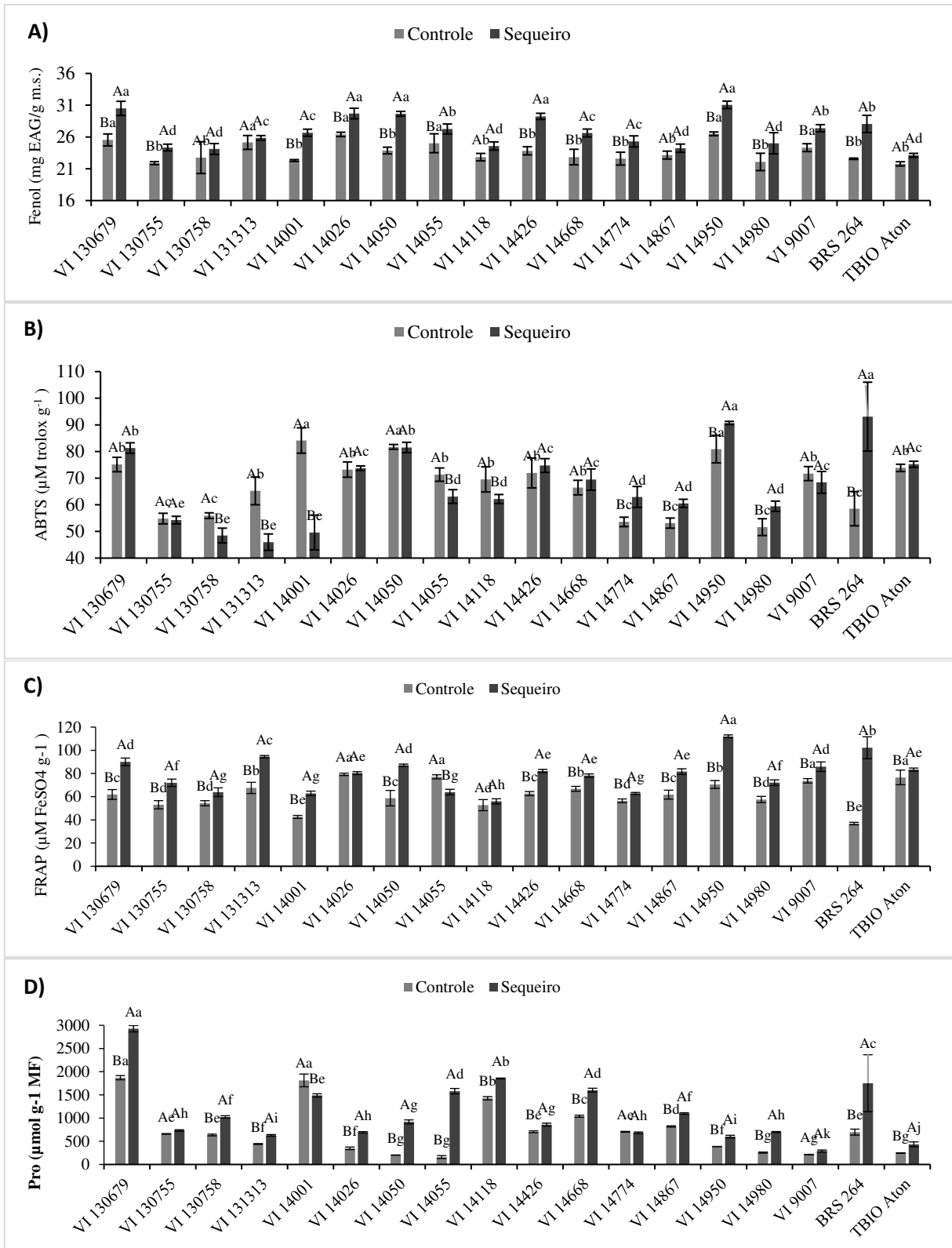


Figura 5. A) Compostos fenólicos; B) Capacidade Antioxidante pelo Método ABTS; C) Capacidade Antioxidante pelo Método FRAP e D) Concentração de Prolina dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico. Letras maiúsculas correspondem ao teste de média dentro do genótipo; letras minúsculas correspondem ao teste de média dentro do ambiente. Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

A capacidade antioxidante total não enzimática medida como FRAP determina a capacidade antioxidante não enzimática em tecidos vegetais (AVRAMOVA et al., 2017). Para eliminar ou diminuir as espécies reativas formadas durante o déficit hídrico, as plantas regulam a concentração de antioxidantes endógenos como FRAP (SOLA; STIC; RUSAK, 2021). Dessa forma, geralmente a expressão cada vez maior de FRAP sinaliza genótipos tolerantes ao déficit hídrico, com maior capacidade de eliminação de espécies reativas de oxigênio.

Na característica prolina, após o teste de média os genótipos se dividiram em 10 grupos em ambos os ambientes (Figura 5D). As maiores médias dos ambientes foram obtidas pelos genótipos VI 14001 (Controle - 1811,7 $\mu\text{mol g}^{-1}$ MF) e VI 130679 (Sequeiro - 2926,5 $\mu\text{mol g}^{-1}$ MF). O grupo de menores médias foi constituído no controle e foi constituído três genótipos com média de 205,6 $\mu\text{mol g}^{-1}$ MF, enquanto no sequeiro foi formado por apenas um genótipo, VI 9007 (289,8 $\mu\text{mol g}^{-1}$ MF). O aumento significativo da concentração de prolina foi observado na grande maioria dos genótipos estudados quando submetidos ao sequeiro, um acréscimo de 10,2 – 63,4% em relação ao controle. Os genótipos com maior expressão de prolina foram VI 130679 (2926,6 $\mu\text{mol g}^{-1}$ MF), VI 14118 (1854,0 $\mu\text{mol g}^{-1}$ MF) e VI 14668 (1601,5 $\mu\text{mol g}^{-1}$ MF).

A prolina é um osmólito que atua como osmoprotetor, estabilizador de proteínas, sequestrador de radical hidroxila, estabilizador de membranas celulares pela interação com fosfolipídios e serve como fonte de carbono e nitrogênio (KAVI KISHOR et al. 2005). Em condições de déficit hídrico as plantas tendem ao acúmulo de prolina, um recurso utilizado para o aumento da tolerância ao estresse osmótico (GHODKE et al., 2018). O acúmulo de prolina é geralmente correlacionado com espécies tolerantes, que acumulam mais prolina ou possuem maior taxa de utilização em comparação com a espécie mais sensíveis (NAYYAR; WALIA, 2003).

Potássio, Sódio e Amônio

No que se refere a característica K, 12 genótipos obtiveram aumento significativo de 4,8 – 58,9% quando submetidas ao sequeiro (Figura 6A). A respeito dos demais genótipos houve decréscimo significativo de 26,1 – 49,2%, comportamento este semelhante aos das testemunhas Tbio Aton e BRS 264. As maiores médias no controle foram alcançadas pelos genótipos VI 14867 (35,2 g Kg^{-1}) e VI 130679 (33,9 g Kg^{-1}), enquanto que no sequeiro, foram os genótipos VI 130758 (51,2 g Kg^{-1}) e VI 14774 (44,9 g Kg^{-1}).

O K tem um papel fundamental em muitos processos fisiológicos e bioquímicos (CAKMAK, 2005), principalmente no funcionamento dos estômatos na fotossíntese e transpiração, como manutenção do turgor da planta, fotofosforilação e ativação de enzimas e transporte de fotoassimilados (PETTIGREW, 2008). Em condições de déficit hídrico, os íons de K^+ participa da estimulação da fotossíntese ao aumentar os potenciais osmóticos da célula vegetal (NAYYAR; WALIA, 2003) desse modo, o aumento significativo nos teores de K^+ representam um traço de tolerância à seca, pois auxilia no acúmulo de matéria seca em comparação com os baixos teores de K^+ (EGILLA; DAVIES; DREW, 2001).

Para a característica Na, após o teste de média foi possível observar que no controle a formação de apenas um grupo com média de 1,8 mg Kg⁻¹ (Figura 6B). No sequeiro, a restrição hídrica promoveu a diferença significativa entre os genótipos, com maior média de 2,8 mg.Kg⁻¹ para VI 130755, VI 130758, VI 131313 e VI 14774.

O sódio é um elemento absorvido na forma iônica Na⁺, que possui alta mobilidade nos tecidos vegetais (MAATHEUIS, 2014). O Na⁺ pode substituir parcialmente o K⁺ atuando na ativação enzimática da ATPase, na osmorregulação, na absorção de macronutrientes, na permeabilidade das células, na abertura e fechamento estomático (KORNDORFER, 2007). A alta concentração de Na⁺ pode provocar toxicidade no citosol das células vegetais, portanto é difícil ver como o acúmulo de sódio, pelo menos em excesso, poderia ser usado para ajuste osmótico nas plantas apesar da absorção de nutriente ser energeticamente mais barato do que a síntese de solutos osmólitos (GARCIA et. al., 1997; TESTER; DAVENPORT, 2003; KUMAR et. al., 2018). Desse modo, o aumento no influxo de Na⁺ em condições déficit hídrico se deve a alteração da relação de K⁺/Na⁺, pois os raios iônicos de ambos os nutrientes em suas formas hidratadas são semelhantes (KEISHAM et. al., 2018).

Para as concentrações de amônio não houve diferença significativa para os genótipos em cada ambiente estudados, com exceção para a sua interação (Figura 6C). A média obtida no controle foi de 9,11 mmol de NH₄⁺/ Kg de MS, enquanto no sequeiro foi de 11,7 mmol de NH₄⁺/ Kg de MS. Apenas o genótipo VI 14980 apresentou aumento significativo de 38,8% quando submetida a restrição hídrica em comparação ao controle.

Amônio é uma das fontes de nitrogênio pela maioria das espécies de plantas, e seu fornecimento exclusivo é prejudicial para muitas plantas e pode causar acúmulo de biomassa pobre e desequilíbrio de íon (MENDIZABAL et al., 2012). Em condições de déficit hídrico, está associado a alterações no metabolismo da planta, estimulação da maquinaria antioxidante,

redução da captação de Cl^- e melhora da homeostase de K^+/Na^+ pela redução da carga de Na^+ xilema (MIRANDA et al., 2017).

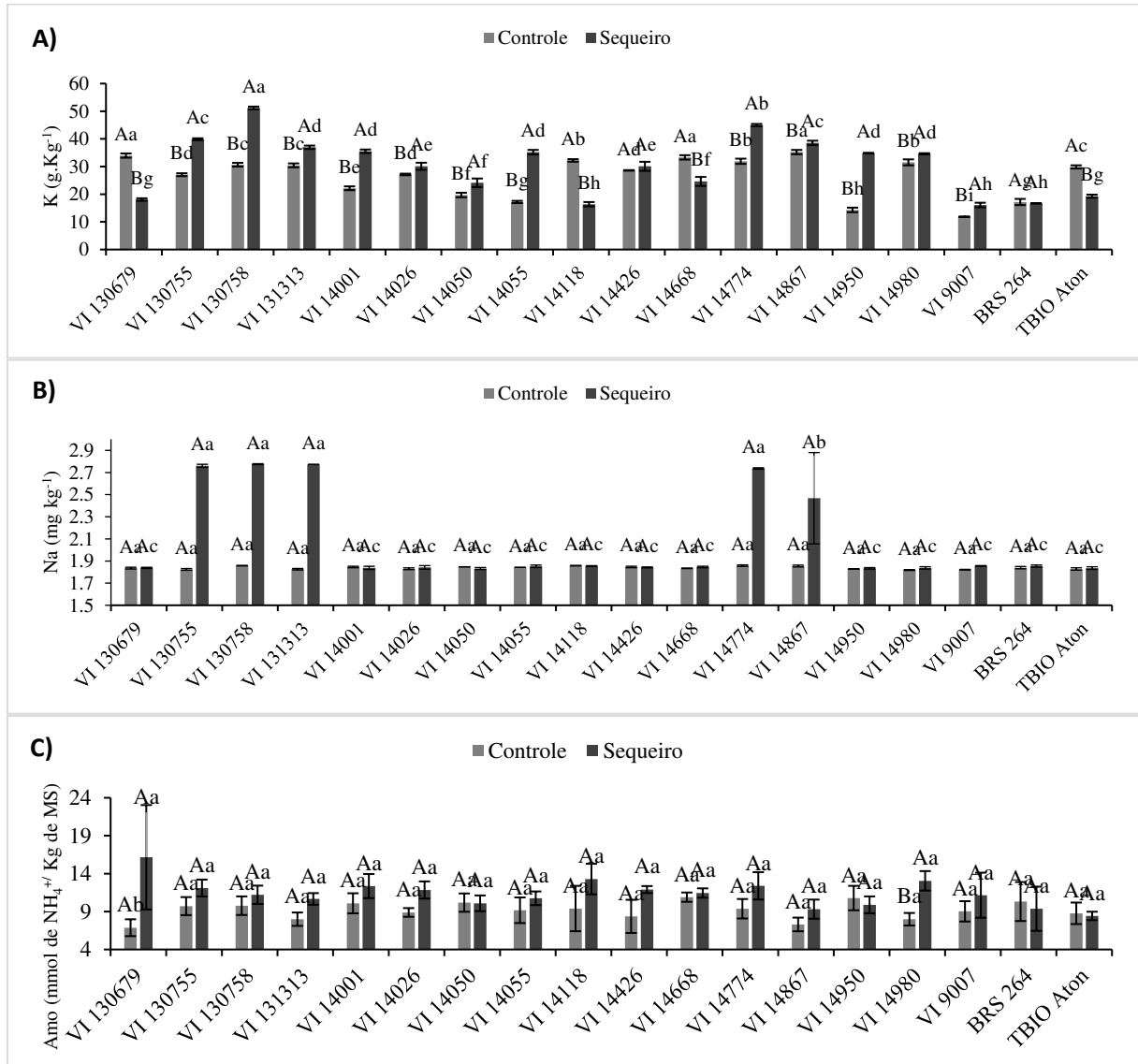


Figura 6. A) Teores de potássio, B) Teores de sódio e C) Concentrações de amônio dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico. Letras maiúsculas correspondem ao teste de média dentro do genótipo; letras minúsculas correspondem ao teste de média dentro do ambiente, Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

Trocas Gasosas

Para a característica de concentração de C_i no 1º ponto não houve diferença significativa entre os genótipos e testemunhas tanto no controle como no sequeiro, ambos com médias de $291,9 \mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-1}$ e $282,6 \mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-1}$ respectivamente (Figura 7A). Os resultados

indicam que no 1º ponto de análise a maioria dos genótipos e testemunhas não apresentaram comprometimento das concentrações de C_i , para condições de restrição hídrica em comparação a condições favoráveis, com exceção para os genótipos VI 14055 e VI 14001, que apresentaram decréscimo significativo de 2,7% - 3,1%.

Para 2º ponto de análise de C_i no controle, nove genótipos e as testemunhas apresentaram médias superiores de $314,1 \mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-1}$, enquanto que as demais apresentaram média de $289,7 \mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-1}$ (Figura 7B). No sequeiro, observou-se que 5 genótipos e a testemunha sensível BRS 264 apresentaram médias superiores de $319,5 \mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-1}$, enquanto que o restante dos genótipos e a testemunha tolerante TBIO Aton obtiveram médias de $293,9 \mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-1}$. Para os genótipos VI 130755, VI 14050, VI 14668, VI 9007 foi observado o decréscimo significativo médio de 3,0% no sequeiro em comparação ao controle. Esse comportamento foi observado na testemunha TBIO Aton, que sob restrição hídrica evidenciou a sensibilidade com a redução de 9,3% no C_i .

A concentração de C_i está intimamente relacionada com a A , que é afetada diretamente pelo g_s . Com a restrição hídrica, diminuição na C_i ocorre quando a planta diminui o potencial hídrico foliar e reduz a perda de água ao fechar as aberturas estomáticas, que conseqüentemente promove a redução da A e especialmente a g_s (FAROOQ et al. 2009; SOUROUR et al. 2017). Genótipos com desencadeamento precoce de sinais originados da raiz ativam a produção de o ácido abscísico na folha induzindo o fechamento estomático e assim a diminuição de C_i nos primeiros sinais de estresse, mantendo o status hídrico da folha e permite uma comunicação cruzada com outras moléculas de sinalização de estresse (BATOOL et al., 2019). No entanto, estudos têm demonstrado que espécies e genótipos tolerantes desenvolvem um equilíbrio entre a perda de água por E e o influxo de CO_2 necessário para o processo de assimilação de carbono, refletindo na estabilidade ou aumento de concentração carbono interno em ambientes de restrição hídrica (ULLAH et al., 2021).

