

**DIFERENCIAÇÃO MORFOAGRONÔMICA, FISIOLÓGICA E  
RADICULAR DE VARIEDADES DE MILHO-PIPOCA EM AMBIENTE  
COM DÉFICIT HÍDRICO**

**TALLES DE OLIVEIRA SANTOS**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
FEVEREIRO – 2020**

**DIFERENCIAÇÃO MORFOAGRONÔMICA, FISIOLÓGICA E  
RADICULAR DE VARIEDADES DE MILHO-PIPOCA EM AMBIENTE  
COM DÉFICIT HÍDRICO**

**TALLES DE OLIVEIRA SANTOS**

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Orientador: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Junior

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
FEVEREIRO – 2020

### FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S237

Santos, Talles de Oliveira.

Diferenciação morfoagronômica, fisiológica e radicular de variedades de milho-pipoca em ambiente com déficit hídrico / Talles de Oliveira Santos. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

91 f. : il.

Bibliografia: 62 - 76.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2020.

Orientador: Antonio Teixeira do Amaral Junior.

1. Estresse abiótico. 2. Tolerância à seca. 3. *Zea mays*. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

DIFERENCIAÇÃO MORFOAGRONÔMICA, FISIOLÓGICA E  
RADICULAR DE VARIEDADES DE MILHO-PIPOCA EM AMBIENTE  
COM DÉFICIT HÍDRICO

**TALLES DE OLIVEIRA SANTOS**

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”

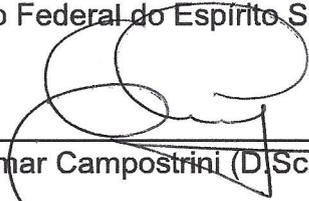
Aprovada em 20 de fevereiro de 2020.

Comissão Examinadora:



---

Prof.ª Monique Moreira Moulin (D.Sc. Genética e Melhoramento de Plantas)  
Instituto Federal do Espírito Santo – *Campus* de Alegre



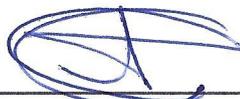
---

Prof. Eliemar Campostrini (D.Sc. Produção Vegetal) - UENF



---

Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc. Fitotecnia) - UENF



---

Prof. Antônio Teixeira do Amaral Junior (D.Sc. Genética e Melhoramento) - UENF  
(Orientador)

Aos meus pais Alessandro e Rosinei e aos meus irmãos Arthur, Thalita e Marianna.

**DEDICO E OFEREÇO**

## **AGRADECIMENTOS**

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, e ao Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas por me possibilitarem ter acesso à uma formação acadêmica ímpar em nível de Mestrado.

À Capes e à Faperj por concederem as bolsas de estudos que garantiram o desenvolvimento da minha pesquisa.

Ao meu orientador Prof. Dr. Antônio Teixeira do Amaral Júnior, por todos os ensinamentos e orientações e as diversas contribuições que se fizeram valiosas para a minha formação profissional e pessoal.

Agradeço aos professores do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas, pelo convívio e aprendizado.

À Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, bem como ao queridíssimo Daniel, por todo suporte prestado no decorrer do curso.

Ao grupo de Melhoramento de Milho Pipoca por toda parceria. Aos parceiros da equipe do déficit hídrico, Jhean Torres, Uéliton Alves, Kátia Medeiros, Marcelo Moura, Divino Rosa, Valter e Samuel. Em especial à Rosimeire Barboza Bispo, uma parceira de pesquisa, viagem, campo, escrita e por ter sido tão agradável em todo esse nosso tempo de convívio.

Aos meus pais, pelo incomparável apoio e compreensão durante todo esse tempo que estou fora e, também, por serem minha maior torcida.

Aos amigos Gabriella, Aline, Pablo, Denise, Hiago, Lucas e André por terem sido uma extensão do meu lar. Em especial à minha parceira Mayara Cazadini, por ter sido uma amiga tão próxima e, muitas vezes, uma irmã.

À minha banca pela valorosa contribuição nesse trabalho. Ao Professor Gravina, ao Professor Eliemar e, especialmente, à Professora Monique Moulin, quem contribuiu demasiadamente para minha formação em Ciências Biológicas e nos caminhos que me trouxeram até o Melhoramento de Plantas.

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

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	x
<b>ABSTRACT</b> .....	xii
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	4
<b>3. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	5
3.1. Aspectos gerais do milho-pipoca.....	5
3.2. Déficit hídrico na cultura do milho.....	6
3.3. Características relacionadas à tolerância ao déficit hídrico em <i>Zea mays</i> .....	8
3.4. Déficit hídrico e o melhoramento de <i>Zea mays</i> .....	10
3.5 <i>Structural Equation Modeling</i> (SEM).....	12
3.6 GT Biplot.....	13
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	15
4.1. Material vegetal.....	15
4.2. Desenho experimental, tratos culturais e condições experimentais.....	16
4.3. Caracteres avaliados.....	18
4.4. Análises estatísticas.....	19
4.4.1 Análises de Variância.....	19
4.4.2 Parâmetros Genéticos.....	20
4.4.3 Análise de trilha pelo modelo <i>Structural Equation Modeling</i> (SEM).....	20
4.4.4 Diversidade entre acessos.....	23

4.4.5. Análise GT Biplot .....	24
<b>5. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>25</b>
5.1. Desempenho das populações em condições WS e WW .....	25
5.2 Efeitos genéticos e ambientais dos caracteres em WS e WW.....	31
5.3 Associação entre características para a tolerância à seca .....	36
5.3.1 Efeitos das variáveis explicativas sobre a variável principal RG.....	36
5.3.2 Efeitos das variáveis explicativas sobre a variável principal CE .....	39
5.4 Análise de agrupamento e diversidade genética .....	42
5.5 Análise GT Biplot .....	49
<b>6. CONCLUSÕES .....</b>	<b>60</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>62</b>

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1</b> – Condições climáticas de temperatura (°C), umidade relativa do ar (%) e fluxo de fótons fotossintéticos ( $\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$ ) registrados pela estação automática do Instituto Brasileiro de Meteorologia (INMET) no período de abril a setembro de 2018.....	17
<b>Figura 2</b> –Diagrama causal com efeitos diretos (linhas contínuas unidirecionais) das variáveis explicativas sobre a variável dependente RG e correlações entre características (linhas bidirecionais tracejadas).....	22
<b>Figura 3</b> – Diagrama causal com efeitos diretos (linhas contínuas unidirecionais) das variáveis explicativas sobre a variável dependente CE e correlações entre características (linhas bidirecionais tracejadas).....	23
<b>Figura 4</b> – Porcentagens relativas das médias avaliadas no ambiente com estresse hídrico (WS) sobre as médias obtidas no ambiente com irrigação plena (WW) para os caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares.....	27
<b>Figura 5</b> – Diagrama causal da análise de trilha de 15 variáveis explicativas sobre a variável principal RG no ambiente WS.....	36
<b>Figura 6</b> – Diagrama causal da análise de trilha de 15 variáveis explicativas sobre a variável principal RG no ambiente WW.....	39
<b>Figura 7</b> – Diagrama causal da análise de trilha de 15 variáveis explicativas sobre a variável principal CE no ambiente WS.....	40