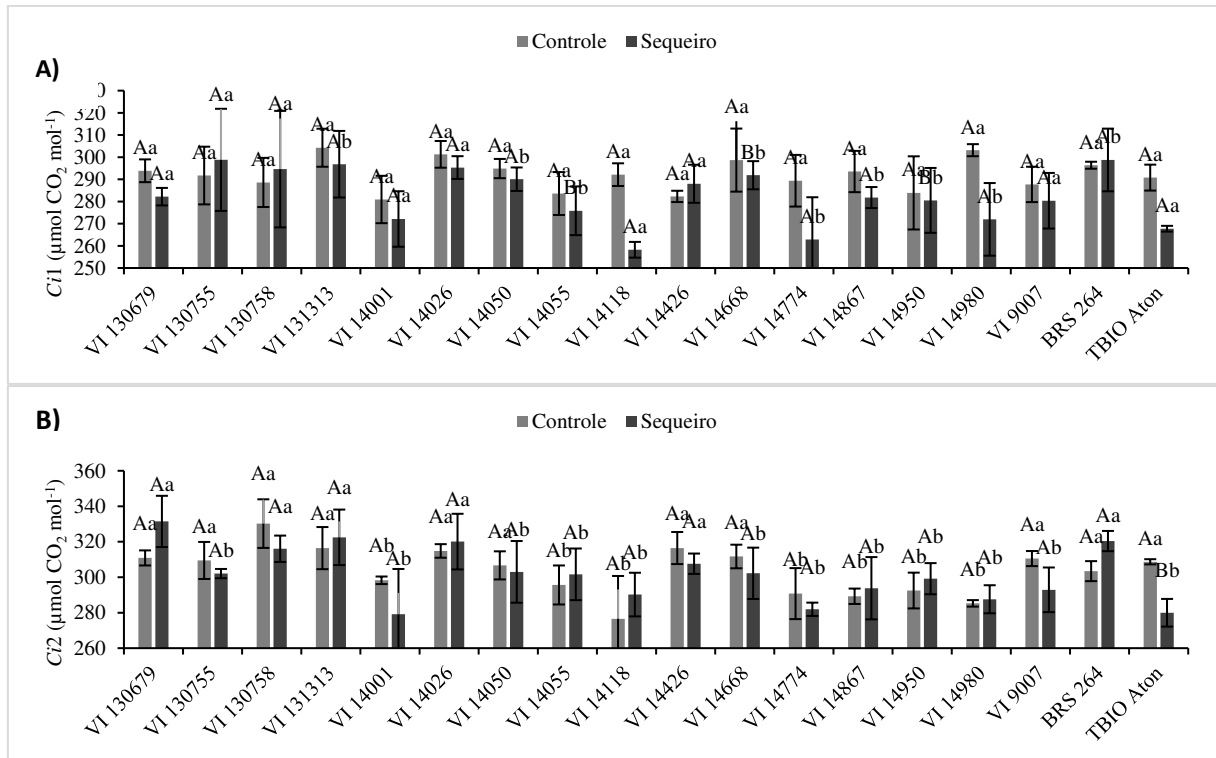


Figura 7. A) Concentração de carbono interno dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1ª fase (Ci1). B) Concentração de carbono interno dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 2ª fase (Ci2). Letras maiúsculas correspondem ao teste de média dentro do genótipo; letras minúsculas correspondem ao teste de média dentro do ambiente. Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

Para a E no 1º ponto os ambientes C e S apresentaram médias de $3,22 \text{ mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ e $3,6 \text{ mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ respectivamente (Figura 7A). O genótipo VI 14118 apresentou aumento significativo de 29,0% na taxa de transpiração no sequeiro em comparação ao controle, diferentemente das testemunhas que mantiveram estabilidade nos ambientes contrastantes. Após 12 dias de restrição hídrica (Figura 7B), os genótipos VI 130758, VI 131313, VI 14001, VI 14026 e VI 14055 apresentaram redução significativa de 25,1 – 43,2% na taxa de transpiração, assim como a testemunha BRS 264 (sensível). Os demais genótipos mantiveram estabilidade na taxa de transpiração, bem como a testemunha TBIO Aton (tolerante).

Em condições de restrição hídrica, as plantas para manter o status hídrico adequado ao metabolismo promovem o fechamento dos estômatos que diminui a E (ZANDALINAS et al., 2018). Essas mudanças na abertura estomática são uma resposta primária e rápida aos estresses ambientais que visam regular o fluxo de CO_2 , temperatura foliar (via transpiração) e perda de água (ZANDALINAS et al., 2017). Esse mecanismo para a retenção de água sob condições de déficit hídrico pode ser uma característica desejada nos genótipos em processo de

melhoramento a tolerância a seca (WASAYA et al., 2021), uma vez que genótipos tolerantes são menos afetados pelas perdas de água por evapotranspiração (IZANLOO et al., 2008).

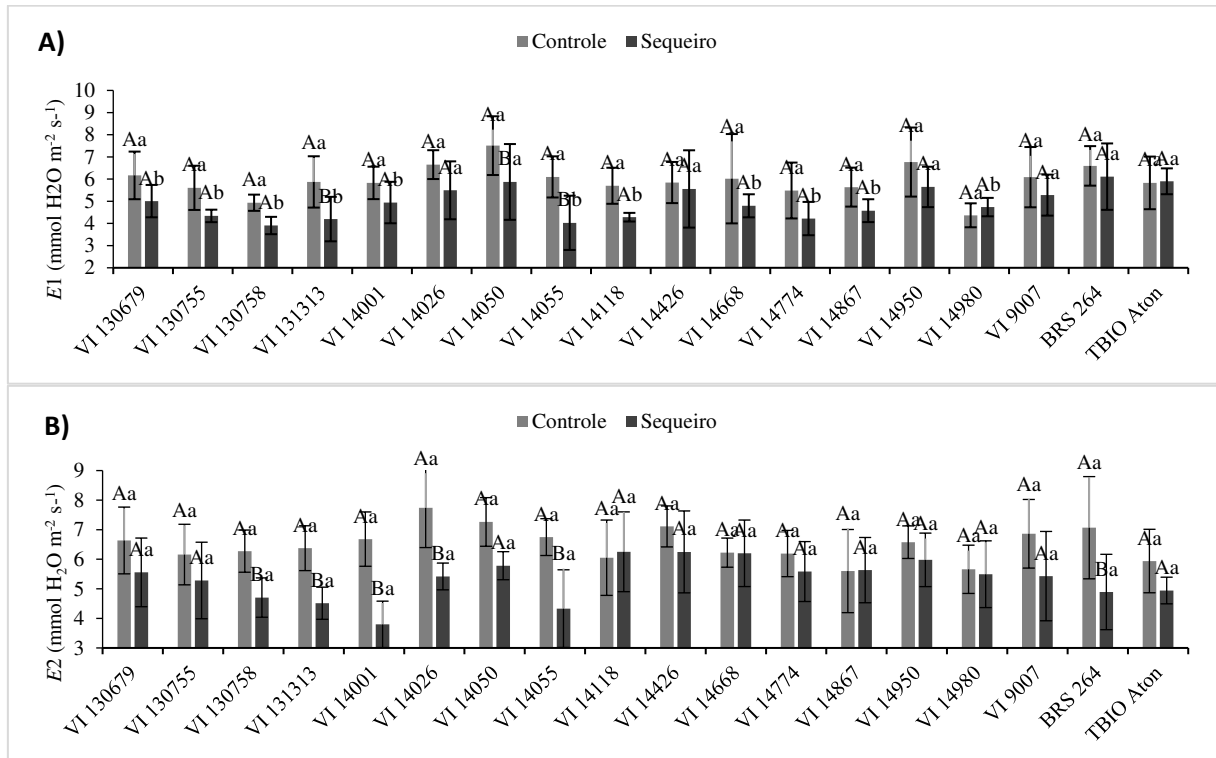


Figura 8. A) Taxa de transpiração dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1ª fase (E1). B) Taxa de transpiração dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 2ª fase (E2). Letras maiúsculas correspondem ao teste de média dentro do genótipo; letras minúsculas correspondem ao teste de média dentro do ambiente. Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

Para a g_s as médias dos genótipos e testemunhas no controle e S foram semelhantes para os dois pontos de avaliação (médias: C - média $0,5 \text{ mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ e S - $0,4 \text{ mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$) (Figura 9A). Não houve diferença significativa entre os genótipos e testemunha dentro de cada ambiente. Enquanto quando submetidas a restrição hídrica (Figura 9B), foi possível observar decréscimo significativo na condutância estomática nos genótipos VI 14050, VI 14055 e VI 14867 de 34,9% - 56,1% no 1º ponto de avaliação, e nos genótipos VI 130758 e VI 14001 de 48,9% - 54,4% no 2º ponto de avaliação. As testemunhas não diferiram em ambas as condições.

A g_s é um importante fator biológico que determina o acúmulo de carbono e a transpiração por plantas, porque o CO_2 flui para os locais fotossintéticos através dos estômatos (SIKDER et al., 2015). O fechamento estomático causado durante o déficit hídrico no primeiro momento é a principal causa da redução da g_s (CORNIG, 2000). No caso do prolongamento do déficit hídrico, lesões metabólicas ocasionada pela desidratação do tecido leva a redução do g_s (WASAYA et al., 2021). Pour-Aboughadareh et al. (2020), ao estudar os efeitos da seca em algumas características agrônômicas e morfofisiológicas em genótipos de trigo duro, observou

que em alguns dos genótipos testados mostraram alta ou manutenção da g_s em comparação com o controle, que pode ser atribuído a um aparato fotossintético protegido e podem manter a saúde dos mecanismos fotossintéticos em condições de seca.

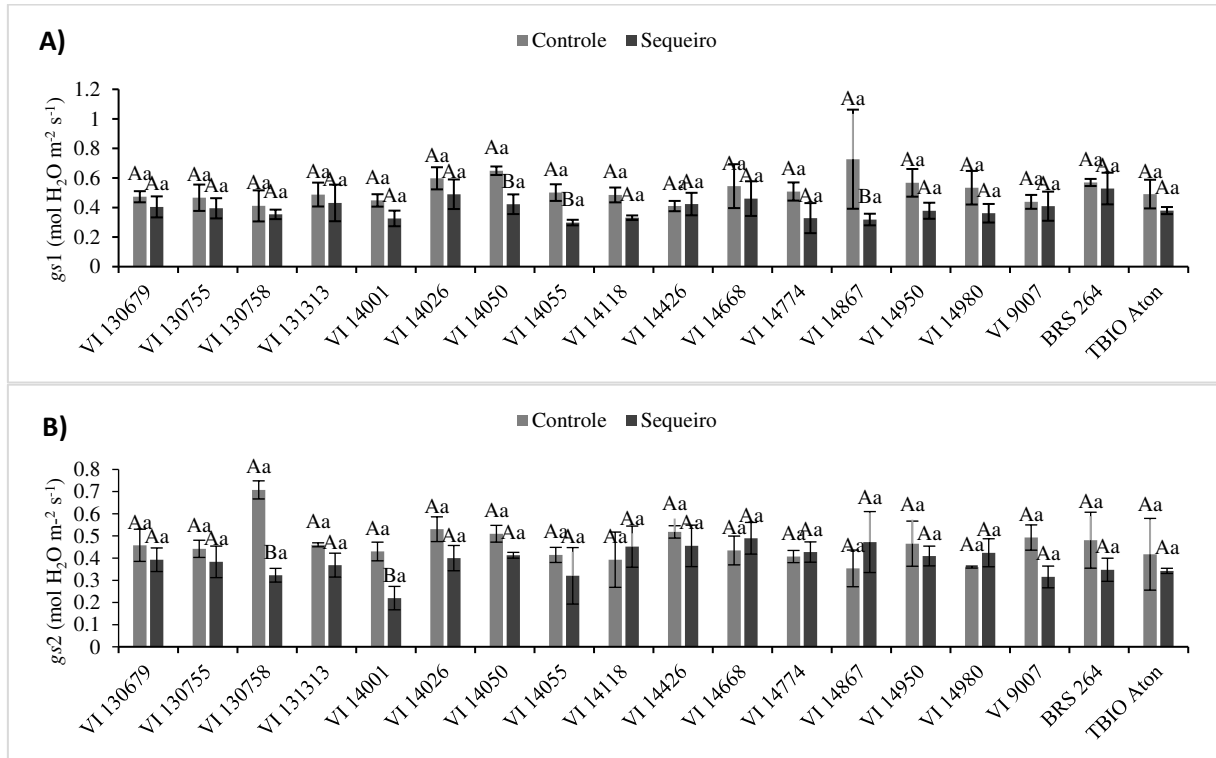


Figura 9. A) Condutância estomática dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1ª fase (g_{s1}). B) Condutância estomática dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 2ª fase (g_{s2}). Letras maiúsculas correspondem ao teste de média dentro do genótipo; letras minúsculas correspondem ao teste de média dentro do ambiente. Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

Quanto a A , na 1ª avaliação não houve diferença significativa dentro dos ambientes para os genótipos e testemunhas (Figura 10A). As médias alcançadas pelo controle foi de $18,1 \mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-2} \text{ s}^{-1}$, e no sequeiro foi de $16,7 \mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-2} \text{ s}^{-1}$. Dentro todos os genótipos, apenas o VI 14055 quando submetido a restrição hídrica apresentou decréscimo significativo de 26,7% quando comparado ao controle. Na 2ª avaliação, não houve diferença significativa entre os genótipos e testemunhas no controle. No entanto no sequeiro, houve a formação de três grupos de médias (Figura 10B). As maiores médias foi obtida por 10 genótipos e a testemunha TBIO Aton (média $11,7 \mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-2} \text{ s}^{-1}$), e o grupo de menores médias formado por 6 genótipos e a testemunha BRS 264 (média $15,7 \mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-2} \text{ s}^{-1}$). O genótipo VI 130679 e a testemunha BRS 264 (sensível) diminuiu significativamente 33,7% e 32,7% respectivamente.

A diminuição da A em plantas submetidas ao déficit hídrico é ocasionada pelo fechamento estomático e o declínio da condutância foliar restringem a difusão de CO_2 para o local de carboxilação (DUGAS et al., 2018), pela a perda de turgor celular, que induz a

superprodução de espécies altamente reativas de oxigênio como superóxido (O_2^-) e peróxido de hidrogênio (H_2O_2) (KOSAR et al., 2015; AHMED et al., 2019), que causa a ruptura das membranas que se tornam permeáveis, afetando assim a respiração, a fotossíntese e o desenvolvimento da planta (AHMAD et al., 2018). Além disso, o declínio precoce na A pode está relacionado às mudanças nas respostas metabólicas das plantas, incluindo a produção de açúcares e amido, ao acúmulo de osmólitos compatíveis e à ativação de vias reguladoras dependentes e independentes do ácido abscísico (LIU et al., 2018; PINHEIRO; CHAVES, 2011). Genótipos de plantas com alto potencial de rendimento sob seca geralmente regulam seus estômatos para manter uma taxa fotossintética mais alta enquanto reduzem a taxa de transpiração (SHOKAT et al., 2020).

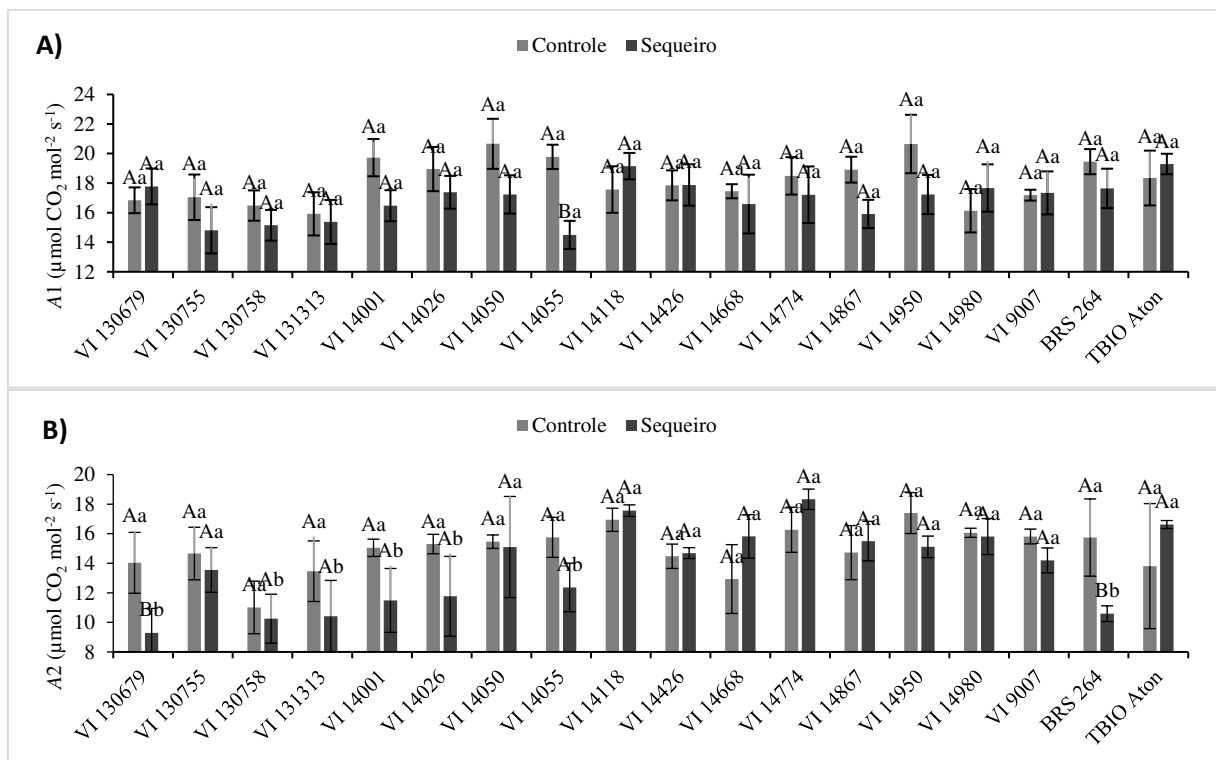


Figura 10. A) Taxa fotossintética dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1ª fase (A1). B) Taxa fotossintética dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 2ª fase (A2). Letras maiúsculas correspondem ao teste de média dentro do genótipo; letras minúsculas correspondem ao teste de média dentro do ambiente. Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

A eficiência de uso da água para a 1ª avaliação não houve diferença para os genótipos e testemunhas dentro dos ambientes C (média 3,22 mmol CO₂ mol⁻¹ H₂O) e sequeiro (3,6 mmol CO₂ mol⁻¹ H₂O) (Figura 11A). Isso foi observado após 19 dias, sendo as médias de 2,37 mmol CO₂ mol⁻¹ H₂O para o controle e 2,7 mmol CO₂ mol⁻¹ H₂O para o sequeiro (Figura 11B). Para o genótipo VI 14118 foi observado o aumento significativo da EUA quando submetida ao

déficit hídrico de 29,0% na 1ª avaliação. E o genótipo VI 131313 obteve aumento significativo de 34,6% na 2ª avaliação quando submetida ao sequeiro, em comparação ao controle. Indicando assim maior ganho de carbono em relação a água transpirada por unidade de área foliar.

A eficiência do uso da água pode ser definida como a capacidade da planta de produzir biomassa ou rendimento por unidade de água usada (BLUM, 2005). Em geral, é um importante parâmetro para medir a tolerância à seca em culturas, juntamente com as trocas gasosas foliares (MASHILO et al. 2017). Um baixo EUA indica um alto uso ou consumo de água pela planta (FAROOQ et al. 2009). Taxas moderadas e casos de estabilidade dos valores de EUA dos genótipos em ambientes contrastantes pode ser explicada pelo o fato de que as respostas estomáticas são geralmente uma ordem de magnitude mais lentas do que as respostas fotossintéticas, levando a respostas A e g_s não sincronizadas que afetam a absorção de CO_2 (FARALLI et al., 2019). E um aumento EUA em condições de déficit hídrico é indicativo de genótipos tolerantes, onde uma regulação osmótica aprimorada previne os tecidos e células das plantas de danos oxidativos e de membrana (BATOOL et al., 2019).