<b>Figura 8</b> – Diagrama causal da análise de trilha de 15 variáveis explicativas sobre a variável principal CE no ambiente WW. ....	42
<b>Figura 9</b> – Análise de Mantel para as estimativas das distâncias euclidiana média padronizada (D) e generalizada de Mahalanobis (D <sup>2</sup> ), no ambientes WS (A) e WW (B) para 15 genótipos de milho-pipoca. ....	43
<b>Figura 10</b> - <i>Heatmap</i> da Distância Euclidiana Média, pelo método UPGMA, entre 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca com base nas médias dos caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares em condições de irrigação plena (WS) em escala logarítmica.....	45
<b>Figura 11</b> – <i>Heatmap da Distância Euclidiana Média, pelo método UPGMA</i> , entre 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca com base nas médias dos caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares em condições de irrigação plena (WW) em escala logarítmica.....	48
<b>Figura 12</b> –Gráfico Biplot Which-won-Where em condições de (a) déficit hídrico (WS) e (b) de irrigação plena (WW).. ....	50
<b>Figura 13</b> – Gráfico Biplot <i>Means x Stability</i> em condições de (A) estresse hídrico (WS) e (B) em condições de plena irrigação (WW).....	54
<b>Figura 14</b> – Gráfico Biplot <i>Discriminant x Representative</i> em condições de (A) estresse hídrico (WS) e (B) de irrigação plena (WW).. ....	56
<b>Figura 15</b> – Gráfico Biplot <i>Ranking Genotypes</i> em condições de (A) estresse hídrico (WS) e (B) de irrigação plena (WW).....	59

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1</b> - Variedades de Polinização Aberta utilizadas na composição do experimento. ....	15
<b>Tabela 2</b> - Precipitação e irrigação (mm) aplicada na condição irrigada normal (WW) e sob estresse hídrico (WS), em dias após a semeadura.....	17
<b>Tabela 3</b> - Resumo da análise de variância individual e conjunta, médias gerais, desvios-padrões, coeficientes de variação experimental (CVe %), de caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares de 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca avaliadas em condições de estresse hídrico (WS) e de irrigação plena (WW). ....	25
<b>Tabela 4</b> - Percentual da parte simples de QM $G \times A_{ij}$ de caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares de 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca em condições de estresse hídrico (WS) e de irrigação plena (WW). ....	31
<b>Tabela 5</b> – Estimativas da variância ambiental ( $\sigma^2_e$ ), da variância genotípica ( $\sigma^2_g$ ), do coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ), da razão $CV_g/CV_e$ e do coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ) de caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares de 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca em condições de estresse hídrico (WS) e de irrigação plena (WW). ....	35

## RESUMO

SANTOS, Talles de Oliveira; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Fevereiro, 2020. Diferenciação morfoagronômica, fisiológica e radicular de variedades de milho-pipoca em ambiente com déficit hídrico. Orientador: Antônio Teixeira do Amaral Júnior. Conselheiros: Eliemar Camostrini, Marcelo Vivas e Lauro José Moreira Guimarães.

A limitação hídrica é um estresse abiótico comum nas regiões tropicais e subtropicais que limita o crescimento e desenvolvimento dos cultivos agrícolas, impactando, sobretudo, o rendimento de grãos. Atuar por meio do melhoramento genético vegetal é a alternativa viável para a obtenção de genótipos mais tolerantes e/ou mais eficientes para ambientes com o estresse em questão. Objetiva-se com esse trabalho: i) estimar a diversidade genética de genótipos de milho-pipoca para tolerância à seca com base em caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares; ii) estimar os efeitos diretos e indiretos desses caracteres sobre as variáveis de principal interesse – rendimento de grãos e capacidade de expansão – para a cultura do milho-pipoca; iii) selecionar genótipos de milho-pipoca para ambientes com estresse hídrico; e iv) identificar características discriminantes para avaliação da tolerância à seca em germoplasma de milho-pipoca. Foram avaliadas 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca da Coleção de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). O experimento foi conduzido em blocos completos casualizados, com três repetições, em condições de seca (WS) e de irrigação plena (WW). Os caracteres avaliados foram: altura de planta (AP), índice

de verde (SPAD), comprimento do pendão (CP) e número de ramificações do pendão (NRP), matéria seca da parte aérea (MS), comprimento médio de espigas (CME), número médio de fileiras de grãos (NFG) e de grãos por fileira (NGF), massa de cem grãos (MCG), rendimento de grãos (RG), capacidade de expansão (CE), ângulo de raízes suporte (ARS) e ângulo de raízes da coroa (ARC), número de raízes de suporte (NRS) e número de raízes da coroa (NRC), e densidade de raízes da coroa (DRC). Os dados foram submetidos a análise de variância individual e conjunta. Para a estimativa da diversidade entre os acessos, foi obtida a matriz de dissimilaridade com base na distância Euclidiana Média e os genótipos agrupados com base no método UPGMA. Os efeitos das características morfoagronômicas, fisiológicas e radiculares sobre RG e CE foram estimados por meio da análise de trilha *Structural Equation Modeling*. Para a análise GT Biplot, foram considerados os caracteres: RG, CE, NGF, MCG, CME, AP, MS e SPAD. A análise de variância detectou variabilidade entre os acessos para todas as características em WS e, em WW, apenas para SPAD e ARC os genótipos não diferiram estatisticamente. O déficit hídrico causou redução de 30,61 % em RG, causada, sobretudo, pelo efeito do déficit em NGF e CME. Houve ausência de interação genótipo x ambiente para as características AP, NFG, CE, ARS, ARC, NRS e NRC, o que facilita ganhos para a seleção com base nessas características para os dois ambientes. Com base na análise de trilha, uma opção que surge para seleção de CE em WW e WS seria via comprimento de espiga – CME – e para RG, seria via número de grãos por fileira – NGF – ou via massa de cem grãos – MCG – sendo esta última facilitada pela seleção indireta via SPAD. O agrupamento dos genótipos nos dois ambientes permitiu a formação de quatro grupos distintos. Em WS o genótipo CHZM13134 foi o mais divergente, já em WW o mesmo genótipo juntamente com ARZM13050 formou um único grupo. Os gráficos Biplots explicaram 71,3% da variação observada nos dois primeiros componentes principais no ambiente WS e 61,6% em WW. Com base na análise do *ranking* dos genótipos, 880POP foi o mais estável em WS e WW, sendo indicado como variedade promissora para cultivo em ambientes com limitação hídrica, tendo sido a mais próxima do ideótipo para essas condições.

**Palavras-chave:** Estresse abiótico, tolerância à seca, *Zea mays*.

## ABSTRACT

SANTOS, Talles de Oliveira; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. February, 2020. Morpho-agronomic, physiological and root differentiation of popcorn varieties in drought environment. Advisor: Antônio Teixeira do Amaral Junior. Co-advisors: Eliemar Campostrini, Marcelo Vivas and Lauro José Moreira Guimarães.