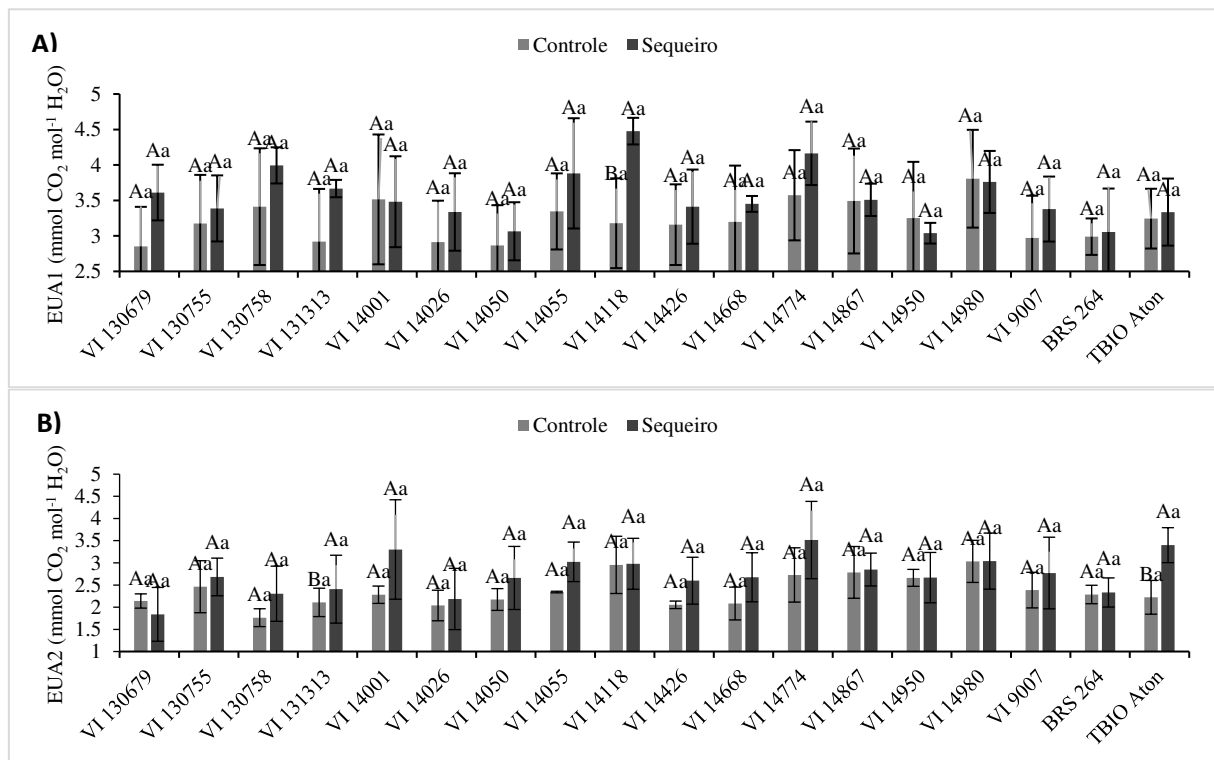


Figura 11. Eficiência do uso da água dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1ª avaliação (A - EUA1) e na 2ª avaliação (B - EUA2). Letras maiúsculas correspondem ao teste de média dentro do genótipo; letras minúsculas correspondem ao teste de média dentro do ambiente. Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

Para a $EiC1$ não houve diferença significativa entre os genótipos e testemunhas no controle e S, apenas para sua interação. Uma redução significativa de 24,5% foi observada pelo

o genótipo VI 14055 sob o sequeiro em comparação ao controle (Figura 12A). No caso do EiC2, houve diferença significativa nos ambientes contrastantes e sua interação. A média no controle foi de 0,1 (($\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) ($\mu\text{mol mol}^{-1}$)⁻¹). No sequeiro, 9 genótipos e a TBIO Aton obtiveram média superior de 0,06 (($\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) ($\mu\text{mol mol}^{-1}$)⁻¹), enquanto que 6 genótipos e a BRS 264 apresentaram média inferior de 0,04 (($\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) ($\mu\text{mol mol}^{-1}$)⁻¹). Após 19 dias de restrição hídrica, foi registrado uma redução significativa de 22,9% - 36,6% nos genótipos BRS 264, VI 130679, VI 131313 e VI 14026 (Figura 12B).

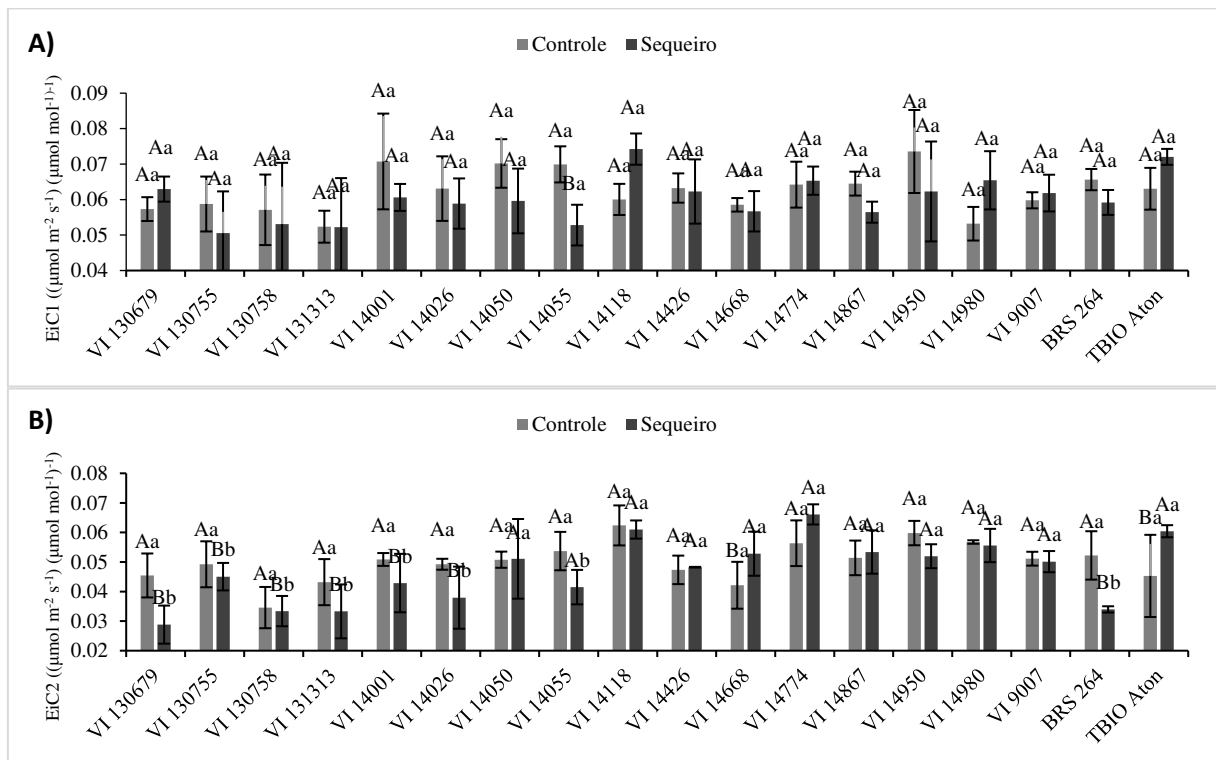


Figura 12. Eficiência do uso de carboxilação dos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico na 1ª avaliação (A - EiC1) e 2ª avaliação (B - EiC2). Letras maiúsculas correspondem ao teste de média dentro do genótipo; letras minúsculas correspondem ao teste de média dentro do ambiente. Médias seguidas das mesmas letras não diferem entre si ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Knott.

A EiC é uma medida que expressa a estreita relação entre a concentração intracelular de CO_2 e a taxa de assimilação de dióxido de carbono, e reflete também a capacidade de regeneração e atividade da Rubisco (CHAVES et al., 2011). Um rápido declínio na taxa fotossintética de plantas sensíveis sob déficit hídrico pode estar relacionado à menor atividade de carboxilação da Rubisco, sua maior degradação, bem como mais ativação como oxigenase do que como carboxilase (ABID et al., 2016). No entanto outras limitações do mesófilo à fotossíntese também podem exercer controle sobre EiC (MEDRANO et al., 2002). Também é bem conhecido que condutância estomática controla as propriedades metabólicas e anatômicas

das folhas durante a fotossíntese, e por isso crucial a eficiência de carboxilação (NIINEMETS et al., 2009).

Correlação de Pearson

A estimativa das correlações fenotípicas variou muito nas condições controle e sequeiro, observando-se expressiva alteração no que tange a magnitude e significância de uma condição hídrica para outra (Tabela 4). Podemos observar que as características relacionadas aos componentes de rendimento apresentaram poucas correlações positivas significativas nos dois ambientes, com exceção ao peso hectolitro.

Ao analisar a correlação dos caracteres com a produtividade de grãos, observou-se que o K apresentou correlação negativa significativa, tanto no controle como sequeiro. Os resultados encontrados no presente estudo não corroboram com estudos recentes. Estudos anteriores demonstraram que teores significativamente maiores de K em genótipos de trigo apresentaram efeitos positivos no enchimento e rendimento de grãos sob condições de déficit hídrico (LV et al., 2017; JEER et al., 2021). O potássio é um nutriente benéfico e ainda auxilia em situações de déficit hídrico, uma vez que afeta as relações de água, fotossíntese, transporte de assimilados e ativação de enzimas (PETTIGREW et al. 2008; RAZA et al. 2013).

A Prod também apresentou correlação positiva significativa com o PH no controle. Podendo inferir que em condições ideais de cultivo os componentes de rendimento de grãos como produtividade e qualidade de grãos são características intrínsecas. As características físicas do grão, como peso hectolitro é um indicador da densidade do grão e reflete no rendimento de grãos (NEHE et al., 2019; DJOUADI et al. 2021).

A massa de cem grãos não apresentou correlação significativa com nenhuma característica estudada. No caso do peso hectolitro, apresentou correlação significativa positiva apenas com o FRAP no controle. E em condições de restrição hídrica, obteve correlação positiva e significativa com FRAP, E1 e *gs1*, e negativa com Amo e EUA1. Alterações induzidas pela seca na composição das sementes podem afetar negativamente a qualidade dos grãos, ao prejudicar a composição química do grão (RAKSZEGI et al., 2014; MEGA et al., 2019). Parâmetros como FRAP, E e *gs* permite a manutenção do metabolismo da planta ao proteger as estruturas e macromoléculas das plantas contra danos durante a desidratação (SHAH et al. 2017), e permitir a fotossíntese que é o processo chave do metabolismo vegetal (LOU et al., 2018).

Tabela 4. Matriz de correlação de 16 genótipos e duas testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico para as características: produtividade (Prod), massa de grãos (M100), peso hectolitro (PH), compostos fenólicos (Fenol), capacidade antioxidante pelo método ABTS (ABTS), capacidade antioxidante pelo método FRAP (FRAP), prolina (Pro), potássio (K), Sódio (Na), concentração de amônio (Amo), concentração de carbono interno (ci1 e ci2), taxa de transpiração (E1 e E2), condutância estomática (*gs1* e *gs2*), taxa fotossintética (A1 e A2), eficiência do uso de água (EUA1 e EUA2) e eficiência de carboxilação (EiC1 e EiC2).

		CONTROLE																						
SEQUEIRO		Prod	M100	PH	Fenol	ABTS	FRAP	Pro	K	Na	Amo	ci1	E1	<i>gs1</i>	A1	EUA1	EiC1	ci4	E4	<i>gs4</i>	A4	EUA4	EiC4	
	Prod	–	0.16ns	0.58*	0.07ns	0.31ns	-0.26	-0.02ns	-0.52*	-0.17ns	0.29ns	-0.00ns	0.33ns	-0.13ns	0.26ns	-0.24ns	0.25ns	-0.18ns	0.34ns	-0.18ns	0.36ns	0.00ns	0.28ns	
	M100	0.15 ^{ns}	–	0.22ns	0.27ns	0.18ns	0.09ns	0.25ns	0.13ns	0.41ns	-0.13ns	0.13ns	0.23ns	0.32ns	0.24ns	-0.09ns	0.17ns	-0.30ns	0.20ns	-0.24ns	0.23ns	0.09ns	0.23ns	
	PH	0.42 ^{ns}	0.46ns	–	-0.25ns	0.14ns	-0.53*	0.22ns	-0.27ns	-0.03ns	0.25ns	0.04ns	0.03ns	-0.20ns	0.01ns	-0.03ns	0.00ns	0.09ns	0.19ns	0.07ns	-0.03ns	-0.16ns	-0.09ns	
	Fenol	0.03 ^{ns}	0.11ns	0.25ns	–	0.48*	0.58*	-0.14ns	-0.32ns	-0.21ns	-0.15ns	0.02ns	0.54*	0.15ns	0.22ns	-0.52*	0.21ns	0.17ns	0.56*	0.21ns	0.19ns	-0.23ns	0.07ns	
	ABTS	0.14ns	0.18ns	0.39ns	0.67**	–	0.28ns	0.16ns	-0.45ns	0.32ns	0.22ns	-0.38ns	0.67**	-0.09ns	0.51*	-0.46ns	0.56*	0.09ns	0.56*	0.11ns	0.19ns	-0.31ns	0.07ns	
	FRAP	-0.04ns	0.34ns	0.65**	0.57*	0.67**	–	-0.51*	-0.07ns	-0.40ns	-0.24ns	0.06ns	0.18ns	0.08ns	-0.00ns	-0.22ns	-0.00ns	0.19ns	0.13ns	-0.01ns	-0.02ns	-0.16ns	-0.10ns	
	Pro	0.17ns	0.17ns	-0.16ns	0.24ns	0.18ns	-0.11ns	–	0.39ns	0.37ns	-0.10ns	-0.17ns	-0.10ns	-0.22	-0.12ns	0.0ns	-0.06ns	-0.14ns	-0.12ns	-0.14ns	-0.11ns	0.01ns	-0.03ns	
	k	-0.48*	-0.14ns	-0.29ns	-0.31ns	-0.60**	-0.32ns	-0.33ns	–	0.26ns	-0.49*	0.41ns	-0.54*	0.03ns	-0.56*	0.26ns	-0.61**	-0.00ns	-0.54*	-0.18ns	-0.46ns	0.06ns	-0.30ns	
	na	-0.43ns	-0.04ns	-0.27ns	-0.52*	-0.62**	-0.21ns	-0.27ns	0.73**	–	0.09na	-0.36ns	-0.01ns	0.08ns	0.26ns	0.19ns	0.30ns	-0.17ns	-0.04ns	0.17ns	-0.08ns	-0.01ns	0.01ns	
	Amo	-0.01ns	-0.26ns	-0.56*	0.19ns	-0.18ns	-0.36ns	0.54*	-0.05ns	-0.06ns	–	-0.26ns	0.35ns	-0.02ns	0.46ns	-0.00ns	0.49*	0.02ns	0.24ns	0.25ns	0.13ns	-0.12ns	0.09ns	
	ci1	-0.28ns	-0.20ns	0.19ns	0.29ns	0.09ns	0.46ns	-0.05ns	0.12ns	0.24ns	-0.19ns	–	-0.07ns	0.39ns	-0.43ns	-0.22ns	-0.64**	0.07ns	-0.11ns	-0.13ns	-0.16ns	0.04ns	-0.15ns	
	E1	0.25ns	0.10ns	0.61**	0.53*	0.81**	0.66**	-0.11ns	-0.61**	-0.64**	-0.34ns	0.16	–	0.39ns	0.69**	-0.73**	0.63**	0.13ns	0.72**	0.14ns	0.28ns	-0.31ns	0.12ns	
	<i>gs1</i>	0.21ns	-0.05ns	0.47*	0.44ns	0.51*	0.60**	0.00ns	-0.44ns	-0.22ns	-0.13ns	0.69**	0.60**	–	0.49*	-0.02ns	0.33ns	-0.36ns	-0.02ns	-0.35ns	0.28ns	0.30ns	0.29ns	
	A1	0.38ns	0.14ns	0.25ns	0.14ns	0.54*	0.16ns	0.05ns	-0.68**	-0.59*	0.10ns	-0.48*	0.59**	0.21ns	–	-0.05ns	0.99**	-0.29ns	0.43ns	-0.09ns	0.49*	0.06ns	0.42ns	
	EUA1	0.05ns	-0.06ns	-0.55*	-0.51*	-0.58*	-0.77**	0.22ns	0.27ns	0.34ns	0.46*	-0.55*	-0.79**	-0.60**	-0.04ns	–	0.03ns	-0.48*	-0.65**	-0.34ns	0.08ns	0.52*	0.24ns	
	EiC1	0.36ns	0.14ns	0.08ns	-0.06ns	0.33ns	-0.09ns	0.05ns	-0.52*	-0.48*	0.16ns	-0.75**	0.33ns	-0.15ns	0.91**	0.23ns	–	-0.29ns	0.39ns	-0.06ns	0.48*	0.05ns	0.45ns	
	ci4	-0.18ns	-0.04ns	0.10ns	0.49*	0.23ns	0.44ns	0.38ns	-0.08ns	0.09ns	0.20ns	0.75**	0.06ns	0.60**	-0.24ns	-0.20ns	-0.47*	–	0.41ns	0.79**	-0.78**	-0.93**	-0.89**	
	E4	-0.23ns	0.06ns	-0.26ns	0.24ns	0.44ns	0.17ns	-0.00ns	-0.29ns	-0.21ns	0.17ns	-0.08ns	0.22ns	0.19ns	0.47*	-0.01ns	0.38ns	0.01ns	–	0.48*	0.13ns	-0.55*	-0.07ns	
	<i>gs4</i>	-0.24ns	0.27ns	-0.28ns	0.05ns	0.2446	0.11ns	0.03ns	-0.07ns	0.02ns	0.09ns	0.01ns	-0.01ns	0.14ns	0.24ns	0.09ns	0.17ns	0.08ns	0.87**	–	-0.54*	-0.75**	-0.62**	
	A4	0.06ns	0.13ns	-0.22ns	-0.32ns	0.07ns	-0.24ns	-0.36ns	-0.07ns	-0.09ns	-0.18ns	-0.61**	0.03ns	-0.33ns	0.43ns	0.22ns	0.57*	-0.75**	0.59*	0.54*	–	0.73**	0.98**	
	EUA4	0.32ns	0.09ns	-0.09ns	-0.53*	-0.28ns	-0.47*	-0.37ns	0.16ns	0.00ns	-0.26ns	-0.73**	-0.14	-0.61**	0.14ns	0.28ns	0.39ns	-0.95**	-0.14ns	-0.12ns	0.76**	–	0.85**	
	EiC4	0.1ns	0.14ns	-0.18ns	-0.36ns	0.02ns	-0.29ns	-0.39ns	-0.04ns	-0.09	-0.18	-0.69**	0.02	-0.40	0.43	0.23	0.59**	-0.84**	0.48*	0.42	0.99**	0.79**	–	

OBS: * significativo a 5% de probabilidade pelo teste t ** significativo a 1% de probabilidade pelo teste t

Em todos os ambientes também podemos observar correlação positiva significativa entre concentração de compostos fenólicos e as características ABTS, FRAP, E1 e ci2, com exceção do controle, em que Fenol e ci2 não apresentam correlação significativa. A concentração de compostos fenólicos obteve também correlação negativa significativa, no controle, com EUA1, e no sequeiro, com Na, EUA1 e EUA2.

As plantas para se adaptar a déficit hídrico utilizam de homeostase metabólica para produzir uma grande variedade de metabólitos primários e secundários (GUO et al., 2020). E durante o déficit hídrico, metabólitos vegetais e vias relacionadas como fotossíntese podem ser influenciados entre si contribuir para conferir a planta tolerância ao déficit hídrico (ADAMS et al., 2009).

Observa-se também uma mudança de comportamento das correlações entre método de capacidade antioxidante ABTS e FRAP dos ambientes controle e sequeiro. No controle, ABTS apresenta correlação positiva com as características de trocas gasosas E1, A1 e E1. E no sequeiro houve também correlação positiva com as características FRAP e *gs1*, e ainda correlação negativa significativa com K, Na e EUA1. Para a característica FRAP, apresentou correlação positiva com E1 e *gs1*, enquanto que com as variáveis EUA1 e EUA2 apresentou correlação negativa significativa.

As plantas utilizam antioxidantes enzimáticos e não enzimáticos combater as espécies reativas de oxigênio que são subprodutos nocivos gerados durante a respiração celular normal e aumentados em condição de déficit hídrico (ZHANG; XIANG; ZHOU, 2015; SHOKAT et al., 2020). Com a produção de antioxidantes durante o déficit hídrico, a planta consegue proteger os processos de fotossíntese e respiração celular (HUSEYNOVA, 2012). No entanto a expressão desses compostos pode precisar de altos aportes de energia que em condições de estresse moderado a grave esses processos intensivos em energia são limitados, diminuindo assim a eficiência da planta (KRÓL; AMAROWICZ; WEIDNER, 2014).

Para os componentes nutricionais, observou-se que após 19 dias de restrição hídrica o potássio e o sódio apresentaram correlação positiva significativa entre si, e negativa com E1, A1 e EiC1. No controle apenas o K obteve correlação significativa, sendo positiva com as características E1 e A1, enquanto negativa com Amo, EiC1 e E2. Os resultados obtidos não corroboram com estudos recentes. O potássio desempenha um papel central na economia de água das plantas, principalmente via osmorregulação e manutenção do turgor celular (EREL et al., 2014). E o sódio pode ser utilizado pelas plantas como uma estratégia fisiológica eficaz para

lidar com o déficit hídrico, ao contribui para melhorar a fotossíntese das folhas e a hidratação dos tecidos (CUI et al. 2019).

Em todos os ambientes também podemos observar alta frequência em correlações significativas entre os parâmetros das trocas gasosas, uma vez que a intrínseca associação entre os componentes permite a absorção de água e funcionamento do maquinário fotossintético.

No sequeiro após 7 dias de restrição hídrica a eficiência de uso de água apresentou correlação negativa significativa com $Ci1$, $E1$ e $gs1$. Enquanto que a eficiência de carboxilação obteve correlação positiva significativa com $A1$. Após 12 dias de restrição hídrica, EUA apresenta correlação negativa com a características $Ci2$, e positiva com $A2$. E EiC obteve correlação positiva significativa com $E2$, $A2$ e $EUA2$, negativa significativa com $Ci2$.

A eficiência no uso de água é uma medida que reflete a quantidade de carbono fixada na fotossíntese por unidade de água transpirada, e em condições estressantes a coordenação entre ganho de carbono e perda de água está longe de ser ótima e pode resultar em heterogeneidade entre as plantas (LAWSON; WEYERS, 1999). Em geral, maiores valores na eficiência de uso de água têm sido observados em plantas com menor condutância estomática, mas esses ganhos geralmente são alcançados em conjunto com uma redução na taxa fotossintética (LAWSON; BLATT, 2014). No caso da eficiência de carboxilação, sua capacidade é auxiliada pela a transpiração que proporciona a difusão de CO_2 nas folhas para a fotossíntese, diminuindo a concentração de carbono interno (HU; WANG; HUANG, 2010).

Parâmetros Genéticos

As estimativas de parâmetros genéticos foram apresentadas na tabela 5. Os resultados mostraram que os sete parâmetros genéticos (\hat{h}_m^2 , r , CVg (%), CVg/Cve (%)) variaram muito para todas as características medidas em função do ambiente. A herdabilidade variou entre 0 e 0,99 para o ambiente C, com alta estimativa (acima de 50%) para as características $m100$, $ABTS$, $FRAP$, Pro , K , Na e $EiC2$. Enquanto, que no ambiente S, variou de 0,33 e 0,99 com alta herdabilidade para as características citadas anteriormente e ainda para PH , $Fenol$, $ci2$, $E2$ e $A2$. Estima-se que das variáveis estudadas as quais apresentaram alta herdabilidade no ambiente S, o rendimento de grãos obteve a maior variância ambiental, isso se repete para $M100$, Pro e $EiC2$. Para as demais características, ocorreu a maior proporção na variância genotípica em relação à variância ambiental, ou seja, o ambiente teve menor influência.

As variáveis com valores de alta herdabilidade para linhagens de trigo, tem potencial de estar indicando ser expressas por genes de predominância aditiva, ou seja, podem não ser tão

prejudicadas por flutuações ambientais. Portanto, indica que os genótipos expressaram maior potencial genético em condições de déficit hídrico, os quais são capazes, por meio desses atributos, de ser selecionadas para programas de melhoramento de tolerância à seca de trigo (EID, 2009; MATHEW et. al., 2018). Resultados semelhantes foram encontrados por Rehman et. al. (2015), que ao estudarem genótipos de *Triticum aestivum* L. sob seca e condições de controle, observaram o aumento nas estimativas de herdabilidade na análise de características de rendimento em ambiente de restrição hídrica.

A razão CV_g/CV_e foi maior que 1 no ambiente C para as características M100 (Kg), Fenol, ABTS, FRAP, Pro, K e Na. No ambiente S, os caracteres que obtiveram o mesmo comportamento foram Prod, M100, Fenol, ABTS, FRAP, Pro, K, Na, A2 e EiC2. Esses resultados confirmam os valores obtidos pela a herdabilidade, em que a partir destas características é possível a seleção de genótipos promissores a tolerância a déficit hídrico (CRUZ, REGAZI e CARNEIRO, 2012; FELLAHI et. al., 2018).

Para a correlação intraclasses (r) foi observado a variação de 3,5 – 98,9% no ambiente C, e variação de 2,32 – 99,4% no ambiente S (Tabela 5). As características Prod, M100, PH, Fenol, ABTS, FRAP, Pro, K, Na, ci1, gs2, A2 e EiC2 apresentaram aumento na correlação intraclasses sob déficit hídrico em comparação ao controle. O coeficiente de correlação intraclasses expressa que nos diferentes ambientes analisados ocorre a manutenção da dominação fenotípica dos genótipos, o que significa que quanto menor o r , menor é a interferência da interação GxA (LAVIOLA et.al., 2014).

Tabela 5. Parâmetros genéticos 16 genótipos e 2 testemunhas submetido ao controle e déficit hídrico para as características: produtividade (Prod), massa de grãos (M100), peso hectolitro (PH), compostos fenólicos (Fenol), capacidade antioxidante pelo método ABTS (ABTS), capacidade antioxidante pelo método FRAP (FRAP), prolina (Pro), potássio (K), Sódio (Na), concentração de amônio (Amo), concentração de carbono interno (ci1 e ci2), taxa de transpiração (E1 e E2), condutância estomática (gs_1 e gs_2), taxa fotossintética (A1 e A2), eficiência do uso de água (EUA1 e EUA2) e eficiência de carboxilação (EiC1 e EiC2).

P. G.	h^2_m		r		CVg (%)		CVg/CVe (%)	
	C	S	C	S	C	S	C	S
Prod (Kg/ha)	0,32	0,76	13,79	51,49	6,04	11,96	0,40	1,03
M100 (g)	0,78	0,91	54,43	77,09	10,60	13,65	1,09	1,83
PH (kg L ⁻¹)	0,38	0,68	17,04	41,77	1,45	1,98	0,45	0,85
Fenol (mg EAG/g m,s.)	0,78	0,93	53,74	81,09	5,60	8,52	1,08	2,07
ABTS (μ M trolox g ⁻¹)	0,93	0,97	82,31	91,40	15,49	19,26	2,16	3,26
FRAP (μ M FeSO ₄ g ⁻¹)	0,93	0,98	81,84	95,36	15,25	18,52	2,12	4,53
Pro (μ mol g ⁻¹ MF)	0,96	0,98	98,94	99,44	75,12	59,06	9,67	13,29
K (g,Kg ⁻¹)	0,99	0,99	98,27	98,51	27,56	31,41	7,54	8,12
Na (mg kg ⁻¹)	0,85	0,97	65,80	91,29	0,70	19,44	1,39	3,24
Amo (mmol de NH ₄ ⁺ / Kg de MS)	0,00	0,00	0,00	0,00	0,11	0,00	0,00	0,00
ci1 (μ mol CO ₂ mol ⁻¹)	0,24	0,36	9,44	15,95	1,23	2,58	0,32	0,44
E1 (mmol H ₂ O m ⁻² s ⁻¹)	0,47	0,10	22,54	3,62	8,29	4,13	0,54	0,19
gs_1 (mol H ₂ O m ⁻² s ⁻¹)	0,15	0,07	5,40	2,32	6,41	3,71	0,24	0,15
A1 (μ mol CO ₂ mol ⁻² s ⁻¹)	0,41	0,00	19,06	0,00	5,47	0,00	0,49	0,00
EUA1 (mmol CO ₂ mol ⁻¹ H ₂ O)	0,50	0,00	24,66	0,00	5,08	0,00	0,51	0,00
EiC1 ($(\mu$ mol m ⁻² s ⁻¹) (μ mol mol ⁻¹) ⁻¹)	0,33	0,00	14,29	0,00	5,74	0,00	0,41	0,00
ci2 (μ mol CO ₂ mol ⁻¹)	0,73	0,61	47,41	33,98	4,00	3,81	0,95	0,72
E2 (mmol H ₂ O m ⁻² s ⁻¹)	0,00	0,59	0,00	32,59	0,00	10,23	0,00	0,70
gs_2 (mol H ₂ O m ⁻² s ⁻¹)	0,10	0,48	3,52	23,22	5,72	12,26	0,19	0,55
A2 (μ mol CO ₂ mol ⁻² s ⁻¹)	0,28	0,75	11,42	49,76	5,60	16,62	0,36	1,00
EUA2 (mmol CO ₂ mol ⁻¹ H ₂ O)	0,51	0,33	25,63	13,86	10,97	8,76	0,59	0,40
EiC2 ($(\mu$ mol m ⁻² s ⁻¹) (μ mol mol ⁻¹) ⁻¹)	0,56	0,78	29,62	53,58	10,37	19,17	0,65	1,07

P.G. = Parâmetros genéticos; C = Controle; S = Sequeiro; σ^2_f = Variância fenotípica; σ^2_g = Variância genotípica; σ^2_a = Variância ambiental; h^2_m = herdabilidade média; r = correlação intraclasse; CVg = coeficiente de variação genético; CVe = coeficiente de variação experimental; CVg/CVe = razão

Distância Genótipo-Ideótipo

A seleção quando baseada em um índice permite selecionar genótipos superiores considerando características simultaneamente, que resultam em ganhos simultâneos e equilibrados de modo desejado no programa de melhoramento (NEVES et al. 2013).

Com relação ao índice de seleção, a análise foi aplicada a cada ambiente (Tabela 6). Em relação ao ambiente controle, a maioria das características apresentaram baixos ganhos de seleção positiva para os caracteres em análise, com exceção produtividade (3,38%), a massa de grãos (4,85%), taxa fotossintética (1,59%), a prolina (25,78%) e eficiência de carboxilação (1,35% - 0,89%). Valores negativos para ganhos de seleção foram observados para as características fenol, ABTS, FRAP, K, *Ci1*, *gs1*, *Ci2* e EUA2. O índice da distância genótipo-ideótipo teve ganho de seleção total estimado (G_{Stotal}) de 19,11% no ambiente controle. Com base nesse índice, os genótipos selecionados foram VI 14001, VI 14055, VI 14668, VI 14774 e testemunha BRS 264 apresentaram desempenho superior em condições favoráveis de crescimento, ou seja, no ambiente C.

No caso do ambiente sequeiro, a maioria das características apresentaram ganhos de seleção positiva para os caracteres em análise, com G_{Stotal} de 30,54%. Valores negativos para ganhos de seleção foram observados para as características condutância estomática após 7 dias de restrição hídrica e taxa de carboxilação nas duas avaliações. As características m100, Fenol, ABTS, FRAP, Pro, *E1* e EUA2 apresentaram maiores ganhos de seleção positiva, variando de 1,68 – 12,95%. Para o ambiente S, os genótipos selecionados foram VI 130679, VI 14001, VI 14050, VI 14774 e VI 14950.

Com base nos resultados podemos inferir que os genótipos VI 14001 e VI 14774 apresentaram genótipo ideal, ou ideótipo, em ambos os ambientes contrastantes. O desenvolvimento de genótipos resistente ao clima e capacidade crescente de suportar variações sazonais intensas e frequentes têm sido o objetivo dos programas de melhoramento para tolerância a seca ao longo dos anos (RENARD; TILMAN, 2019; SWARUP et al., 2020).

Tabela 6. Estimativas das médias, herdabilidade e ganhos de seleção dos genótipos avaliados para o controle e sequeiro com o uso do índice da distância genótipo – ideótipo.

Característica	Controle					Sequeiro				
	\bar{X}_o	\bar{X}_s	$h^2 \%$	GS	$GS\%$	\bar{X}_o	\bar{X}_s	$h^2 \%$	GS	$GS\%$
Prod	4265,65	4602,67	42,82	144,30	3,38	3723,74	3746,00	35,40	7,88	0,21
M100	3,89	4,14	76,08	0,19	4,85	3,82	4,04	56,88	0,12	3,24
PH	73,67	74,78	44,67	0,50	0,67	73,85	74,20	34,89	0,12	0,17
fenol	23,63	23,06	78,01	-0,44	-1,88	26,81	28,63	30,48	0,55	2,07
ABTS	67,38	66,81	92,91	-0,53	-0,78	67,49	73,22	53,92	3,09	4,58
FRAP	61,68	55,95	95,07	-5,45	-8,83	79,50	82,98	58,45	2,03	2,56
Pro	701,01	882,42	99,62	180,71	25,78	1103,54	1323,22	65,05	142,89	12,95
K	26,35	24,35	99,41	-1,99	-7,55	30,40	31,52	48,72	0,54	1,79
Na	1,84	1,84	83,96	0,00	0,24	2,08	2,02	0,09	0,00	0,00
Amo	9,16	9,97	0,00	0,00	0,00	11,41	12,18	0,00	0,00	0,00
ci1	292,05	289,78	15,83	-0,36	-0,12	282,65	277,55	4,89	-0,25	-0,09
E1	5,94	6,01	42,86	0,03	0,44	4,94	5,14	41,61	0,08	1,68
gs1	0,52	0,51	6,13	0,00	-0,03	0,39	0,37	10,79	0,00	-0,53
A1	18,19	18,98	36,68	0,29	1,59	16,92	17,18	43,89	0,12	0,68
EUA1	3,21	3,32	0,00	0,00	0,00	3,56	3,47	0,00	0,00	0,00
EiC1	0,06	0,07	25,16	0,00	1,35	0,06	0,06	20,08	0,00	0,59
ci2	303,74	299,95	69,67	-2,64	-0,87	301,75	298,93	51,90	-1,46	-0,49
E2	6,51	6,58	0,00	0,00	0,00	5,34	5,34	0,00	0,00	0,00
gs2	0,46	0,43	0,00	0,00	0,00	0,39	0,37	0,00	0,00	0,00
A2	14,94	15,15	22,25	0,05	0,31	13,80	13,86	7,11	0,00	0,03
EUA2	2,36	2,34	45,04	-0,01	-0,33	2,73	2,80	28,43	0,02	0,64
EiC2	0,05	0,05	51,49	0,00	0,89	0,05	0,05	20,34	0,00	0,46
Gstotal%					19,11					30,54

\bar{X}_o = médias dos genótipos avaliados; \bar{X}_s = médias dos genótipos selecionados; $h^2 \%$ = herdabilidade; GS e $GS\%$ = ganhos de seleção.

Componentes principais

Os componentes principais têm sido usados por muitos pesquisadores para a comparação de diferentes genótipos, e descreve a tolerância à seca em resposta a variáveis e variáveis atribuídas a genótipos (BADR; BRUGGEMANN, 2020). Foram realizadas análises de componentes principais para cada ambiente e para os dois ambientes conjuntamente contendo as médias dos genótipos (Tabela 7).

No controle, os dois primeiros autovalores explicaram um total de 47,94% da variância contida nas vinte e duas características originais (Tabela 7). Enquanto no sequeiro e C+S, os dois primeiros autovalores explicaram 54,49% e 48,87%, respectivamente. Foi considerado o critério de Kaiser (KAISER, 1958), onde os autovalores maiores do que a unidade (> 1) e

destacaram-se as características que apresentaram valores de correlações acima de 0,6, independentemente do sinal (FERRAUDO, 2010; SAVEGNAGO et al., 2011).

No ambiente controle, o primeiro componente principal (CP1) reteve 25,29% da variância original e as características que explicaram a retenção foram EiC1, A1, E1, ABTS, A2, E2 e EiC2. No caso do segundo componente principal (CP2) reteve 22,65% da variância original explicada por ci2, E2, *gs*2, A2 e EUA2.

Tabela 7. Valores das correlações entre os componentes principais (CP) e as características avaliadas em 16 genótipos e 2 testemunhas de trigo nos ambientes controle e sequeiro.