Water stress is a common abiotic stress in tropical and subtropical regions that limits the growth and development of agricultural crops, mainly impacting grain yield. Acting through plant breeding is the viable alternative for obtaining more tolerant or more efficient genotypes for environments with the stress in question. The objective of this work was: i) to estimate the genetic diversity of popcorn genotypes for drought tolerance based on morpho-agronomic, physiological and root traits; ii) estimate the direct and indirect effects of these traits on the variables of main interest – grain yield and popping expansion – for popcorn; iii) select popcorn genotypes for water stressed environments; and iv) to identify discriminating characteristics for the evaluation of drought tolerance in popcorn germplasm. Fifteen open pollination varieties of popcorn were evaluated from the Germplasm Collection of the Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). The experiment was conducted in a randomized complete block design with three replications under water stress (WS) and well-watered (WW) conditions. The evaluated characters were: plant height (PH), relative chlorophyll content (SPAD), tassel length (TL) and number of tassel branches (NTB), shoot dry matter (DM), ear length (EL), number of row grains (NRG) and grains per row (NGR), 100 grains weight (100GW), grain yield (GY), popping expansion (PE), tap

root angle (TRA) and crown root angle (CRA), tap root number (TRN) and crown root number (CRN); and crown root density (CRD). The data were submitted to individual and joint analysis of variance. To estimate the diversity between the accessions, the dissimilarity matrix was obtained based on the Average Euclidean Distance and the genotypes grouped based on the Average-Linkage (UPGMA) method. The effects of morpho-agronomic, physiological and root characteristics on GY and PE were estimated through the Structural Equation Modeling path analysis. For the GT Biplot analysis, the characters GY, PE, NGR, 100GW, EL, PH, DM and SPAD were considered. The analysis of variance detected variability between accessions for all traits in WS and, in WW, only for SPAD and ARC the genotypes did not differ statistically. The drought caused a reduction of 30.61% in GY, caused mainly by the effect of the deficit in NGR and EL. There was no genotype  $\times$  environment interaction for the PH, NRG, PE, TRA, CRA, TRN and CRN, which facilitates gains for selection based on these characteristics for both environments. Based on the path analysis, an option that appears for selection of PE in WW and WS would be via ear length (EL) and for GY, it would be via number of grains per row (NGR) or via 100 grains weight (100GW) the latter being facilitated by indirect selection via SPAD. The grouping of genotypes in the two environments allowed the formation of four distinct groups. In WS, the CHZM13134 was the most divergent, whereas in WW, the same genotype together with ARZM13050 formed a single group. The Biplots charts explained 71.3% of the variation observed in the first two principal components in the WS environment and 61.6% in WW. Based on the analysis of the ranking of genotypes, 880POP was the most stable in WS and WW, being indicated as a promising variety for cultivation in environments with water limitation, having been the closest to the ideotype for these conditions.

**Keywords:** Abiotic stress, drought tolerance, *Zea mays*.

## 1. INTRODUÇÃO

O déficit hídrico é um estresse abiótico comum nas regiões tropicais e subtropicais, incluindo o Brasil (Zia et al., 2012; Dias et al., 2018), e os períodos de seca têm se tornado cada vez mais frequentes devido aos efeitos globais de mudança climática (El-Sabagh et al., 2018). Além disso, somado ao cenário de escassez de chuvas, aponta-se que, de toda a água destinada às atividades humanas, a agricultura é responsável por usar 70% desse uso (Shenet al., 2008). O Brasil está entre os dez países com maior área irrigada do planeta (ANA, 2017). Até 2050, estima-se que 2,3 bilhões de pessoas sofram com a falta de água (IPCC, 2013).

Os estresses abióticos causam impactos negativos no crescimento e desenvolvimento das plantas, impedindo a expressão do potencial genético das culturas agrícolas (Dalalet al., 2017). Inúmeras restrições aos processos metabólicos das plantas ocorrem durante o período de déficit hídrico, que é causado pela elevada demanda evaporativa e pelo suprimento limitado de água no solo que, por sua vez, restringe a atividade fotossintética, afetando o crescimento e o desenvolvimento vegetal (DeJonge et al., 2015). O estresse hídrico é apontado como o maior causador de perdas de produtividade nos cultivos agrícolas (Avramova et al., 2015; Mageto et al., 2017) e, dentre eles o milho-pipoca (*Zea mays* var. *everta*) (Kamphorst et al., 2018a).

Em se tratando do milho-pipoca, uma cultura altamente apreciada e economicamente atrativa, pesquisas visando à seleção de genótipos tolerantes à

seca ainda são incipientes (Kamphorst et al., 2018b). No Brasil, o Estado do Mato Grosso é o maior produtor desse cereal, tendo atingido a marca recorde de 268,402 mil toneladas produzidas em área cultivada de 60.017 hectares no ano agrícola de 2018. A área para produção para o ano de 2019 expandiu para 66.986 hectares, o que representa um aumento de 11,61 % (Kist, 2019).

A seleção de genótipos superiores para as condições de déficit hídrico é a estratégia mais viável, economicamente, para minimizar os efeitos da seca (Oliveira et al., 2015; Challinor et al., 2016). Porém, devido à baixa herdabilidade das características quantitativas, aliado ao fato de que as principais características de produção expressam ocorrência de interação genótipo x ambiente, sendo assim, esse intento não é fácil de ser alcançado (Almeida et al., 2014; Kondwakwenda et al., 2019). Portanto, é importante refletir que o estudo de variáveis secundárias de maior herdabilidade e que produzam menor interação dos genótipos com o ambiente é opção ainda moderna e extremamente factível para alcançar eficiência da seleção em ambientes com baixo teor de água no solo. Nesse aspecto, caracteres secundários com elevada correlação com a produtividade de grãos podem ser usados para seleção indireta ou composição de índices de seleção, buscando tornar o processo de melhoramento para a tolerância ao déficit hídrico mais eficaz (Ali et al., 2017). Como exemplos, podem-se citar o intervalo entre florescimento masculino e feminino, a altura de planta, o rendimento de grãos, a massa de cem grãos e o comprimento médio da espiga (Li et al., 2016), bem como a matéria seca (MS) (Ali et al., 2017), em milho comum, e o índice clorofila (SPAD) em milho-pipoca (Kamphorst et al., 2018a), como variáveis secundárias identificadas como de interesse para a seleção indireta.

Com vistas ao desenvolvimento da agricultura sustentável da água, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), incorporou ao programa de Melhoramento de Plantas, a linha de pesquisa do melhoramento de milho-pipoca para tolerância à seca (Kamphorst et al., 2018a,b). O Norte do Estado do Rio de Janeiro destaca-se pelo seu elevado consumo de pipoca (Xavier et al., 2019) e enfrenta longos períodos de escassez de recursos hídricos, o que afeta o desenvolvimento da agricultura familiar existente na região (Xavier et al., 2019).

Para esse nicho de agricultura, não apenas no Norte Fluminense, a indicação de Variedades de Polinização Aberta (VPAs) é a melhor alternativa,

visto que garante menor dependência do produtor para com o consumo de sementes, além de gerar menor demanda de insumos tecnológicos para a lavoura.