Características	Controle		Sequeiro		C+S	
	CP1	CP2	CP1	CP2	CP1	CP2
Prod	0,50	0,00	-0,16	1,26	0,61	0,12
M100	0,29	0,16	-0,28	0,85	0,23	0,08
PH	0,11	-0,12	-1,68	0,85	0,22	-0,20
Fenol	0,45	-0,38	-2,17	0,49	-0,21	-0,28
ABTS	0,67	-0,37	-1,96	1,84	0,53	-0,20
FRAP	0,09	-0,26	-2,42	0,61	-0,20	-0,31
Pro	-0,13	0,11	-0,59	-0,20	-0,30	-0,09
K	-0,76	0,20	1,27	-1,97	-0,68	0,00
Na	0,05	0,12	1,06	-2,00	-0,65	0,03
Amo	0,45	-0,13	0,41	-0,42	-0,44	0,11
ci1	-0,38	0,01	-2,09	-1,66	0,19	-0,71
E1	0,81	-0,39	-2,00	1,89	0,91	-0,22
<i>gs</i> 1	0,32	0,31	-2,46	0,28	0,68	-0,25
A1	0,88	0,08	-0,24	2,64	0,82	0,29
EUA1	-0,31	0,66	2,24	-0,50	-0,63	0,53
EiC1	0,91	0,08	0,77	2,61	0,61	0,53
ci2	-0,30	-0,94	-2,20	-1,42	-0,02	-0,90
E2	0,61	-0,63	-0,12	1,57	0,81	-0,08
<i>gs</i> 2	-0,09	-0,81	0,14	0,96	0,46	-0,24
A2	0,67	0,62	1,77	2,01	0,48	0,76
EUA2	0,08	0,96	2,29	1,17	-0,33	0,84
EiC2	0,56	0,80	1,99	2,05	0,38	0,85
Autovalor	5,64	5,05	6,43	5,62	6,12	4,44
Variância (%)	25,29	22,65	29,08	25,41	27,84	20,22
Var. Acumulada	25,29	47,94	29,08	54,49	27,84	48,87

Para o ambiente sequeiro o primeiro componente principal (CP1) reteve 29,08% da variância original e as características que explicaram a retenção foram PH, Fenol, ABTS, FRAP, K, Na, Ci1, E1, *gs*1, EUA1, EiC1, ci2, A2, EUA2 e EiC2. No caso do segundo

componente principal (CP2) reteve 25,45% da variância original explicada pelos componentes de rendimento, teores nutricionais, pelas as trocas gasosas da 2ª avaliação, e as características *ci1*, *E1*, *A1* e *EiC1*.

No caso de C+S, os dois primeiros autovalores explicaram 48,87% da variância, sendo que: CP1 reteve 27,84% de variância e Prod, *E1*, *gs1*, *A1*, *EiC1* e *Ci2* apresentaram correlações significativas com o componente; CP2 reteve 20,22 % de variância e ficou explicado por *A2*, *EUA2* e *EiC2*. A Figura 13 apresenta os planos bidimensionais formados por CP1 x CP2. A análise do gráfico permite verificar que a restrição hídrica influenciou na variação das respostas dos genótipos estudados.

O maior número de genótipos foi discriminado no ambiente Controle (cor verde) as cultivares VI 14950, VI 14050, BRS 264, VI 14050, VI 14026, VI 131313, VI 130679 para as características *Ci1*, *E1*, *E2*, *A1*, *EiC1* *EiC2*, Prod, ABTS, *gs1* e *gs2*. A maioria dos genótipos se localizaram o lado esquerdo inferior. O ambiente sequeiro (cor laranja) para as características *EUA1*, *EUA2*, *Amo*, *K*, *Pro*, *Fenol* e sendo elas: VI 14118, VI 14774, VI 14980, VI 14001, VI 14867, VI 14055, VI 130755, VI 130758, VI 131313, VI 130679 e VI 14026. A alta correlação entre uma característica e componente indica que a característica está associada à direção da quantidade mínima ou máxima de variabilidade no conjunto de dados (NIARI KHAMSSI; NAJAPHY, 2018). Portanto, a análise de componentes principais tem sido usada com sucesso para desenvolver novas hipóteses e entender a resposta de características complexas a tratamentos impostos (GRZESIAKA et al., 2018).

No lado esquerdo, observa-se a maioria dos genótipos em déficit hídrico, opostas aos vetores dos componentes de produção. Dessa forma o presente estudo concorda com os resultados de estudos anteriores, em que, a restrição hídrica afeta o crescimento e em particular durante os estágios reprodutivos e de enchimento de grãos (POUR-ABOUGHADAREH et al., 2020). O padrão de alocação de biomassa é afetado como resultado dos efeitos danosos do déficit hídrico e processos de resguarda para o bem estar da planta (BAKHSHANDEH et al., 2018).

Enquanto que a proximidade entre o maior número de genótipos no sequeiro com a eficiência de uso de água nos dois pontos de avaliação pode ser explicado que ao nível da planta condições de déficit hídrico os genótipos com maior *EUA* têm menor impacto negativo do estresse (POÇO et al., 2020). Geralmente plantas com maior eficiência do uso de água apresentam maior sistema de prevenção dos tecidos e células de danos oxidativos e de membrana devido à sistema de sinalização precoce, defesa antioxidante e regulação osmótica.

As relações entre as características e os genótipos de trigo são representadas pelo biplot dos componentes principais na Figura 14A e 14B para os ambientes controle e sequeiro. O biplot GT dos genótipos de trigo no ambiente controle ilustrou a variação total de 47,62%, para PCA 1 e PCA 2 (Figura 14a). Nos 18 genótipos de trigo no ambiente controle, as variáveis Prod e M100 foram negativamente associadas em PC1 e positivamente relacionadas em PC2, com menor magnitude devido ao entre comprimento de vetor entre todas as características.

Os genótipos VI 14055 e VI 14001 foram os maiores produtivos, pois estão localizados próximos das características de rendimento de grãos e massa de 100 grãos. Os genótipos VI 14118 e VI 14867 apresentaram menores desempenhos, no entanto mais próximos da eficiência de uso da água. E os genótipos VI 14026 e VI 14050 apresentaram mais indesejáveis por localizar-se abaixo das linhas verticais e horizontais. Condições favoráveis de cultivo permite que as plantas expressem a maximização do desempenho agrônômico e ecofisiológico.

No ambiente sequeiro, a dispersão dos genótipos e as correlações entre as características foram alteradas em relação ao ambiente controle. A execução média dos genótipos de trigo pelo biplot GT ilustrou a variação total de 56,32% das informações institucionalizadas no ambiente sequeiro (Figura 14b). A proporção de genótipos indesejáveis e desejáveis foram o mesmo no ambiente sequeiro.

Os componentes de rendimento, como Prod, M100 e PH, foram negativamente aliada em PC1 e positivamente conectada em PC2, com umas das menores magnitude. A maioria das características de trocas gasosas apresentaram maiores comprimentos de vetor entre todas as variáveis estudadas, logo apresentaram maior magnitude e grande contribuição para variação geral. Com a restrição hídrica, um dos primeiros metabolismos afetado são as trocas gasosas, uma vez que a planta em condições de seca, geralmente, promove o fechamento dos estômatos para limitar a transpiração e, eventualmente, conservar a água da perda excessiva (FLEXAS et al., 2004; EAMUS et al., 2008).

De acordo com a Figura 14B, os genótipos VI 14668, VI 9007 e 14426 tiveram melhor desempenho porque estão localizados no centro do eixo horizontal e localizados próximos a produtividade e massa de grãos. O uso de genótipos de alta produtividade em ambientes de restrição hídrica é uma abordagem eficiente para diminuir seus efeitos danosos (ANWAAR et al., 2020). Uma vez que características complexas como rendimento de grãos que são altamente influenciadas pelo ambiente e fundamentais para entender a base genética da estabilidade entre ambientes (JULIANA et al., 2019).

Para os genótipos VI 14118 e VI 14774 apresentaram menor desempenho, no entanto desejáveis por estarem acima da linha do eixo vertical e próximos a eficiência de uso de água e carboxilação após 19 dias de restrição hídrica. Geralmente, plantas com alta eficiência de uso de água e carboxilação conseguem por meio de uma combinação de tamanho reduzido da abertura estomática e aumento da atividade fotossintética, no entanto, podem não refletir em um aumento na produção de grãos (MEGA et al., 2019).

O genótipo VI 131313 apresentou menor desempenho agrônômico e ecofisiológico no ambiente sequeiro, podendo inferir a alta sensibilidade do genótipo a restrição hídrica. O trigo é geralmente uma cultura sensível ao déficit hídrico, com bases moleculares mais ineficientes que podem representar diminuição de até 27% no rendimento de grãos (SHARMA et al. 2015; MA et al., 2019).

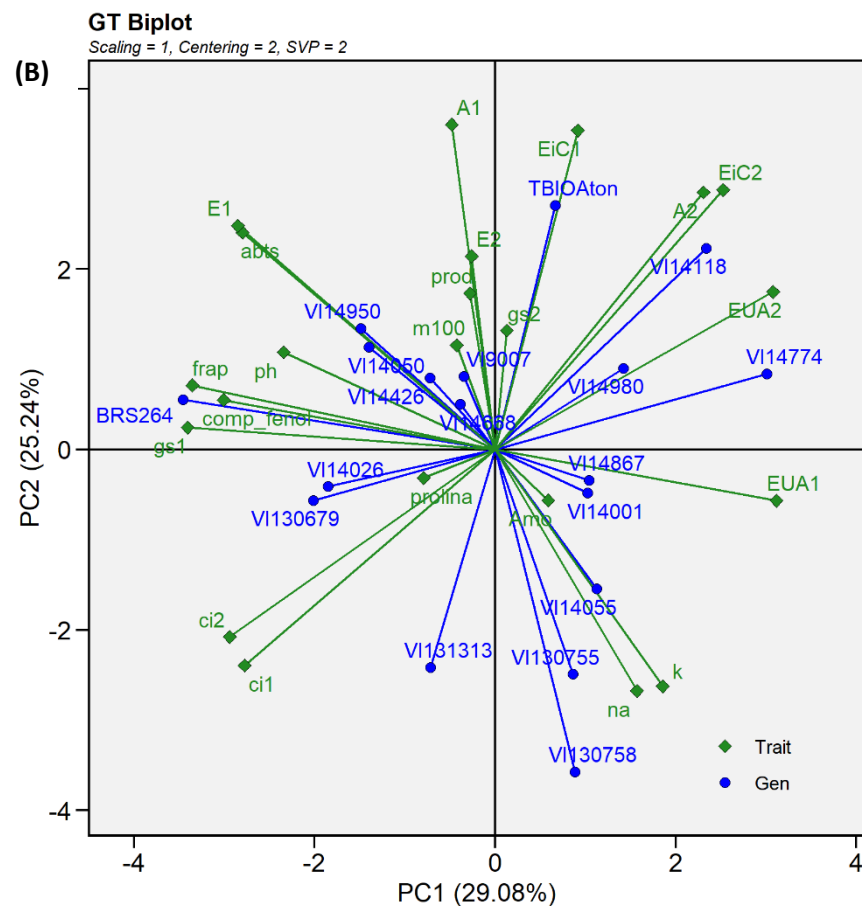
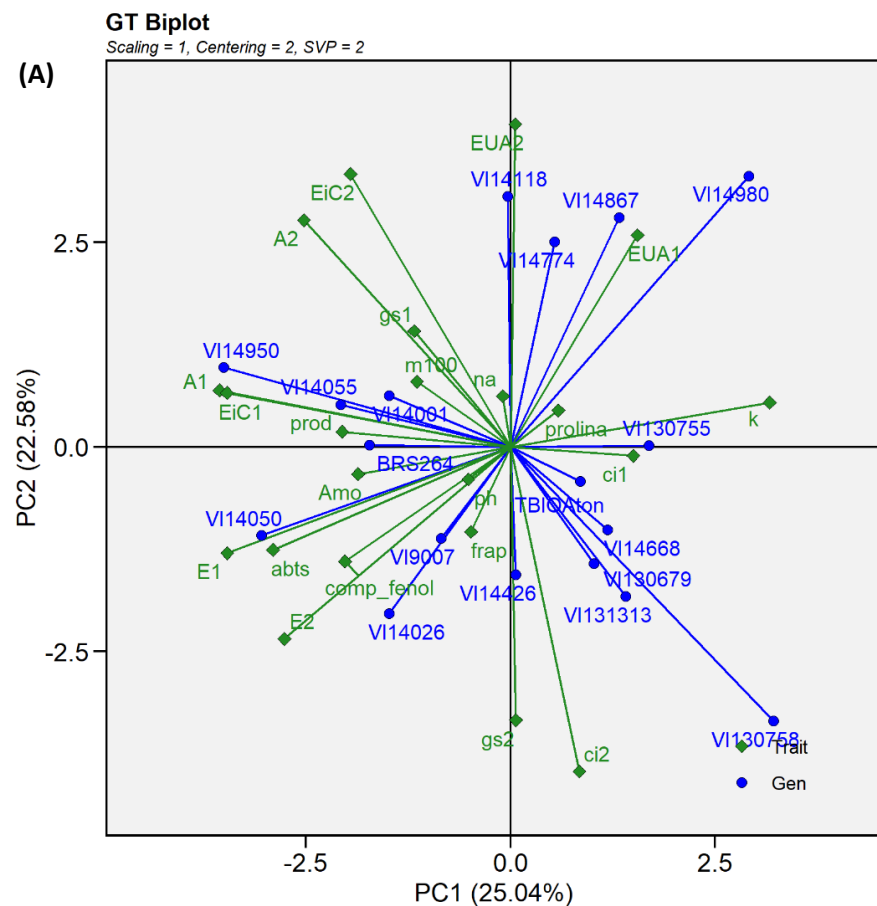


Figura 14. Gráfico GTBiplot para a análise de componentes principais de genótipos de trigo para os ambientes C+S. Produtividade (Prod), massa de grãos (M100), peso hectolitro (PH), compostos fenólicos (Fenol), capacidade antioxidante pelo método ABTS (ABTS), capacidade antioxidante pelo método FRAP (FRAP), prolina (Pro), potássio (K), Sódio (Na), concentração de amônio (Amo), concentração de carbono interno (Ci1 e Ci2), taxa de transpiração (E1 e E2), condutância estomática (gs1 e gs2), taxa fotossintética (A1 e A2), eficiência do uso de água (EUA1 e EUA2) e eficiência de carboxilação (EiC1 e EiC2).

5. CONCLUSÃO

Em geral, o déficit hídrico causou nos genótipos redução nos componentes de rendimento, aumento na expressão de metabólitos primário e secundário, inibição dos parâmetros fotossintéticos e aumento na eficiência de uso de água e carboxilação.

Os genótipos do Programa Trigo - UFV VI 14980 e 14001 apresentaram maiores percentuais no rendimento de grãos quando submetidos a déficit hídrico. Cada genótipo apresentou um mecanismo de defesa metabólico, no caso do genótipo VI 14001 a alta concentração de prolina intrínseca do genótipo podem ter sido responsável pela a manutenção da osmorregulação e permitiu aumento da eficiência de uso de água e carboxilação na situação de déficit hídrico. Para o genótipo VI 14980, a estabilidade no rendimento de grãos pode ter sido alcançada pelo o aumento de compostos fenólicos, prolina e amônio.

Na análise de distância genótipo - ideótipo, destacaram-se VI 130679, VI 14001, VI 14050, VI 14774 e VI 14950 sob déficit hídrico. Nas análises de componentes principais, os genótipos VI 14774, VI 14118, VI 14980, VI 14867, 14001 e 14055 apresentaram médias mais elevadas. Já no GT Biplot, os genótipos VI 14668, VI 9007 e VI 14426 foram os mais produtivos.

A restrição hídrica promoveu expressiva alteração na magnitude e significância da estimativa das correlações fenotípicas. Poucas correlações significativas entre as características avaliadas e o rendimento de grãos, com exceção ao peso hectolitro foram. As capacidades antioxidantes medidas pelo ABTS e FRAP possuem alta correlação com as trocas gasosas, em especial a eficiência de uso de água.

Com base na distância genótipo-ideótipo, observou-se que os genótipos VI 14001 e VI 14774 apresentaram ideótipo para a tolerância à seca. Na análise de componentes principais, os genótipos VI 14774, VI 14118, VI 14980, VI 14867, 14001 e 14055 apresentaram médias superiores. Enquanto que, na análise GT Biplot os genótipos VI 14668, VI 9007 e VI 14426 foram os mais produtivos, e o genótipo VI 14118 destacou-se pela superioridade na eficiência no uso de água e carboxilação em ambos os ambientes contrastantes.

Ademais, o presente estudo fornece informações que irão contribuir para profissionais das ciências agrárias, pois são poucas pesquisas as quais relacionam simultaneamente as características agrônômicas, fisiológicas e bioquímicas para a cultura do trigo sob déficit hídrico.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABHINANDAN, K. et al. **Abiotic Stress Signaling in Wheat – An Inclusive Overview of Hormonal Interactions During Abiotic Stress Responses in Wheat** *Frontiers in Plant Science*, 2018. Disponível em: <<https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fpls.2018.00734>>

ACEVEDO, E.; SILVA, P.; SILVA, H. Wheat growth and physiology. In: CURTIS, B. C.; RAJARA, S.; MACPHERSON, H. G. (Eds.). **Bred Wheat - improvement and production**. Roma: FAO, 2002. p. 39–70.

AGATI, G.; AZZARELLO, E.; POLLASTRI, S.; TATTINI, M. Flavonoids as antioxidants in plants: location and functional significance. *Plant Sci.*, 196 (2012), pp. 67-76M.

AHMED, H. G. et al. **Selection Criteria for Drought-Tolerant Bread Wheat Genotypes at Seedling Stage Sustainability**, 2019.

AHMED, K.; SHABBIR, G.; AHMED, M.; KAUSAR NAWAZ SHAH. Phenotyping for drought resistance in bread wheat using physiological and biochemical traits. *Science of The Total Environment*, vol. 729, p. 139082, Aug. 2020.

AHMED; ZENG, Y.; YANG, X.; HAFIZ ARSLAN ANWAAR; MUHAMMAD ZEESHAN MANSHA; CH M.SHAHID HANIF; IKRAM, K.; ULLAH, A.; SULIMAN, M. Conferring drought-tolerant wheat genotypes through morpho-physiological and chlorophyll indices at seedling stage. *Saudi Journal of Biological Sciences*, vol. 27, no. 8, p. 2116–2123, Aug. 2020.

AKCURA M, KOKTEN K. Variations in grain mineral concentrations of Turkish wheat landraces germplasm. *Quality Assurance and Safety of Crops & Foods*. 2017; 9(2):153-159.

AKTER, N.; RAFIQUUL ISLAM, M. Heat stress effects and management in wheat. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, v. 37, n. 5, p. 37, 2017.

ALLAHVERDIYEV, T.; JAHANGIROV, A.; HUSEYNOVA, I. Dry matter remobilization, yield and yield components of durum (*Triticum durum* desf.) and bread (*Triticum aestivum* L.) wheat genotypes under drought stress. *Pak. J. Bot*, vol. 50, no. 5, p. 1745–1751, 2018.

AMAROWICZ R.; PEGG R. B.; RAHIMI-MAGHADDAM P.; BARL B.; WEIL J.Á. Free-radical scavenging capacity and antioxidant activity of selected plant species from the Canadian prairies. *Food Chem*, 2004, v. 8, p.551–562.

ANWAAR, H. A.; PERVEEN, R.; ZEESHAN MANSHA, M.; ABID, M.; SARWAR, Z. M.; AATIF, H. M.; DIN, U. ud; SAJID, M.; ASLAM, H. M. U.; ALAM, M. M.; RIZWAN, M.; IKRAM, R. M.; SULIMAN, M.; RASHID, A.; KHAN, K. A. Assessment of grain yield indices in response to drought stress in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Saudi Journal of Biological Sciences*, vol. 27, p. 1818–1823, 2020.

ASLAM, Z.; KHATTAK, J. Z. K.; AHMED, M. Drought Tolerance in Cereal Grain Crops Under Changing Climate. In: **Quantification of Climate Variability, Adaptation and**

- Mitigation for Agricultural Sustainability.** [s.l.] Springer International Publishing, 2017. p. 181–209.
- ASSENG, S. et al. Climate change impact and adaptation for wheat protein. **Global Change Biology**, v. 25, n. 1, p. 155–173, 1 jan. 2019.
- ASSENG, S. et al. Rising temperatures reduce global wheat production. **Nature Climate Change**, v. 5, n. 2, p. 143–147, 2015.
- ATLIN, G. N.; CAIRNS, J. E.; DAS, B. Rapid breeding and varietal replacement are critical to adaptation of cropping systems in the developing world to climate change. **Global Food Security**, v. 12, p. 31–37, 2017.
- AVRAMOVA, V.; ABDELGAWAD, H.; VASILEVA, I.; PETROVA, A. S.; HOLEK, A.; MARIËN, J.; ASARD, H.; BEEMSTER, G. T. S. High antioxidant activity facilitates maintenance of cell division in leaves of drought tolerant maize hybrids. **Frontiers in Plant Science**, vol. 8, no. FEBRUARY, p. 84, Feb. 2017.
- BADR, A.; BRÜGGEMANN, W. Special issue in honour of Prof. Reto J. Strasser - Comparative analysis of drought stress response of maize genotypes using chlorophyll fluorescence measurements and leaf relative water content. **Photosynthetica**, v. 58, n. SPECIAL ISSUE, p. 638–645, 28 maio 2020.
- BAKSHANDEH, S.; CORNEO, P. E.; YIN, C.; DIJKSTRA, F. A. Drought and heat stress reduce yield and alter carbon rhizodeposition of different wheat genotypes. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v. 205, n. 2, p. 157–167, 29 out. 2018.
- BATOOL, A.; NUDRAT AISHA AKRAM; ZHENG GUO CHENG; GUANG CHAO LV; ASHRAF, M.; AFZAL, M.; JUN LAN XIONG; JIAN YONG WANG; YOU CAI XIONG. Physiological and biochemical responses of two spring wheat genotypes to non-hydraulic root-to-shoot signalling of partial and full root-zone drought stress. **Plant Physiology and Biochemistry**, vol. 139, p. 11–20, Jun. 2019.
- BERKMAN, P. J. et al. Dispersion and domestication shaped the genome of bread wheat. **Plant Biotechnology Journal**, v. 11, n. 5, p. 564–571, 1 jun. 2013.
- BLUM, A. Effective use of water (EUW) and not water-use efficiency (WUE) is the target of crop yield improvement under drought stress. **Field Crop. Res.** 2009, 112, 119–123.
- BLUM, A.; BLUM, A. Drought resistance, water-use efficiency, and yield potential—are they compatible, dissonant, or mutually exclusive? **Australian Journal of Agricultural Research**, vol. 56, no. 11, p. 1159–1168, Nov. 2005.
- BÖHM, K.; SMIDT, E.; TINTNER, J. Application of Multivariate Data Analyses in Waste Management. In **Multivariate Analysis in Management, Engineering and the Sciences**; de Freitas, L.V., de Freitas, A.P.B.R., Eds.; IntechOpen: London, UK, 2013.
- BONJEAN, A. P.; ANGUS, W. J. **The world wheat book—a history of wheat breeding.** Paris: Lavoisier Publishing, 2011. v. 2
- BORNHOFEN, E.; BENIN, G.; STORCK, L.; WOYANN, L. G.; DUARTE, T.; STOCO, M. G.; MARCHIORO, S. V. Statistical methods to study adaptability and stability of wheat genotypes. **Bragantia**, vol. 76, no. 1, p. 1–10, Mar. 2017.

BOSCHINI, A. P. M.; SILVA, C. L. da; OLIVEIRA, C. A. da S.; OLIVEIRA JÚNIOR, M. P. de; MIRANDA, M. Z. de; FAGIOLI, M. Aspectos quantitativos e qualitativos do grão de trigo influenciados por nitrogênio e lâminas de água. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, vol. 15, no. 5, p. 450–457, 2011.

BRENNAN, R.F.; BOLLAND, M.D.A. Comparing the nitrogen and potassium requirements of canola and wheat for yield and grain quality. **J. Plant Nutr.**, 32 (2009), pp. 2008-2026.

CAFÉ, S. L. et al. **Cadeia produtiva do trigo**. 18. ed. Rio de Janeiro, RJ: BNDES Setorial, 2003.

CAMPOGARA, A. et al. O ATUAL CONTEXTO DA PRODUÇÃO DE TRIGO NO RIO GRANDE DO SUL. **Revista Eletrônica em Gestão, Educação e Tecnologia Ambiental; REGET**, V. 19, N. 2, MAY-AUG., 2015 DO - 10.5902/2236117015437 , 26 nov. 2014.

CAVERZAN, A.; CASASSOLA, A.; BRAMMER, S. P. **Antioxidant responses of wheat plants under stress** *Genetics and Molecular Biology sciELO* , , 2016.

CHAGAS, J. H. et al. **Informações fitotécnicas das cultivares de trigo BRS 254, BRS 264 e BRS 394 para o sistema irrigado do Cerrado do Brasil Central**. Passo Fundo - RS: [s.n.]. Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1125177/1/CirTec-54.pdf>>. Acesso em: 19 fev. 2021.

CHANTRET, N. et al. Molecular Basis of Evolutionary Events That Shaped the Hardness Locus in Diploid and Polyploid Wheat Species (Triticum and Aegilops). **The Plant Cell**, v. 17, n. 4, p. 1033 LP – 1045, 1 abr. 2005.

CHATER, C. C. C.; COVARRUBIAS, A. A.; ACOSTA-MASPONS, A. **Crop Biotechnology for Improving Drought Tolerance: Targets, Approaches, and Outcomes** *Annual Plant Reviews online: Major Reference Works.*, 20 fev. 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1002/9781119312994.apr0669>>

CHAVES, M. M.; J. MIGUEL COSTA; MADEIRA, N. J. Recent advances in photosynthesis under drought and salinity. **Advances in Botanical Research**, vol. 57, p. 49–104, Jan. 2011.

CONAB. Análise Mensal: Trigo (dezembro). **Conab**, 2020.

CONAB. Análise Mensal: Trigo (dezembro). **Conab**, 2021.

CRUZ, C. D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, vol. 35, no. 3, p. 271–276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.

CRUZ, C.D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum*. v.38, n.4, p.547-552, 2016

CUI, Y. N.; XIA, Z. R.; MA, Q.; WANG, W. Y.; CHAI, W. W.; WANG, S. M. The synergistic effects of sodium and potassium on the xerophyte *Apocynum venetum* in response to drought stress. **Plant Physiology and Biochemistry**, vol. 135, p. 489–498, Feb. 2019.

- DASZKOWSKA-GOLEC, A.; SZAREJKO, I. Open or close the gate—Stomata action under the control of phytohormones in drought stress conditions. **Front. Plant Sci.** 2013, 4, 138.
- DEL POZO, Alejandro; MÉNDEZ-ESPINOZA, Ana María; ROMERO-BRAVO, Sebastián; et al. Genotypic variations in leaf and whole-plant water use efficiencies are closely related in bread wheat genotypes under well-watered and water-limited conditions during grain filling. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, 2020.
- DJOUADI, K.; AREZKI MEKLIČHE; DAHMANI, S.; NADIA INSAF LADJIAR; ABID, Y.; ZAKARIA SILARBI; ABDELMADJID HAMADACHE; PISANTE, M. Durum wheat yield and grain quality in early transition from conventional to conservation tillage in semi-arid mediterranean conditions. **Agriculture** 2021, Vol. 11, Page 711, vol. 11, no. 8, p. 711, Jul. 2021.
- DODSON, J. R. et al. Origin and spread of wheat in China. **Quaternary Science Reviews**, v. 72, p. 108–111, 2013.
- DUBCOVSKY, J.; DVORAK, J. Genome Plasticity a Key Factor in the Success of Polyploid Wheat Under Domestication. **Science**, v. 316, n. 5833, p. 1862 LP – 1866, 29 jun. 2007.
- DUGASA, M. T.; CAO, F.; IBRAHIM, W.; WU, F. Differences in physiological and biochemical characteristics in response to single and combined drought and salinity stresses between wheat genotypes differing in salt tolerance. **Physiologia Plantarum**, vol. 165, no. 2, p. 134–143, Feb. 2019.
- EAMUS, D.; TAYLOR, D. T.; MACINNIS-NG, CATRIONA M. O; SHANAHAN, S.; SILVA, D. Comparing model predictions and experimental data for the response of stomatal conductance and guard cell turgor to manipulations of cuticular conductance, leaf-to-air vapour pressure difference and temperature: feedback mechanisms are able to account for all observations. **Plant, Cell & Environment**, vol. 31, p. 269–277, 2008.
- EGILLA, J. N.; DAVIES, F. T.; DREW, M. C. Effect of potassium on drought resistance of *Hibiscus rosa-sinensis* cv. Leprechaun: Plant growth, leaf macro- and micronutrient content and root longevity. **Plant and Soil** 2001 229:2, vol. 229, no. 2, p. 213–224, 2001.
- EID, M. H. Estimation of heritability and genetic advance of yield traits in wheat (*Triticum aestivum* L.) under drought condition. **International Journal of Genetics and Molecular Biology**, vol. 1, no. 7, p. 115–120, 2009.
- EID, M. H. Estimation of heritability and genetic advance of yield traits in wheat (*Triticum aestivum* L.) under drought condition. **International Journal of Genetics and Molecular Biology**, vol. 1, no. 7, p. 115–120, 2009.
- EL BAIDOURI, M. et al. Reconciling the evolutionary origin of bread wheat (*Triticum aestivum*). **New Phytologist**, v. 213, n. 3, p. 1477–1486, 1 fev. 2017.
- FAO. FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **The State of Food and Agriculture 2019. Moving forward on food loss and waste reduction.** [S. l.: s. n.], 2019.
- FAO. **Perspectivas de cosechas y situación alimentaria, No. 1, marzo 2020.** [s.l.] FAO, 2020.

- FARALLI, M.; COCKRAM, J.; OBER, E.; WALL, S.; GALLE, A.; JEROEN VAN RIE; RAINES, C.; LAWSON, T. Genotypic, developmental and environmental effects on the rapidity of *gs* in Wheat: Impacts on carbon gain and water-use efficiency. **Frontiers in Plant Science**, vol. 10, p. 492, Apr. 2019.
- FAROOQ, M.; WAHID, A.; KOBAYASHI, N.; FUJITA, D.; BASRA, S.M.A. Plant drought stress: Effects, mechanisms and management. **Agron. Sustain. Dev.** 2009, 29, 185–212.
- FAROOQ, M.; WAHID, A.; KOBAYASHI, N.; FUJITA, D.; S. M.A. BASRA. Plant drought stress: Effects, mechanisms and management. **Sustainable Agriculture**, vol. 29, p. 153–188, 2009.
- FEI, S. et al. Divergence of species responses to climate change. **Science Advances**, v. 3, n. 5, p. e1603055, 1 maio 2017.
- FELLAHI, Z. E. A.; HANNACHI, A.; BOUZERZOUR, H. Analysis of direct and indirect selection and indices in bread wheat (*Triticum aestivum* l.) segregating progeny. **International Journal of Agronomy**, vol. 2018, 2018.
- FIRMANSYAH; ARGOSUBEKTI, N. A review of heat stress signaling in plants. **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**, v. 484, p. 12041, 2020.
- FLEXAS, J.; BOTA, J.; LORETO, F.; CORNIC, G.; SHARKEY, T. D. Diffusive and metabolic limitations to photosynthesis under drought and salinity in C3 plants. **Plant Biology**, vol. 6, no. 3, p. 269–279, May 2004.
- GALINDO, F. S. et al. Wheat yield in the Cerrado as affected by nitrogen fertilization and inoculation with *Azospirillum brasilense*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 2017.
- GAZAL, A.; LONE, A.; YASIN BABA, A. Breeding climate change resilient maize and wheat for food security Fodder maize improvement View project Drought Tolerance Assessment in Temperate Maize Inbred Lines View project. **Archives of Agriculture and Environmental Science**, v. 2, n. 2, p. 129–133, 2017.
- GEIGER, DIETMAR; SCHERZER, SONKE; MUMM, PATRICK; STANGE, A.; MARTEN, I., ACHE, P.; MATSCHI,S.; LIESE, A.; AL-RASHEID, .; K. A. S.; ROMEIS, T.; HEDRICH, R. Activity of guard cell anion channel SLAC1 is controlled by drought-stress signaling kinase-phosphatase pair. **PNAS**.
- GHODKE, P. H.; RAMAKRISHNAN, S.; SHIRSAT, D. V.; VANI, G. K.; ARORA, A. Morphological characterization of wheat genotypes for stay green and physiological traits by multivariate analysis under drought stress. **Plant Physiology Reports**, vol. 24, no. 3, p. 305–315, Sep. 2019.
- GIRALDO, P. et al. **Worldwide Research Trends on Wheat and Barley: A Bibliometric Comparative Analysis** *Agronomy* , 2019.
- GUO, X.; XIN, Z.; YANG, T.; MA, X.; ZHANG, Y.; WANG, Z.; REN, Y.; LIN, T. Metabolomics response for drought stress tolerance in chinese wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.). **Plants** **2020**, Vol. **9**, Page **520**, vol. 9, no. 4, p. 520, Apr. 2020.
- GUTKOSKI, L. C. et al. **Características tecnológicas de génotipos de trigo (*Triticum aestivum* L.) cultivados no cerrado** *Ciência e Agrotecnologia sciELO* , , 2007.

HASANUZZAMAN, M. et al. Drought stress tolerance in wheat: Omics approaches in understanding and enhancing antioxidant defense. In: ZARGAR, S.; ZARGAR, M. (Eds.). . **Abiotic Stress-Mediated Sensing and Signaling in Plants: An Omics Perspective**. Singapore: Springer, 2018. p. 267–307.

HASSAN, U. A.; OGUNLELA, V. B.; SINHA, T. D. Agronomic performance of wheat (*Triticum aestivum* L.) as influenced by moisture stress at various growth stages and seeding rate. **Journal of Agronomy and Crop Science**, vol. 158, no. 3, p. 172–180, Apr. 1987

HELANDER, Jonathan D.M.; VAIDYA, Aditya S. ; CUTLER, Sean R. Chemical manipulation of plant water use. **Bioorganic & Medicinal Chemistry**, v. 24, n. 3, p. 493–500, 2016. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0968089615301358>>. Acesso em: 18 maio 2022.

HIRANO, J. Effects of rain in ripening period on the grain quality of wheat. **Japan Agricultural Research Quarterly**, Ibaraki, v.10, n.4, p.168-173, 1976.

HU, L.; WANG, Z.; HUANG, B. Diffusion limitations and metabolic factors associated with inhibition and recovery of photosynthesis from drought stress in a C3 perennial grass species. **Physiologia Plantarum**, vol. 139, no. 1, p. 93–106, May 2010.

HURA, T.; HURA, K.; GRZESIAK, S. Leaf dehydration induces different content of phenolics and ferulic acid in drought-resistant and -sensitive genotypes of spring Triticale. **Z. Naturforsch. C** 2009, 64, 85–95.

HUSEYNOVA, I. M. Photosynthetic characteristics and enzymatic antioxidant capacity of leaves from wheat cultivars exposed to drought. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics**, vol. 1817, no. 8, p. 1516–1523, Aug. 2012.

IGREJAS, G.; BRANLARD, G. The importance of wheat. In: IGREJAS, G.; IKEDA, T.; GUZMAN, C. (Eds.). . **Wheat Quality For Improving Processing And Human Health**. [s.l.] Springer International Publishing, 2020. p. 1–7

JEER, M.; YELE, Y.; SHARMA, K.C; PRAKASH, N.B. Aplicação Exógena de Diferentes Fontes de Silício e Potássio Reduz os Danos da Broca-de-Caule Rosa e Melhora a Fotossíntese, Rendimento e Parâmetros Relacionados no Trigo. **Silício**, v. 13 , p. 901-910, 2021.

JULIANA, P.; POLAND, J.; HUERTA-ESPINO, J.; SHRESTHA, S.; JOSÉ CROSSA; CRESPO-HERRERA, L.; FERNANDO HENRIQUE TOLEDO; GOVINDAN, V.; MONDAL, S.; KUMAR, U.; SRIDHAR BHAVANI; SINGH, P. K.; RANDHAWA, M. S.; HE, X.; GUZMAN, C.; DREISIGACKER, S.; ROUSE, M. N.; JIN, Y.; PAULINO PÉREZ-RODRÍGUEZ; MONTESINOS-LÓPEZ, O. A. Improving grain yield, stress resilience and quality of bread wheat using large-scale genomics. **Nature Genetics** 2019 **51:10**, vol. 51, no. 10, p. 1530–1539, Sep. 2019.