Considerando-se que a UENF detém um Banco de Germoplasma com VPAs de milho-pipoca oriundas de países de climas temperado e tropical, além de que há raros estudos com a cultura para a seleção de genótipos superiores para a condição de seca, sobretudo envolvendo abordagens estatísticas de maior alcance, como GT Biplot e procedimentos multivariados, julgou-se oportuno o desenvolvimento desse estudo, que teve como objetivos: estimar a diversidade genética de genótipos de milho-pipoca para tolerância à seca com base em caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares; estimar os efeitos diretos e indiretos desses caracteres sobre as variáveis de principal interesse para a cultura do milho-pipoca (RG e CE); selecionar genótipos de milho-pipoca para ambientes com estresse hídrico; e identificar características discriminantes para a fidedigna avaliação de germoplasma de milho-pipoca que possam ser tolerantes à seca.

## 2. OBJETIVOS

- Avaliar uma amostra de 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca da Coleção de Germoplasma da UENF em condições de estresse hídrico (WS) e de irrigação plena (WW), com base em caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares, com o intento de estimar a variabilidade entre os genótipos para uso em programa de melhoramento com a cultura;
- Estimar os efeitos diretos e indiretos dos caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares sobre as duas características de principal interesse para a cultura – rendimento de grãos e capacidade de expansão;
- Identificar características discriminantes e que sejam eficientes quando da avaliação da tolerância à seca em germoplasma de milho-pipoca; e
- Selecionar genótipos de milho-pipoca adaptados à condição de estresse hídrico.

### 3. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1. Aspectos gerais do milho-pipoca

O milho-pipoca pertence à família Poaceae (Goodman e Smith, 1987), subfamília Panicoide, tribo Maydeae, gênero *Zea*, espécie *Zea mays* var. *everta* (Sturtev) L.H. Bailey (Galinat, 1979; Paterniani e Campos, 2005). O milho-pipoca apresenta grãos menores, maior prolificidade, porte menor, colmo mais fino e frágil, menor número de folhas e maior suscetibilidade a doenças, comparado ao milho-comum. A principal diferença entre os dois tipos de milho está na capacidade que o milho-pipoca possui de expandir os grãos (Linares, 1987; Larish e Brewbaker, 1999). Esse processo, chamado de pipocamento é descrito como uma explosão provocada pela expansão quando os grãos são submetidos a temperaturas a cima de 180 °C. Com isso, ocorre perda de umidade contida nos grânulos de amido e destruição de toda a estrutura celular do endosperma (Weatherwax, 1922).

Em relação ao formato, tamanho e cor do grão, há grande variabilidade dentro da espécie. Os tipos que possuem maior aceitação pelo mercado consumidor são os grãos redondos, do tipo pérola e com endosperma alaranjado (Ziegler e Ashman, 1994). No que diz respeito a sua comercialização, existe a seguinte classificação de mercado: pipoca americana extra, pipoca americana especial, pipoca amarela extra e pipoca amarela especial (Zinsly e Machado, 1987).

Embora o milho-pipoca tenha sua destinação exclusiva à alimentação humana, é considerada uma cultura de elevada rentabilidade, tendo o produto final grande aceitação popular. Por essas razões, tem-se aumentado o interesse na produção de grãos em diversas regiões, o que vem posicionando o Brasil como o segundo maior produtor mundial de milho-pipoca, tendo produzido no ano agrícola de 2018, somente no Mato Grosso, 268,402 mil toneladas (Kist, 2018).

No Brasil, o plantio comercial de milho-pipoca era reduzido durante a década de 90, sendo preciso grande quantidade de importações, principalmente, dos Estados Unidos da América, o maior produtor da cultura (Galvão et al., 2000). Porém, muitas mudanças vêm ocorrendo no mercado e, segundo Rangel et al. (2008), com a grande utilização de híbridos brasileiros e norte-americanos, a importação de grãos teve uma redução expressiva, isso porque o lançamento dos híbridos IAC-112, em 1988, e do IAC-125, em 2006, pelo Instituto Agrônomo de Campinas, causaram efeito imediato. Dessa maneira, resultou em uma redução na importação de sementes provenientes de híbridos americanos (Scapim et al., 2006). Todavia, mesmo com o incremento do número de cultivares disponíveis no Brasil, para atender ao mercado nacional, a área de plantio comercial disponível é insuficiente (Vittorazzi et al., 2013, Kist, 2018).

Existem 113 cultivares de milho-pipoca registradas no Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), sendo 13 delas desenvolvidas pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) (Brasil, 2019). Em todos os registros, não existem genótipos adaptados a condições de estresse hídrico.

### **3.2. Déficit hídrico na cultura do milho**

O milho é uma importante cultura entre os cereais, todavia, a produção ainda não é suficiente para atender a demanda do mercado (El-Sabagh et al., 2018). Com as mudanças climáticas e necessidade de otimização dos recursos hídricos, grandes esforços necessitam ser feitos para ampliar o cultivo de milho sob diferentes condições ambientais, uma vez que a seca é uma das principais causas de redução na produtividade em todo o mundo (Banziger e Araus, 2007; Karasu et al., 2015).

O milho é uma cultura com grande sensibilidade ao déficit hídrico, sendo afetado desde a germinação até a maturidade (Khaliliet al., 2010; El-Sabagh et

al., 2018). As maiores perdas ocorrem, principalmente, quando o estresse acontece durante sua fase reprodutiva. Durante o florescimento feminino é que a planta apresenta maior sensibilidade a esse estresse (El-Sabagh et al., 2018), pois quando ocorrido nessa fase, provoca atraso da emissão dos estilo-estigmas, causando o aumento do intervalo de florescimento masculino e, conseqüentemente, reduzindo a fertilização dos óvulos, aumentando o índice de aborto de grãos imaturos (Guimarães et al., 2013).

Estudos recentes revelam que o estresse hídrico reduz a expressão de vários caracteres quantitativos e, também qualitativos, como teor de proteína, óleo e amido nos grãos (Barutçular et al. 2016a; Barutçular et al., 2016b; Rashwan et al., 2016; Abdelaal et al., 2017; Sabagh et al., 2018). De acordo com Zhao et al. (2009), componentes da proteína do milho são extremamente sensíveis ao estresse hídrico durante o estágio de enchimento de grãos. Períodos de seca durante a polinização podem causar perdas na produtividade que chegam a 60% (Khodarahmpour e Hamidi, 2012). Esses resultados corroboram com os de outros autores (Golbashyet al., 2010; Shiri et al., 2010), que relataram perdas consideráveis no estágio de florescimento e enchimento de grãos. Kamphorst et al. (2018a) observaram redução média da produtividade de grãos de 55,29 % e da capacidade de expansão, de 29,19 % na comparação de um ambiente deficiente em água com outro irrigado plenamente.

O milho, de uma forma geral, é considerado uma cultura que consome água em abundância. A cultura pode ser cultivada em regiões cuja precipitação varia de 300 a 5.000 mm anuais. Todavia, a quantidade de água média consumida por uma lavoura de milho está em torno de 600 mm, durante o ciclo completo da cultura (Durães e Magalhães, 2006).