JULIANA, P.; POLAND, J.; HUERTA-ESPINO, J.; SHRESTHA, S.; JOSÉ CROSSA; CRESPO-HERRERA, L.; FERNANDO HENRIQUE TOLEDO; GOVINDAN, V.; MONDAL, S.; KUMAR, U.; SRIDHAR BHAVANI; SINGH, P. K.; RANDHAWA, M. S.; HE, X.; GUZMAN, C.; DREISIGACKER, S.; ROUSE, M. N.; JIN, Y.; PAULINO PÉREZ-RODRÍGUEZ; MONTESINOS-LÓPEZ, O. A. Improving grain yield, stress resilience and quality of bread wheat using large-scale genomics. **Nature Genetics** 2019 **51:10**, vol. 51, no. 10, p. 1530–1539, Sep. 2019.

KEISHAM, M.; MUKHERJEE, S.; BHATLA, S. C. Mechanisms of sodium transport in Plants—Progresses and challenges. **International Journal of Molecular Sciences**, vol. 19, no. 3, p. 647, Feb. 2018.

KILIAN, B.; MARTIN, W.; SALAMINI, F. Genetic diversity, evolution and domestication of wheat and barley in the Fertile Crescent. In: **Evolution in Action: Case studies in Adaptive Radiation, Speciation and the Origin of Biodiversity**. [s.l.] Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 2010. p. 137–166

KISHOR, P. B. K.; SANGAM, S.; AMRUTHA, R. N.; LAXMI, P. S.; NAIDU, K. R.; RAO, S.; REDDY, K. J.; THERIAPPAN, P.; SREENIVASULU, N. Regulation of proline biosynthesis, degradation, uptake and transport in higher plants: Its implications in plant growth and abiotic stress tolerance on JSTOR. **Current Science**, vol. 88, no. 3, p. 424–438, Feb. 2005.

KORNDORFER, G. H. Elementos benéficos. In: FERNANDES, M. S. (Ed.) **Nutrição mineral de plantas**. Viçosa, MG: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, 2006. p.355-374.

KOSAR, F.; AKRAM, N. A.; ASHRAF, M. Exogenously-applied 5-aminolevulinic acid modulates some key physiological characteristics and antioxidative defense system in spring wheat (*Triticum aestivum* L.) seedlings under water stress. **South African Journal of Botany**, vol. 96, p. 71–77, Jan. 2015.

KOSOVÁ, K. et al. IT. Biological networks underlying abiotic stress tolerance in temperate crops—A proteomic perspective. **Int. J. Mol. Sci.** 16, 20913–42 (2015).

KRÓL A.; AMAROWICZ, R.; WEIDNER, S. Changes in the composition of phenolic compounds and antioxidant properties of grapevine roots and leaves (*Vitis vinifera* L.) under continuous of long-term drought stress. **Acta Physiologiae Plantarum**, vol. 36, p. 1491–1499, 2014. <https://doi.org/10.1007/s11738-014-1526-8>

KUMAR, S. et al. Plant responses to drought stress: Physiological, biochemical and molecular basis. In: **Biotic and Abiotic Stress Tolerance in Plants**. [s.l.] Springer Singapore, 2018. p. 1–25.

KUMAR, V.; SHARMA, A.; BAKSHI, P.; BHARDWAJ, R.; ASHWANI KUMAR THUKRAL. Multivariate analysis on the distribution of elements in plants. **Acta Physiologiae Plantarum 2018 40:11**, vol. 40, no. 11, p. 1–29, Oct. 2018.

LAMAQUI, M. et al. **Heat and Drought Stresses in Crops and Approaches for Their Mitigation** *Frontiers in Chemistry*, 2018. Disponível em: <<https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fchem.2018.00026>>

LANDI, S. et al. **Poaceae vs. Abiotic Stress: Focus on Drought and Salt Stress, Recent Insights and Perspectives** *Frontiers in Plant Science*, 2017. Disponível em: <<https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fpls.2017.01214>>

LAVIOLA, B. G.; DELMAR, S.; CRISTINA, A.; ROCHA, R. B.; PIRES, J.; ALBRECHT, J. C.; ALVES, A. A.; ROSADO, T. B. Desempenho agrônomo e ganho genético pela seleção de pinhão-mansão em três regiões do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, vol. 49, no. 5, p. 356–363, 2014.

LAWSON, T.; BLATT, M. R. Stomatal size, speed, and responsiveness impact on

- photosynthesis and water use efficiency. **Plant Physiology**, vol. 164, no. 4, p. 1556–1570, Apr. 2014.
- LAWSON, T.; WEYERS, J. Spatial and temporal variation in gas exchange over the lower surface of *Phaseolus vulgaris* L. primary leaves. **Journal of Experimental Botany**, vol. 50, no. 337, p. 1381–1391, Aug. 1999.
- LI, L. et al. Genetic dissection of drought and heat-responsive agronomic traits in wheat. **Plant, Cell & Environment**, v. 42, n. 9, p. 2540–2553, 1 set. 2019.
- LI, X.; ZHANG, L.; AHAMMED ,G.J.; LI, Z.; WEI, J.; SHEN, C. Stimulation in primary and secondary metabolism by elevated carbon dioxide alters green tea quality in *Camellia sinensis* L **Sci. Rep.**, 7 (2017), pp. 1-12.
- LIU, E. K. et al. Effects of water stress on photosynthetic characteristics, dry matter translocation and WUE in two winter wheat genotypes. **Agricultural Water Management**, v. 167, p. 75–85, 2016.
- LIU, Shiwei; LV, Zongyou; LIU, Yihui; et al. Network analysis of ABA-dependent and ABA-independent drought responsive genes in *Arabidopsis thaliana*. **Genetics and Molecular Biology**, v. 41, n. 3, p. 624–637, 2018.
- LOU, L.; LI, X.; CHEN, J.; LI, Y.; TANG, Y.; JINYIN LV. Photosynthetic and ascorbate-glutathione metabolism in the flag leaves as compared to spikes under drought stress of winter wheat (*Triticum aestivum* L.). **PLOS ONE**, vol. 13, no. 3, p. e0194625, Mar. 2018.
- LU, Y.; L. YEAP FOO. Antioxidant and radical scavenging activities of polyphenols from apple pomace. **Food Chemistry**, vol. 68, no. 1, p. 81–85, Jan. 2000.
- MAHER HAFEZ, E.; GHARIB, H. S. Effect of exogenous application of ascorbic acid on physiological and biochemical characteristics of wheat under water stress. **International Journal of Plant Production**, v. 10, n. 4, p. 579–596, 2016.
- MAMRUTHA, H. M. et al. Physiological and Molecular Basis of Abiotic Stress Tolerance in Wheat. In: RAJPAL, V. et al. (Eds.). . **Genetic Enhancement of Crops for Tolerance to Abiotic Stress: Mechanisms and Approaches**. [s.l.] Springer, Cham, 2019. v. 20p. 99–124.
- MARCUSSEN, T. et al. Ancient hybridizations among the ancestral genomes of bread wheat. **Science**, v. 345, n. 6194, p. 1250092, 18 jul. 2014.
- MARINHO, C. D.; GRAVINA, G. A.; SEBASTIÃO, L. C. A.; ALMEIDA, N. A.; DAHER, R. F.; BRASILEIRO, B. P.; PAULA, T. O. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Indexes in the comparison of pre-commercial genotypes of common bean. **Ciência Rural**, 2014. 44(7), 1159–1165.
- MASHILO, J.; ODINDO, A. O.; SHIMELIS, H. A.; MUSENGE, P.; TESFAY, S. Z.; MAGWAZA, L. S. Drought tolerance of selected bottle gourd [*Lagenaria siceraria* (Molina) Standl.] landraces assessed by leaf gas exchange and photosynthetic efficiency. **Plant Physiology and Biochemistry**, vol. 120, p. 75–87, Nov. 2017..
- MATHEW, I.; H. SHIMELIS; L. MWADZINGENI; R. ZENGENI; M. MUTEMA; V. CHAPLOT. Variance components and heritability of traits related to root: shoot biomass

allocation and drought tolerance in wheat. **Euphytica** **2018 214:12**, vol. 214, no. 12, p. 1–12, Nov. 2018.

MATHEW, I.; H. SHIMELIS; L. MWADZINGENI; R. ZENGENI; M. MUTEMA; V. CHAPLOT. Variance components and heritability of traits related to root: shoot biomass allocation and drought tolerance in wheat. **Euphytica**, vol. 214, no. 12, p. 1–12, Nov. 2018.

MATHUR, S.; TOMAR, R. S.; JAJOO, A. Arbuscular Mycorrhizal fungi (AMF) protects photosynthetic apparatus of wheat under drought stress. **Photosynthesis Research**, v. 139, n. 1, p. 227–238, 2019.

MEDRANO, H.; ESCALONA, J. M.; BOTA, J.; J. GULÍAS; J. FLEXAS. Regulation of photosynthesis of C3 plants in response to progressive drought: Stomatal conductance as a reference parameter. **Annals of Botany**, vol. 89, no. 7, p. 895–905, Jun. 2002.

MEGA, R.; ABE, F.; JUNE SIK KIM; TSUBOI, Y.; TANAKA, K.; KOBAYASHI, H.; SAKATA, Y.; HANADA, K.; TSUJIMOTO, H.; KIKUCHI, J.; CUTLER, S. R.; OKAMOTO, M. Tuning water-use efficiency and drought tolerance in wheat using abscisic acid receptors. **Nature Plants** **2019 5:2**, vol. 5, no. 2, p. 153–159, Feb. 2019.

MEGA, R.; ABE, F.; JUNE SIK KIM; TSUBOI, Y.; TANAKA, K.; KOBAYASHI, H.; SAKATA, Y.; HANADA, K.; TSUJIMOTO, H.; KIKUCHI, J.; CUTLER, S. R.; OKAMOTO, M. Tuning water-use efficiency and drought tolerance in wheat using abscisic acid receptors. **Nature Plants** **2019 5:2**, vol. 5, no. 2, p. 153–159, Feb. 2019.

MEGA, R.; ABE, F.; JUNE SIK KIM; TSUBOI, Y.; TANAKA, K.; KOBAYASHI, H.; SAKATA, Y.; HANADA, K.; TSUJIMOTO, H.; KIKUCHI, J.; CUTLER, S. R.; OKAMOTO, M. Tuning water-use efficiency and drought tolerance in wheat using abscisic acid receptors. **Nature Plants**, vol. 5, no. 2, p. 153–159, Feb. 2019.

MINGOTI, R.; HOLLER, W. A.; SPADOTTO, C. A. **Produção potencial de trigo no Brasil**. Campinas, SP: [s.n.]. Disponível em: <<http://www.sgte.embrapa.br/institucional/publicacao.html>>. Acesso em: 22 fev. 2021.

MIRALLES, D.J.; SLAFER, G.A. Wheat development. In: SATORRE, E.H.; SLAFER, G.A. (Eds.). *Wheat: ecology and physiology of yield determination*. **New York: Food Products**, 2000. p.13-43

MKHABELA, S. S.; SHIMELIS, H.; ODINDO, A. O.; MASHILO, J. Response of selected drought tolerant wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes for agronomic traits and biochemical markers under drought-stressed and non-stressed conditions. **Acta Agriculturae Scandinavica, Section B — Soil & Plant Science**, vol. 69, no. 8, p. 674–689, Nov. 2019.

MOREIRA, A. et al. Plantas de cobertura do solo recomendadas para a entressafra de milho em Sistema Plantio Direto no cerrado. n. 181, p. 1–8, mar. 2018.

MORI, C. DE; TÔSTO, S. G.; HIRAKURI, M. H. Caracterização e avaliação econômica de sistemas de cultivo de trigo nos Biomas Pampa, Mata Atlântica e Cerrado. - Portal Embrapa. In: TÔSTO, S. et al. (Eds.). **Caracterização e avaliação econômica de sistemas de produção e cultivo de grãos em biomas brasileiros**. Brasília - DF: Embrapa, 2018. p. 197–227

- MORI, C. DE; TÔSTO, S. G.; HIRAKURI, M. H. Caracterização e avaliação econômica de sistemas de cultivo de trigo nos Biomas Pampa, Mata Atlântica e Cerrado. - Portal Embrapa. In: TÔSTO, S. et al. (Eds.). . **Caracterização e avaliação econômica de sistemas de produção e cultivo de grãos em biomas brasileiros**. Brasília - DF: Embrapa, 2018. p. 197–227.
- MUSCOGIURI, G. et al. Nutritional recommendations for CoVID-19 quarantine. **European Journal of Clinical Nutrition**, v. 74, n. 6, p. 850–851, 2020.
- MWADZINGENI, L.; SHIMELIS, H.; DUBE, E.; LAING, M. D.; TSILO, T. J. Breeding wheat for drought tolerance: Progress and technologies. **Journal of Integrative Agriculture**, vol. 15, p. 935–943, 2016b.
- MWADZINGENI, L.; SHIMELIS, H.; TESFAY, S.; TSILO, T. J. Screening of bread wheat genotypes for drought tolerance using phenotypic and proline analyses. **Frontiers in Plant Science**, vol. 7, 2016b.
- NADERI, S.; FAKHERI, B. A.; MAALI-AMIRI, R.; et al. Tolerance responses in wheat landrace Bolani are related to enhanced metabolic adjustments under drought stress. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 150, p. 244–253, 2020.
- NAYYAR, H.; WALIA, D. P. Water stress induced proline accumulation in contrasting wheat genotypes as affected by calcium and abscisic acid. **Biologia Plantarum** 2003 46:2, vol. 46, no. 2, p. 275–279, 2003.
- NEHE, A.; AKIN, B.; SANAL, T.; EVLICE, A. K.; ÜNSAL, R.; DINÇER, N.; DEMIR, L.; GEREN, H.; SEVIM, I.; ORHAN, Ş.; YAKTUBAY, S.; EZICI, A.; GUZMAN, C.; MORGOUNOV, A. Genotype x environment interaction and genetic gain for grain yield and grain quality traits in Turkish spring wheat released between 1964 and 2010. **PLOS ONE**, vol. 14, no. 7, p. e0219432, Jun. 2019.
- NEVES, C. G.; JESUS, O. N. de; LEDO, C. A. da S.; OLIVEIRA, E. J. de. **AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE PARENTAIS E HÍBRIDOS DE MARACUJAZEIRO-AMARELO**. [S. l.: s. n.], 2013.
- NIINEMETS, Ü.; DÍAZ-ESPEJO, A.; FLEXAS, J.; GALMÉS, J.; WARREN, C. R. Role of mesophyll diffusion conductance in constraining potential photosynthetic productivity in the field. **J Exp Bot**, vol. 60, no. 8, p. 2249–2270, Mai 2009.
- NOURI, M. et al. Towards shifting planting date as an adaptation practice for rainfed wheat response to climate change. **Agricultural Water Management**, v. 186, p. 108–119, 2017.
- OLIVEIRA NETO, A. A. DE; SANTOS, C. M. R. **A cultura do trigo**. Brasília: [s.n.], 2017. .Acesso em: 22 fev. 2021.
- OUTOUKARTE, I.; KEROUMI, A. E.; DIHAZI, A. Use of Morpho-physiological Parameters and Biochemical Markers to Select Drought Tolerant Genotypes of Durum wheat. **Journal of Plant Stress Physiology**, p. 01–07, 1 jan. 2019.
- PASINATO, A. et al. **Potential area and limitations for the expansion of rainfed wheat in the Cerrado biome of Central Brazil** *Pesquisa Agropecuária Brasileira* scielo , , 2018.
- PELEG, Z. et al. Genetic analysis of wheat domestication and evolution under domestication. **Journal of Experimental Botany**, v. 62, n. 14, p. 5051–5061, 21 jul. 2011.

- PENG, J. H.; SUN, D.; NEVO, E. Domestication evolution, genetics and genomics in wheat. **Molecular Breeding**, v. 28, n. 3, p. 281, 2011.
- PEREIRA, J. F.; CUNHA, G. R. DA; MORESCO, E. R. **Improved drought tolerance in wheat is required to unlock the production potential of the Brazilian Cerrado Crop Breeding and Applied Biotechnology** scielo , , 2019.
- PETERSON, C.J., et. al. Baking quality of hard winter wheat: response of cultivars to environments in the Great Plains. **Euphytica**, v.100, p.157-162, 1998.
- PETTIGREW, W. T. Potassium influences on yield and quality production for maize, wheat, soybean and cotton. **Physiologia Plantarum**, vol. 133, no. 4, p. 670–681, Aug. 2008
- PIMENTEL-GOMES, F. **O índice de variação: um substituto vantajoso do coeficiente de variação**. Piracicaba: Ipef, 1991. 4p. (Circular técnica, 178).
- PINHEIRO, C. ; CHAVES, M. M. Photosynthesis and drought: can we make metabolic connections from available data? **Journal of Experimental Botany**, v. 62, n. 3, p. 869–882, 2010.
- POUDEL, M. R.; GHIMIRE, S.; MADHAV, P. P.; DHAKAL, K. H.; THAPA, D. B.; POUDEL, H. K. Evaluation of wheat genotypes under irrigated, heat stress and drought conditions. **Journal of Biology and Today's World**, vol. 9, no. 1, p. 1–12, Jan. 2020.
- POUR-ABOUGHADAREH, A.; MOHAMMADI, R.; ETMINAN, A.; *et al.* Effects of Drought Stress on Some Agronomic and Morpho-Physiological Traits in Durum Wheat Genotypes. **Sustainability**, v. 12, n. 14, p. 5610, 2020.
- RAJSEKHAR, D. ;SINGH, V. P. ; MISHRA, A. K. Multivariate drought index: an information theory based approach for integrated drought assessment. **J. Hydrol.**, 526 (2015), pp. 164-182.
- RAKSZEGI, M.; LOVEGROVE, A.; BALLA, K.; LÁSZLÓ LÁNG; BEDO, Z.; OTTÓ VEISZ; SHEWRY, P. R. Effect of heat and drought stress on the structure and composition of arabinoxylan and β -glucan in wheat grain. **Carbohydrate Polymers**, vol. 102, no. 1, p. 557–565, Feb. 2014.
- RAN EREL; ALON BEN-GAL; DAG, A.; SCHWARTZ, A.; URI YERMIYAHU. Sodium replacement of potassium in physiological processes of olive trees (var. Barnea) as affected by drought. **Tree Physiology**, vol. 34, no. 10, p. 1102–1117, Oct. 2014.
- RAO, D. S.; RAGHAVENDRA, M.; GILL, P.; et al. Studies on role of proline, hydrogen peroxide and total antioxidant activity in Wheat (*Triticum aestivum* L.) under drought stress after anthesis. **International Journal of Chemical Studies**, v. 8, n. 6, p. 738–742, 2020.
- RAZA, M.A.S; SALEEM, M.F; SHAH, G.M; et al. Exogenous application of glycinebetaine and potassium for improving water relations and grain yield of wheat under drought. **Journal of soil science and plant nutrition**, v.14, n.2, 2014.
- REDDY, A. R., CHAITANYA, K. V.; VIVEKANANDAN, M. Drought-induced responses of photosynthesis and antioxidant metabolism in higher plants. **J. Plant Physiol.** 161, 1189–1202 (2004).
- REHMAN, S.; MUHAMMAD ALI ABID; MUHAMMAD ASFAND BILAL. Genotype by trait analysis and estimates of heritability of wheat (*Triticum aestivum* L.) under drought and

control conditions Re-assembling genome. **View project Comparative Study View project.** 2015.

RENARD, D.; TILMAN, D. National food production stabilized by crop diversity. **Nature**, vol. 571, no. 7764, p. 257–260, Jun. 2019.

SAIRAM, R. K. ; TYAGI, Aruna. Physiology and molecular biology of salinity stress tolerance in plants. **Current Science**, v. 86, n. 3, p. 407–421, 2004.

SALA, A.; PIPER, F.; HOCH, G. Physiological mechanisms of drought-induced tree mortality are far from being resolved. **New Phytol**, 2010, v.186, p. 274–281.

SALLAM, A. et al. **Drought Stress Tolerance in Wheat and Barley: Advances in Physiology, Breeding and Genetics Research** *International Journal of Molecular Sciences* , 2019.

SANTANA, C. A. M. et al. Cerrado: pilar da agricultura brasileira. In: MATTOS, C. A. et al. (Eds.). . **Dinâmica agrícola no cerrado: análises e projeções**. Brasília - DF: Embrapa, 2020. v. 1p. 39–58.

SATTAR, A.; SHER, A.; IJAZ, M.; UL-ALLAH, S.; RIZWAN, M. S.; HUSSAIN, M.; JABRAN, K.; CHEEMA, M. A. Terminal drought and heat stress alter physiological and biochemical attributes in flag leaf of bread wheat. **PLOS ONE**, vol. 15, p. 1–14, Mai 2020.

SAVEGNAGO, R. P.; CAETANO, S. L.; RAMOS, S. B.; NASCIMENTO, G. B.; SCHMIDT, G. S.; LEDUR, M. C.; MUNARI, D. P. Estimates of genetic parameters, and cluster and principal components analyses of breeding values related to egg production traits in a White Leghorn population. **Poultry Science**, vol. 90, p. 2174–2188, 2011.

SHAH, Z. H.; REHMAN, H. M.; AKHTAR, T.; DAUR, I.; NAWAZ, M. A.; AHMAD, M. Q.; RANA, I. A.; ATIF, R. M.; YANG, S. H.; CHUNG, G. Redox and ionic homeostasis regulations against oxidative, salinity and drought stress in wheat (A Systems Biology Approach). **Frontiers in Genetics**, vol. 8, no. OCT, p. 141, Oct. 2017.

SHEWRY, P. R.; HEY, S. J. The contribution of wheat to human diet and health. **Food and Energy Security**, v. 4, n. 3, p. 178–202, 1 out. 2015.

SHINWARI, Z. K. et al. Genetic engineering approaches to understanding drought tolerance in plants. **Plant Biotechnology Reports**, v. 14, n. 2, p. 151–162, 2020.

SIELING, K.; CHRISTEN, O.; H. RICHTER-HARDER; HANUS, H. Effects of temporary water stress after anthesis on grain yield and yield components in different tiller categories of two spring wheat varieties. **Journal of Agronomy and Crop Science**, vol. 173, no. 1, p. 32–40, Aug. 1994.

SIKDER, S.; FOULKES, J.; WEST, H.; J. DE SILVA; O. GAJU; GREENLAND, A.; HOWELL, P. Evaluation of photosynthetic potential of wheat genotypes under drought condition. **Photosynthetica**, vol. 53, no. 1, p. 47–54, Feb. 2015.

SIMONS, K. J. et al. Molecular Characterization of the Major Wheat Domestication Gene **Genetics**, v. 172, n. 1, p. 547 LP – 555, 1 jan. 2006.

- SKIRY CZ, A.; INZÉ, D. More from less: plant growth under limited water. **Curr. Opin. Biotechnol.**, 21 (2) (2010), pp. 197-203
- SNAPE, J. W.; PÁNKOVÁ, K. *Triticum Aestivum* L (Wheat). In: **eLS**. Chichester, UK: John Wiley & Sons, Ltd, 2013.
- ŠOLA, I.; STIĆ, P.; RUSAK, G. Effect of flooding and drought on the content of phenolics, sugars, photosynthetic pigments and vitamin C, and antioxidant potential of young Chinese cabbage. **European Food Research and Technology** 2021, vol. 247, no. 8, p. 1913–1920, Apr. 2021.
- SOUROUR, A.; AFEF, O.; MOUNIR, R.; MONGI, B. Y. A review: Morphological, physiological, biochemical and molecular plant responses to water deficit stress. **The International Journal Of Engineering And Science**, vol. 6, no. 1, p. 01–04, 2017.
- SOUZA, R. G. de; VIEIRA FILHO, J. E. R. **Produção de trigo no brasil: Indicadores regionais e políticas públicas**. [S. l.]: Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada - Ipea, 2020.
- SOUZA; VIEIRA FILHO, 2020
- SRIVASTAVA, N. Molecular and Biotechnological Tools in Developing Abiotic Stress Tolerance in Wheat. In: HASANUZZAMA, M.; NAHAR, K.; HOSSAIN, M. (Eds.). . **Wheat Production in Changing Environments**. [s.l.] Springer Singapore, 2019. p. 283–341.
- SVOBODA, M. Drought Monitor: A Composite Indicator Approach. **WMO Inter Regional Workshop on Indices and Early Warning Systems for Drought Lincoln**. The U.S., December, 2009, p.8-11.
- SWANN, A. L. S. Plants and Drought in a Changing Climate. **Current Climate Change Reports**, v. 4, n. 2, p. 192–201, 2018.
- SWARUP S.; CARGILL, E. J.; CROSBY, K.; FLAGEL, L.; KNISKERN, J.; GLENN, K. C. Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops. **Crop Science**, vol. 61, no. 2, p. 839–852, Mar. 2021.
- TANNO, K.; WILLCOX, G. How Fast Was Wild Wheat Domesticated? **Science**, v. 311, n. 5769, p. 1886 LP – 1886, 31 mar. 2006.
- TATTINI, D.; REMORINI, P.; PINELLI, G.; AGATI, E.; SARACINI, M.L. TRAVERSI, R. MASSAI Morpho-anatomical, physiological and biochemical adjustments in response to root zone salinity stress and high solar radiation in two Mediterranean evergreen shrubs, *Myrtus communis* and *Pistacia lentiscus* **New. Phytol.**, 170 (2006), pp. 779-794.
- TESTER, M.; DAVENPORT, R. Na⁺ tolerance and Na⁺ transport in higher plants. **Annals of Botany**, vol. 91, no. 5, p. 503–527, Apr. 2003.
- THAPA, S.; REDDY, S. K.; FUENTEALBA, M. P.; XUE, Q.; RUDD, J. C.; JESSUP, K. E.; DEVKOTA, R. N.; LIU, S. Physiological responses to water stress and yield of winter wheat cultivars differing in drought tolerance. **Journal of Agronomy and Crop Science**, vol. 204, no. 4, p. 347–358, Aug. 2018.
- TOUNSI, S.; FEKI, K.; BRINI, F. Abiotic Stress Signaling in Wheat Crop. In: [s.l: s.n.]. p. 261–282.

- TRICKER, P. J. et al. The physiological and genetic basis of combined drought and heat tolerance in wheat. **Journal of Experimental Botany**, v. 69, n. 13, p. 3195–3210, 17 mar. 2018.
- TRICKER, P. J. et al. The physiological and genetic basis of combined drought and heat tolerance in wheat. **Journal of Experimental Botany**, v. 69, n. 13, p. 3195–3210, 17 mar. 2018. *Triticum durum*. **Cereal Chemistry**, v. 76, n. 1, p. 45-49, 1999.
- TRNKA, M.; RÖTTER, R. P.; RUIZ-RAMOS, M.; KERSEBAUM, K. C.; OLESEN, J. E.; ZALUD, Z.; SEMENOV, M. A. Adverse weather conditions for European wheat production will become more frequent with climate change. **Nature Climate Change**, v. 4, n. 7, p. 637–643, 2014.
- UTHAYAKUMARAN, S.; WRIGLEY, C. Chapter 5 - Wheat: Grain-Quality Characteristics and Management of Quality Requirements. In: WRIGLEY, C.; BATEY, I.; MISKELLY, D. B. T.-C. G. (SECOND E. (Eds.). . **Woodhead Publishing Series in Food Science, Technology and Nutrition**. [s.l.] Woodhead Publishing, 2017. p. 91–134.
- VALIFARD, M.; MOHSENZADEH, S.; KHOLDEBARIN, B.; ROWSHAN, V. Effects of salt stress on volatile compounds, total phenolic content and antioxidant activities of *Salvia mirzayanii*. **South African Journal of Botany**, vol. 93, p. 92–97, Jul. 2014.
- VARSHNEY, R. K.; TUBEROSA, R.; TARDIEU, F. Progress in understanding drought tolerance: from alleles to cropping systems. **Journal of Experimental Botany**, v. 69, n. 13, p. 3175–3179, 6 jun. 2018.
- VARSHNEY, R. K.; TUBEROSA, R.; TARDIEU, F. Progress in understanding drought tolerance: from alleles to cropping systems. **Journal of Experimental Botany**, v. 69, n. 13, p. 3175–3179, 6 jun. 2018
- VERMA, G.; SRIVASTAVA, D.; TIWARI, P.; CHAKRABARTY, D. ROS modulation in crop plants under drought stress. **Reactive Oxygen, Nitrogen and Sulfur Species in Plants: Production, Metabolism, Signaling and Defense Mechanisms**. [S. l.]: John Wiley & Sons, Ltd, 2019. p. 311–336.
- WANG, X. et al. Osmolyte accumulation plays important roles in the drought priming induced tolerance to post-anthesis drought stress in winter wheat (*Triticum aestivum* L.). **Environmental and Experimental Botany**, v. 166, p. 103804, 2019.
- WANG, X., CAI, X., XU, C., WANG, Q.; DAI, S. Drought-Responsive Mechanisms in Plant Leaves Revealed by Proteomics. **Int. J. Mol. Sci.** 17, 1706 (2016).
- WARAICH, E.A., AHMAD, R.; ASHRAF, M.Y. Role of mineral nutrition in alleviation of drought stress in plants. **Aust. J. Crop. Sci.**, 5 (6) (2011), pp. 764-777
- WASAYA, A.; MANZOOR, S.; YASIR, T. A.; SARWAR, N.; MUBEEN, K.; ISMAIL, I. A.; RAZA, A.; REHMAN, A.; HOSSAIN, A.; SABAGH, A. E. L. Evaluation of fourteen bread wheat (*triticum aestivum* l.) genotypes by observing gas exchange parameters, relative water and chlorophyll content, and yield attributes under drought stress. **Sustainability 2021, Vol. 13, Page 4799**, vol. 13, no. 9, p. 4799, Apr. 2021.

WASSON, A. P.; RICHARDS, R. A.; CHATRATH, R.; MISRA, S. C.; PRASAD, S. V. S.; REBETZKE, G. J.; WATT, J. C. M. Traits and selection strategies to improve root systems and water uptake in water-limited wheat crops. **Journal of Experimental Botany**, v. 63, n. 9, p. 3485–3498, 2012. Disponível em: <<https://academic.oup.com/jxb/article/63/9/3485/583306?login=true>>. Acesso em: 18 maio 2022.

WILKS, D. S. **Statistical Methods in the Atmospheric Sciences Academic Press**, California. 2011.

WOLF, L.; RIZZINI, L.; STRACKE, R.; ULM, R.; RENSING, S.A. The molecular and physiological responses of *Physcomitrella patens* to ultraviolet-B radiation **Plant Physiol.**, 153 (2010), pp. 1123-1134.

WROBEL, M; KARMAK, M; AMAROWICZ, R; FRACZE, E; WEIDNER, S Metabolism of phenolic compounds in *Vitis riparia* seeds during stratification and during germination under optimal and low temperature stress conditions. **Acta Physiol Plant**, 2005, 27:313-320.

YADAV, S.; MISHRA, A. Ectopic expression of C4 photosynthetic pathway genes improves carbon assimilation and alleviate stress tolerance for future climate change. **Physiology and Molecular Biology of Plants**, v. 26, n. 2, p. 195–209, 2020.

YANG, J.; KLOPPER, J. W.; RYU, C. M. Rhizosphere bacteria help plants tolerate abiotic stress. **Trends Plant Sci**, 2009 14: 1-4.

ZAMPIERI, M. et al. Wheat yield loss attributable to heat waves, drought and water excess at the global, national and subnational scales. **Environmental Research Letters**, v. 12, n. 6, p. 64008, 2017.

ZANDALINAS, S. I.; MITTLER, R.; DAMIÁN BALFAGÓN; ARBONA, V.; GÓMEZ-CADENAS, A. Plant adaptations to the combination of drought and high temperatures. **Physiologia Plantarum**, vol. 162, no. 1, p. 2–12, Jan. 2018

ZHANG, Z. Q.; XIANG, J. J.; ZHOU, L. M. Antioxidant activity of three components of wheat leaves: ferulic acid, flavonoids and ascorbic acid. **Journal of Food Science and Technology**, vol. 52, no. 11, p. 7297–7304, Nov. 2015.

ZHENG, X. et al. Wheat and Wheat Hybrids. In: WANG, J.; SUN, B.; TSAO, R. (Eds.). . **Bioactive Factors and Processing Technology for Cereal Foods**. [s.l.] Springer Singapore, 2019. p. 77–102.

ZULUETA, A.; ESTEVE, M. J.; FRÍGOLA, A. ORAC and TEAC assays comparison to measure the antioxidant capacity of food products. **Food Chemistry**, vol. 114, no. 1, p. 310–316, May 2009.

APÊNDICE A – Normas

Tabela com os genótipos que obtiveram maiores e menores valores para as características avaliadas.

Carac.	Maiores Valores						Menores Valores					
	Controle			Sequeiro			Controle			Sequeiro		
Prod	BRS 264	VI 14055	VI 131313	BRS 264	VI 14001	VI 14980	VI 14774	VI 130755	VI 14867	VI 130755	VI 130755	VI 14867
M100	VI 14118	VI 14774	VI 14026	VI 14867	VI 131313	VI 14950	VI 14980	VI 130755	VI 130755	VI 130755	VI 130755	VI 130755
PH	VI 14001	VI 131313	VI 9007	VI 131313	VI 14950	VI 14001	VI 14867	VI 130755	VI 14055	VI 130679	VI 14055	VI 130755
Fenol	VI 14950	VI 14026	VI 130679	VI 14950	VI 130679	VI 14026	VI 14980	VI 130755	TBIO Aton	VI 14867	VI 130755	TBIO Aton
ABTS	VI 14001	VI 14050	VI 14950	VI 14950	VI 14050	VI 130679	VI 14774	VI 14867	VI 14980	VI 14001	VI 130755	VI 131313
FRAP	VI 14026	VI 14055	VI 9007	VI 14950	VI 131313	VI 130679	VI 130755	VI 14118	VI 14001	VI 14001	VI 14774	VI 14118
Pro	VI 130679	VI 14001	VI 14118	VI 130679	VI 14118	VI 14668	VI 9007	VI 14050	VI 14055	VI 131313	VI 14950	VI 9007
K	VI 14867	VI 130679	VI 14668	VI 130755	VI 14774	VI 130755	VI 14055	VI 14950	VI 9007	VI 130679	VI 14118	VI 9007
Na	VI 14774	VI 130755	VI 14118	VI 130755	VI 131313	VI 130755	VI 130755	VI 9007	VI 14980	TBIO Aton	VI 14950	VI 14050
Amo	VI 14668	VI 14950	BRS 264	VI 130679	VI 14118	VI 14980	BRS 264	VI 14867	TBIO Aton	VI 14980	VI 14867	VI 130679
Ci1	VI 131313	VI 14980	VI 14026	VI 130755	BRS 264	VI 131313	VI 14055	VI 14426	VI 14001	TBIO Aton	VI 14774	VI 14118
E1	VI 14050	VI 14950	VI 14026	VI 130755	VI 14055	VI 131313	VI 14774	VI 130755	VI 14980	VI 14050	TBIO Aton	BRS 264
gs1	VI 14867	VI 14050	VI 14026	BRS 264	VI 14026	VI 14668	VI 9007	VI 130755	VI 14426	VI 14001	VI 14867	VI 14055
A1	VI 14050	VI 14950	VI 14055	TBIO Aton	VI 14118	VI 14426	VI 130755	VI 14980	VI 131313	VI 130755	VI 130755	VI 14055
EUA1	VI 14980	VI 14774	VI 14001	VI 14118	VI 14774	VI 130755	VI 14026	VI 14050	VI 130679	VI 14050	BRS 264	VI 14950
EiC1	VI 14950	VI 14001	VI 14050	VI 14118	TBIO Aton	VI 14980	VI 130755	VI 14980	VI 131313	VI 14055	VI 131313	VI 130755
Ci2	VI 130755	VI 14426	VI 131313	VI 130679	VI 131313	BRS 264	VI 14867	VI 14980	VI 14118	VI 14774	TBIO Aton	VI 14001
E2	VI 14026	VI 14050	VI 14426	VI 14118	VI 14426	VI 14668	TBIO Aton	VI 14980	VI 14867	VI 131313	VI 14055	VI 14001
gs2	VI 130755	VI 14026	VI 14426	VI 14668	VI 14867	VI 14426	VI 14118	VI 14980	VI 14867	VI 14055	VI 9007	VI 14001
A2	VI 14950	VI 14118	VI 14774	VI 14774	VI 14118	TBIO Aton	VI 131313	VI 14668	VI 130755	VI 131313	VI 130755	VI 130679
EUA2	VI 14980	VI 14118	VI 14867	VI 14774	TBIO Aton	VI 14001	VI 14426	VI 14026	VI 130755	VI 130755	VI 14026	VI 130679
EiC2	VI 14118	VI 14950	VI 14980	VI 14774	VI 14118	TBIO Aton	VI 131313	VI 14668	VI 130755	VI 130755	VI 131313	VI 130679