No cenário atual de mudanças climáticas, a seca é considerada uma grave restrição ambiental no desenvolvimento das culturas agrícolas, o que tornam ainda mais invocativas as pesquisas com iniciativas de desenvolver genótipos tolerantes ao estresse hídrico e, mesmo, de compreender as características relacionadas com a adaptação a ambientes com carência e irregularidade na distribuição de chuvas.

### 3.3. Características relacionadas à tolerância ao déficit hídrico em *Zea mays*

Os programas de melhoramento de milho-pipoca possuem como objetivo principal o aumento da produtividade e da capacidade de expansão por serem as características de maior importância para a cultura (Scapim et al., 2002, Scapim et al., 2006). Por sua vez, a influência do déficit hídrico na cultura do milho comum e do milho-pipoca afeta um contexto mais amplo de características, considerando-se que a expressão fenotípica está associada a inúmeros aspectos da fisiologia da planta (Liu et al., 2011; Li et al., 2016; Ali et al., 2017; Kamphorst et al., 2018a).

O rendimento de grãos em condições de déficit hídrico é a característica principal para avaliação do grau de tolerância e ou eficiência. Algumas características secundárias são associadas com a tolerância e/ou eficiência à seca, uma vez que a seleção direta baseada somente na produção não tem apresentado sucesso mais expressivo (Ali et al., 2015; Dao et al., 2017). Alguns caracteres secundários vêm sendo estudados com o objetivo de encontrar aqueles com elevada correlação com a produtividade de grãos (Ali et al., 2017), para uso em seleção indireta ou composição de índices de seleção. Nesse aspecto, podem-se citar alguns exemplos de caracteres fenológicos e morfológicos, associados a rendimento de grãos, a saber: menor intervalo entre florescimento masculino e feminino (Câmara et al., 2007; Teixeira et al., 2010), altura de planta e massa de cem grãos (Ali et al., 2015; Li et al., 2016).

O desenvolvimento e profundidade de raízes também são características utilizadas para a identificação de genótipos com respostas desejáveis ao déficit hídrico (Lynch, 2007, 2013; Lynch et al., 2014; Lynch e Wojciechowski, 2015). Em condições de limitação de água, plantas que projetam as raízes para maiores profundidades são capazes de se manterem estáveis por mais tempo no ambiente desfavorável (Vaughan et al., 2015; Gao e Lynch, 2016).

Em milho, a prolificidade (Dao et al., 2017), definida pela quantidade de espigas por planta (Banzinger et al., 2000), apresenta boa correlação com produtividade de grãos. Além disso, em um estudo realizado por esses mesmos autores, essa característica teve maiores valores de herdabilidade, em comparação com a produtividade de grãos, cuja estimativa é de maior importância em programas de melhoramento, por prospectar a expectativa de sucesso na seleção de indivíduos superiores. Em um estudo com populações de milho de adaptação climática temperada-tropical, Abadassi (2016) encontrou forte

correlação positiva entre prolificidade e produtividade de grãos, indicando a eficácia do número de espigas na seleção indireta para produtividade.

Avanços atuais têm possibilitado que novos métodos de fenotipagem sejam utilizados para caracterização de germoplasma com base em atributos fisiológicos das plantas, como uso de imagens termográficas e assinatura espectral do dossel, que permitem caracterização qualitativa e quantitativa do crescimento vegetal, seu desempenho fotossintético e outros índices vegetativos baseados na radiação absorvida e refletida pelo dossel. Isso porque as mudanças na morfologia das folhas, induzidas pela seca, causam maior refletância nos espectros visíveis entre folhas de milho estressadas e não estressadas (Genc et al., 2013). Esses métodos têm se mostrado bastante eficientes, uma vez que não são destrutivos e de fácil e rápida mensuração (Vicente et al., 2018).

Diversos trabalhos afirmam que a senescência foliar tardia e maior teor de clorofila estão correlacionados com o aumento da produtividade de grãos de híbridos de milho. Por isso, plantas que conseguem manter valores elevados de “índices de verde” em condições de estresse são, portanto, genótipos de interesse para programas de melhoramento (Lee e Tollenaar, 2007; Barutçular et al., 2016c).

Nessa perspectiva, El-Sabagh et al. (2017) demonstraram a existência de correlação significativa entre elevados valores de clorofila e aumentos na produtividade de grãos. Vale salientar que esses resultados foram observados em medições realizadas aos 14 dias após a antese (masculina ou feminina). Os autores descrevem ainda que, em estágio de enchimento médio e tardio de grãos, não foram encontradas as mesmas correlações. O estudo descrito anteriormente corrobora com informações presentes na literatura que afirmam que o período mais nocivo à planta em condição de estresse é aquele próximo à antese e ao início de enchimento de grãos (Durães et al., 2004).

Segundo Abreu (2017), o caráter *stay green* também está associado a muitas características desejáveis, além de vantagens adaptativas ao déficit hídrico em milho. Dentre as vantagens, podem-se citar: maior resistência a fitopatologias, menor quebramento do colmo e menor acamamento de plantas. Sob condições de déficit hídrico, o *stay green* influencia, sobretudo, o retardo da senescência foliar no período pós-florescimento, o que implica em maior tempo de atividade fotossintética das folhas (Lee e Tollenaar, 2007; Barutçular et al., 2016b)

e, conseqüentemente, maior translocação de fotoassimilados aos grãos no período de enchimento de grãos (Zaidi et al., 2004).

A temperatura das folhas é considerada um indicador indireto da atividade de transpiração da planta, por isso, utilizada para detectar estresses ambientais (DeJonge et al., 2015). A transpiração ocorre nas folhas por meio da abertura estomática quando há disponibilidade de água, reduzindo a temperatura foliar. Quando em escassez de água, a temperatura foliar é elevada em virtude do fechamento estomático (İştıpliler et al., 2016). Nesse sentido, vários métodos vêm sendo utilizados para interpretar esse evento fisiológico em plantas submetidas ao estresse hídrico. A avaliação da temperatura do dossel por meio de termógrafos vem se apresentando como importante parâmetro para a caracterização de germoplasma tolerante à seca (Liu et al., 2011; Garcia-Tejero et al., 2015; Ruiz et al., 2015; García-Tejero et al., 2016; Kamphorst et al., 2019). Em comum, essas pesquisas vêm buscando encontrar plantas que, mesmo sob essas condições, consigam regular a temperatura sem causar danos ao aparelho fotossintético.

#### **3.4. Déficit hídrico e o melhoramento de *Zea mays***

Por conta do impacto das mudanças climáticas e a limitação dos recursos hídricos, a estabilidade de produção obtida por meio da tolerância à seca será altamente desejável em um futuro bem próximo (Dias et al., 2018). Uma vez que a irrigação agrícola está submetida a grandes incertezas quanto ao suprimento de água, em razão das secas prolongadas causadas pelas mudanças climáticas e competição pelas necessidades hídricas industriais e consumo humano (DeJonge et al., 2015).

Os programas de melhoramento que visam ao desenvolvimento de genótipos tolerantes ao déficit hídrico e/ou eficientes no uso da água associados a elevados valores de produtividade têm encontrado grandes desafios (Ali et al., 2015), pelo fato da tolerância ser uma característica sob ação de muitos genes e ser fortemente influenciada pelo ambiente (Almeida et al., 2013; Dao et al., 2017). Por isso, características secundárias correlacionadas à produtividade de grãos, que apresentam maior herdabilidade e maior variância genética vêm sendo utilizadas para seleção de genótipos com bom desempenho nessas condições hídricas (Dao et al., 2017).

Em um estudo recente, Ali et al. (2017) avaliaram a estabilidade fenotípica de características fisiológicas e agronômicas em híbridos de milho sob condições de estresse hídrico. O objetivo dos autores foi estimar a correlação genotípica e fenotípica dessas características para com a produção em plantas em condições de déficit hídrico. Como resultados, foram obtidas estimativas de coeficientes de correlação genotípicos significativos e positivos entre produtividade e teores de clorofila, matéria seca total, número de espigas por planta, teores proteicos e conteúdo de óleo. Por isso, a estimativa de teores de clorofila para identificação de genótipos tolerantes (Iştipliler, 2016).

No Brasil, com milho-comum, os estudos realizados com avaliação de germoplasma tolerante ao déficit hídrico e/ou eficiente no uso de água têm se concentrado aos caracteres agronômicos de prolificidade, massa de cem grãos e intervalo de florescimento (Durães et al., 2004; Santos et al., 2010; Teixeira et al., 2010; Abreu et al., 2017, Kamphorst et al., 2018a,b).

Mais recentemente, o programa de Melhoramento Genético de Milho-pipoca da UENF vem desenvolvendo pesquisas relacionadas à seleção indireta e herança de características aos caracteres de rendimento de grãos e capacidade de expansão em condições de estresse hídrico. Kamphorst et al. (2018a) em um estudo com 20 linhagens S<sub>7</sub> de milho-pipoca em condições WW e WS, propuseram uma discriminação desses genótipos para a condição de estresse hídrico com base em cinco índices, e revelaram que o índice de Eficiência Agronômica no Uso da Água é o mais apropriado para o programa de melhoramento para o estresse hídrico, sendo ferramenta importante para avaliação de germoplasma tolerante.

Com os mesmos genótipos, Kamphorst et al. (2019) revelaram a possibilidade de ganhos no volume de pipoca expandida por hectare nas duas condições por meio das características número de grãos por fileira e SPAD, tornando o processo de seleção mais rápido, vez que tratam-se de metodologias não destrutivas.

Lima et al. (2019), utilizando a dialelo de Hayman com oito parentais e 28 híbridos, em condições semelhantes as desse estudo, encontraram efeito de dominância completa para a CE nas duas condições hídricas. Para rendimento de grãos e características associadas, como número de grãos por fileira, comprimento da espiga, nas duas condições, os efeitos de dominância foram

mais proeminentes, tornando a exploração da heterose para RG e seus componentes uma estratégia importante para a adaptação da cultura em condições de estresse hídrico.

### **3.5 Structural Equation Modeling (SEM)**

Os modelos de equações estruturais – do inglês Structural Equation Modeling –, combinam um modelo de medição que define variáveis latentes com uma ou mais variáveis observadas, utilizando-se de um modelo de regressão estrutural que vincula essas variáveis latentes às características observadas (Grace, 2006). Desta forma, comumente, a SEM é denominada Análise de Variáveis Latentes, visto que esse modelo pode estabelecer relações entre variáveis “não observadas”; ademais, trata-se de um modelo que pode ser aplicado quando são examinadas relações mais complexas entre variáveis, as quais não podem ser eficientemente explicadas pela Análise de Trilha convencional (Grapentine, 2000).

A SEM é considerada uma técnica mais abrangente que as técnicas clássicas, como análise de trilha, análise fatorial e análise de regressão (Hoyle, 2012). A diferença entre estas técnicas clássicas e a SEM é que as clássicas se caracterizam por contemplar múltiplas variáveis independentes, mas só admitir uma única relação entre variáveis dependentes e independentes. A SEM, por sua vez, ultrapassa essa restrição, permitindo que se avaliem diversas relações possíveis entre variáveis mensuráveis e variáveis latentes, sejam elas dependentes ou independentes (Kline, 1998).

A SEM representa a interpretação de uma série de relações hipotéticas de causa-efeito entre variáveis para uma composição de hipóteses, que considera os padrões de dependência estatística (Lacobucci, 2009). Os relacionamentos são descritos pela magnitude do efeito direto ou indireto que as variáveis independentes observadas ou latentes têm sobre as variáveis dependentes observadas ou latentes (Grace et al., 2010)

Sinteticamente, os resultados da análise de trilha convencional e a que utiliza o modelo SEM podem ser próximos, vez que os dois procedimentos utilizam o mesmo conjunto de dados. Entretanto, eles diferem principalmente na maneira como cada um calcula os coeficientes do modelo. Além disso, o modelo

SEM usa uma abordagem de análise fatorial confirmatória para medir variáveis não observadas, enquanto a análise de trilha convencional utiliza apenas variáveis observadas. A análise SEM leva em consideração os erros aleatórios associados às variáveis, ao passo que a análise de trilha convencional não os considera; reduzindo, portanto, os problemas de multicolinearidade presentes nesta última, o que aumenta a confiabilidade dos resultados obtidos (Grapentine, 2000).

### 3.6 GT Biplot

A análise *Biplot* de genótipos  $\times$  caracteres (GT *Biplot*) vêm se destacando dentre as metodologias de análise multivariada, pois avalia genótipos baseados em múltiplas características e identifica aquelas superiores dentre as variáveis estudadas e que possam ser utilizadas no programa de melhoramento (Mohammadi e Amri, 2013) e, comparada aos métodos existentes, essa abordagem é gráfica, objetiva, eficaz e direta (Yan e Frégeau-Reid, 2018)

Além disso, outro diferencial desta técnica é que o rendimento é a característica mais importante e todas as outras características-alvo são importantes apenas quando combinadas com alto rendimento. E, portanto, a superioridade de um genótipo é ser julgada por seus níveis na combinação de rendimento com outras características-alvo, e não por seus níveis em características individuais (Yan e Frégeau-Reid, 2018).

O método *Biplot* foi desenvolvido por Gabriel (1971) para a representação gráfica de resultados de análise de componentes principais ou de decomposição de valores singulares, no qual o valor de cada elemento de uma tabela de dupla entrada (genótipos e variáveis) pode ser visualizado pelo produto de vetores e pelo cosseno do ângulo entre dois vetores (Yan e Kang, 2003).

O “bi” do nome Biplot, refere-se a duas informações contidas na matriz de dados. Nas linhas, encontram-se informações sobre as amostras ou unidades amostrais, nesse caso, os genótipos, e nas colunas encontram-se as informações inerentes às variáveis (Klefens, 2009).

Os gráficos gerados por esta análise permitem a visualização rápida e prática dos genótipos superiores, da estabilidade e da correlação genética entre características e permite, também, detectar caracteres menos importantes (redundantes) em um programa de melhoramento, bem como identificar os mais

adequados para a seleção indireta de um caráter desejável (Yan, 2001), o que implica em uma seleção rigorosa para obter os ganhos desejados (Oliveira et al., 2018b).

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1. Material vegetal

Quinze variedades de polinização aberta (VPAs) de milho-pipoca pertencentes ao Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) foram avaliadas em dois ambientes com distinta disponibilidade hídrica (Tabela 1).

**Tabela 1-** Variedades de Polinização Aberta utilizadas na composição do experimento.

<b>Genótipo</b>	<b>Origem</b>	<b>Instituição</b>	<b>Adaptação Climática</b>
1 288POP	Guaraciaba-SC	-	Subtropical
2 574POP	Guaraciaba-SC	-	Subtropical
3 880POP	Guaraciaba-SC	-	Subtropical
4 ARZM13050	Argentina	CIMMYT	Temperada/Tropical
5 BARÃOUFV	Viçosa/MG	UFV	Temperada/Tropical
6 BOYA462	Colômbia	CIMMYT	Temperada/Tropical
7 BOZM260	Bolívia	CIMMYT	Temperada/Tropical
8 BRS Angela	Sete Lagoas/MG	Embrapa	Tropical
9 CHZM13134	Chile	CIMMYT	Temperada/Tropical
10 ISLA	Paraná	ISLA S/A	Temperada/Tropical
11 PARA172	Paraguai	CIMMYT	Temperada/Tropical
12 UNB-2C0	Campos/RJ	UENF	Tropical
13 UNB-2C6	Campos/RJ	UENF	Tropical
14 UNB-2C8	Campos/RJ	UENF	Tropical
15 URUG298A	Uruguai	CIMMYT	Temperada/Tropical

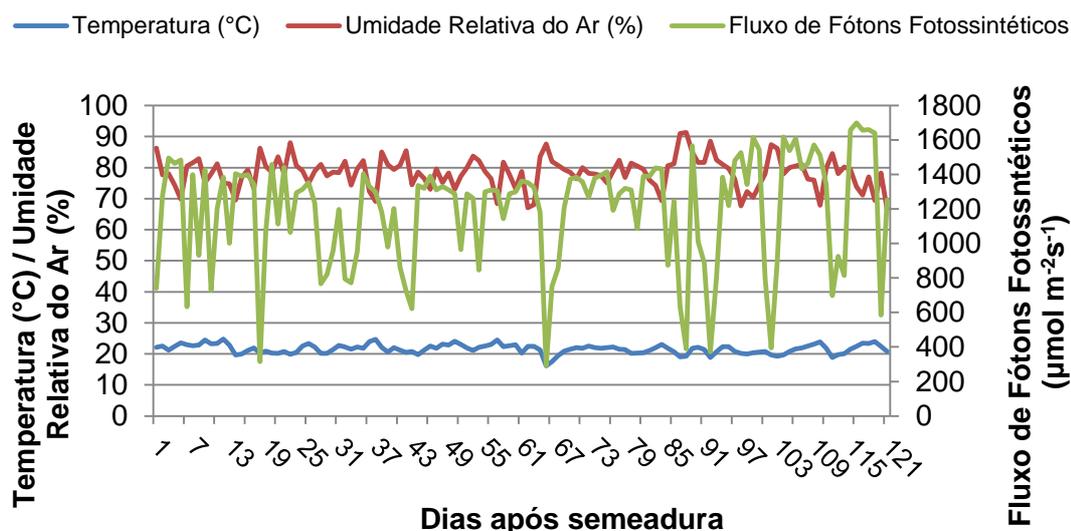
#### 4.2. Desenho experimental, tratos culturais e condições experimentais

O experimento foi realizado no período de menores precipitações para a região Norte Fluminense, de maio a setembro, na Estação Experimental do Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil (21° 42' 48" S, 41° 20' 38" O). O experimento foi em delineamento de blocos casualizados, com três repetições por ambiente, isto é, sob condições de irrigação plena (WW) e estresse hídrico (WS). Cada parcela foi constituída de uma linha de 4,80 m, espaçadas em 0,20 m entre plantas e 0,80 m entre linhas, com um total de 23 plantas por linha (62500 plantas ha<sup>-1</sup>).

O plantio foi realizado em maio, no ano de 2018. A adubação de base dos experimentos foi realizada com 30 kg ha<sup>-1</sup> de N (na forma de uréia), 60 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> (superfosfato triplo) e 60 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O (cloreto de potássio). A adubação de cobertura ocorreu 30 dias após semeadura, disponibilizando-se 100 kg ha<sup>-1</sup> de N (na forma de uréia).

A irrigação foi aplicada por meio de um sistema de gotejamento, no qual foi instalado um gotejador por planta, respeitando o espaçamento utilizado. Para garantir a imposição do estresse hídrico, a irrigação foi suspensa 15 dias antes do florescimento masculino no ambiente WS. O sistema de irrigação foi equipado com hidrômetros, garantindo precisão no volume de água aplicado a cada ambiente.

Uma estação automática do Instituto Brasileiro de Meteorologia (INMET) localizada a 100 m do experimento registrou uma precipitação de 148,20 mm durante todo o período experimental. As condições experimentais durante todo o período do crescimento e desenvolvimento da cultura foram mensuradas, tendo sido registradas as variações de temperatura (15,90 – 25,40 °C), de umidade relativa do ar (66,50 – 92,00%) e da radiação fotossinteticamente ativa média (1.190 μmol m<sup>-2</sup>s<sup>-1</sup>) (Figura 1).



**Figura 1-** Condições climáticas de temperatura ( $^{\circ}\text{C}$ ), umidade relativa do ar (%) e fluxo de fótons fotossintéticos ( $\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$ ) registrados pela estação automática do Instituto Brasileiro de Meteorologia (INMET) no período de abril a setembro de 2018.

Quanto à disponibilidade de água nos ambientes, o ambiente WW recebeu 186,90 mm, enquanto que no ambiente WS foi fornecida a quantidade de 69,30 mm, além da precipitação de 148,20 mm registrada durante o período (Tabela 2).

**Tabela 2** - Precipitação e irrigação (mm) aplicada na condição irrigada normal (WW) e sob estresse hídrico (WS), em dias após a semeadura.

Dias após a semeadura	Chuva	Quantidade de água (mm)			
		Irrigação plena		Estresse hídrico	
		Irrigação aplicada	Total	Irrigação aplicada	Total
1	0,00	2,60	2,60	2,67	2,67
7	17,00	3,60	20,60	3,50	20,50
14	6,00	10,97	16,97	10,24	16,24
21	0,00	10,13	10,13	9,86	9,86
28	10,60	10,72	21,32	10,27	20,87
35	5,20	8,35	13,55	8,43	13,63
42	2,00	11,60	13,60	12,18	14,18
49	0,00	12,94	12,94	12,12	12,12
56	0,00	10,86	10,86	0,00	0,00
63	0,00	18,79	18,79	0,00	0,00

**Tabela 3 – Cont.**

Dias após a semeadura	Chuva	Quantidade de água (mm)			
		Irrigação plena		Estresse hídrico	
		Irrigação aplicada	Total	Irrigação aplicada	Total
70	0,00	18,95	18,95	0,00	0,00
77	30,80	1,14	31,94	0,00	30,80
84	0,00	16,73	16,73	0,00	0,00
91	0,00	14,00	14,00	0,00	0,00
98	65,00	2,00	67,00	0,00	65,00
105	0,00	13,50	13,50	0,00	0,00
112	9,20	10,00	19,20	0,00	9,20
119	2,40	10,00	12,40	0,00	2,40
<b>Total final</b>	<b>148,20</b>	<b>186,88</b>	<b>335,08</b>	<b>69,27</b>	<b>217,47</b>

### 4.3. Caracteres avaliados

Os caracteres avaliados na planta foram: altura de planta (AP), teor relativo de clorofila (SPAD), comprimento do pendão (CP) e número de ramificações do pendão (NRP). A AP foi medida com base na distância da inserção da planta no solo até a folha bandeira, com auxílio de fita métrica. O valor de SPAD foi coletado durante o período de enchimento de grãos (107 DAS), visto que esse é o período mais nocivo do déficit nas plantas (Daryanto et al., 2016).

As medidas de SPAD foram obtidas em frequência semanal, em ambos os experimentos WW e WS, com o uso de medidor de clorofila (SPAD502, MinoltaCoLtd, Osaka, Japan). Para tanto, foram identificadas três localizações na folha bandeira (base, meio e ápice) (Avramova et al., 2016), para as quais foram obtidas as estimativas. Para minimizar as variações nos valores obtidos devido às flutuações da intensidade luminosa, adotou-se como padronização a obtenção dessas medidas entre 10 e 12 h durante todo o período de avaliação.

O CP foi mensurado desde a inserção na folha bandeira até o ápice da ramificação principal, com o auxílio de uma régua graduada. Já o NRP foi mensurado com base na contagem dessas estruturas.

A colheita ocorreu cerca de 120 dias após a semeadura. Após a colheita, a matéria seca da parte aérea (MS) foi obtida com base na coleta de duas plantas por parcela, levadas a estufa com circulação por 72 h a 80°C. Após a secagem, as amostras foram pesadas e, por fim, considerado o valor médio das medidas.

O comprimento médio de espigas (CME) foi mensurado com base em cinco amostras de espigas por parcela experimental, expresso em cm e obtido por meio de um paquímetro digital. O número médio de fileiras de grãos (NFG) e de grãos por fileira (NGF) foi determinado por meio de sua contagem. A massa de cem grãos (MCG) foi determinada a partir da pesagem (g) de duas amostras por parcela de 100 grãos cada uma.

O caractere rendimento de grãos (RG) foi corrigido para 13% de umidade e expresso em  $\text{Kg.ha}^{-1}$ . A capacidade de expansão (CE) aferida para a massa de 30g de grãos, irradiada em microondas, em saco de papel especial para pipocamento, na potência de 1000W, por tempo determinado de dois minutos e quinze segundos. O volume de pipoca foi quantificado em proveta de 2000 mL. A capacidade de expansão foi (CE) determinada pelo razão do volume obtido de pipoca e massa de grãos, expressa em  $\text{mL.g}^{-1}$ .

Os caracteres de arquitetura de raízes mensurados foram: ângulo de raízes de suporte (ARS) e ângulo de raízes da coroa (ARC), os quais foram obtidos com o auxílio de transferidor de graus e expresso em graus ( $^{\circ}$ ) em relação ao solo; número de raízes de suporte (NRS) e número de raízes da coroa (NRC) e densidade de raízes da coroa (DRC). Para tanto, utilizou-se da metodologia proposta por Trachsel et al. (2011). A priori, adotou-se o procedimento de que, após a colheita, o solo dos ambientes de estresse hídrico e controle, recebessem irrigação de 50 mm de água, facilitando a remoção das plantas. A seguir, o sistema radicular de duas plantas por parcela nos dois ambientes foi removido em cilindros de solo de 40 cm de diâmetro e 25 cm de profundidade. Imediatamente após a remoção, esses cilindros foram lavados para a completa remoção do solo e, assim, aferidas as características ARS, ARC, NRS, NRC e DRC.

#### **4.4. Análises estatísticas**

##### **4.4.1 Análises de Variância**

onde:  $Y_{ij}$ : valor observado do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;  $\mu$ : constante geral;  $g_i$ : efeito fixo atribuído ao i-ésimo genótipo;  $b_j$ : efeito do bloco j; e  $\varepsilon_{ij}$ : erro aleatório associado à observação  $Y_{ij}$ .

Posteriormente, realizou-se a análise de variância conjunta com base no seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B/A_{jk} + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

onde:  $Y_{ijk}$ : observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente no k-ésimo bloco;  $\mu$ : constante geral;  $G_i$ : efeito fixo do i-ésimo genótipo;  $B/A_{jk}$ : efeito do k-ésimo bloco dentro do ambiente j;  $A_j$ : efeito fixo do j-ésimo ambiente;  $GA_{ij}$ : efeito fixo da interação entre o i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente; e  $\varepsilon_{ijk}$ : erro aleatório experimental médio associado à observação  $Y_{ijk}$ .

Quando constatado efeito significativo da interação genótipo  $\times$  ambiente, verificou-se o tipo de interação, por meio do método de dissimilaridade de Cruz e Castoldi (1991).

#### 4.4.2 Parâmetros Genéticos

As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas por meio dos quadrados médios da análise de variância individual. O coeficiente de determinação genotípica ( $H^2$ ) foi obtido por meio da seguinte expressão  $H^2 = \frac{QMG - QMR}{QMG}$ , onde: QMG: quadrado médio do genótipo; e QMR: quadrado médio do resíduo. O estimador do desvio padrão foi dado por  $DP = \sqrt{QMR}$ . O coeficiente de variação genético foi estimado por  $CV_g = \left( \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\mu} \right) \times 100$ . O coeficiente de variação experimental foi obtido por  $CV_e = (\sqrt{QMR}/\mu) \times 100$ .

As análises estatísticas descritas nas seções 3.4.1 e 3.4.2 foram realizadas com auxílio do programa Genes (Cruz, 2003).

#### 4.4.3 Análise de trilha pelo modelo *Structural Equation Modeling* (SEM)

A análise de trilha foi realizada usando o sistema normal de equações  $X'X\beta = X'Y$  para estimar os efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas sobre as dependentes. Para isso foram consideradas duas variáveis principais para a cultura do milho-pipoca (RG e CE) para os dois ambientes estudados.

O modelo utilizado para RG foi:

$$RG = \beta_1 SPAD + \beta_2 MS + \beta_3 AP + \beta_4 CP + \beta_5 NRP + \beta_6 ARS + \beta_7 ARC + \beta_8 NRS + \beta_9 NRC + \beta_{10} DRC + \beta_{11} CE + \beta_{12} MCG + \beta_{13} CME + \beta_{13} MCG + \beta_{13} NGF + \beta_{13} NFG + \varepsilon$$

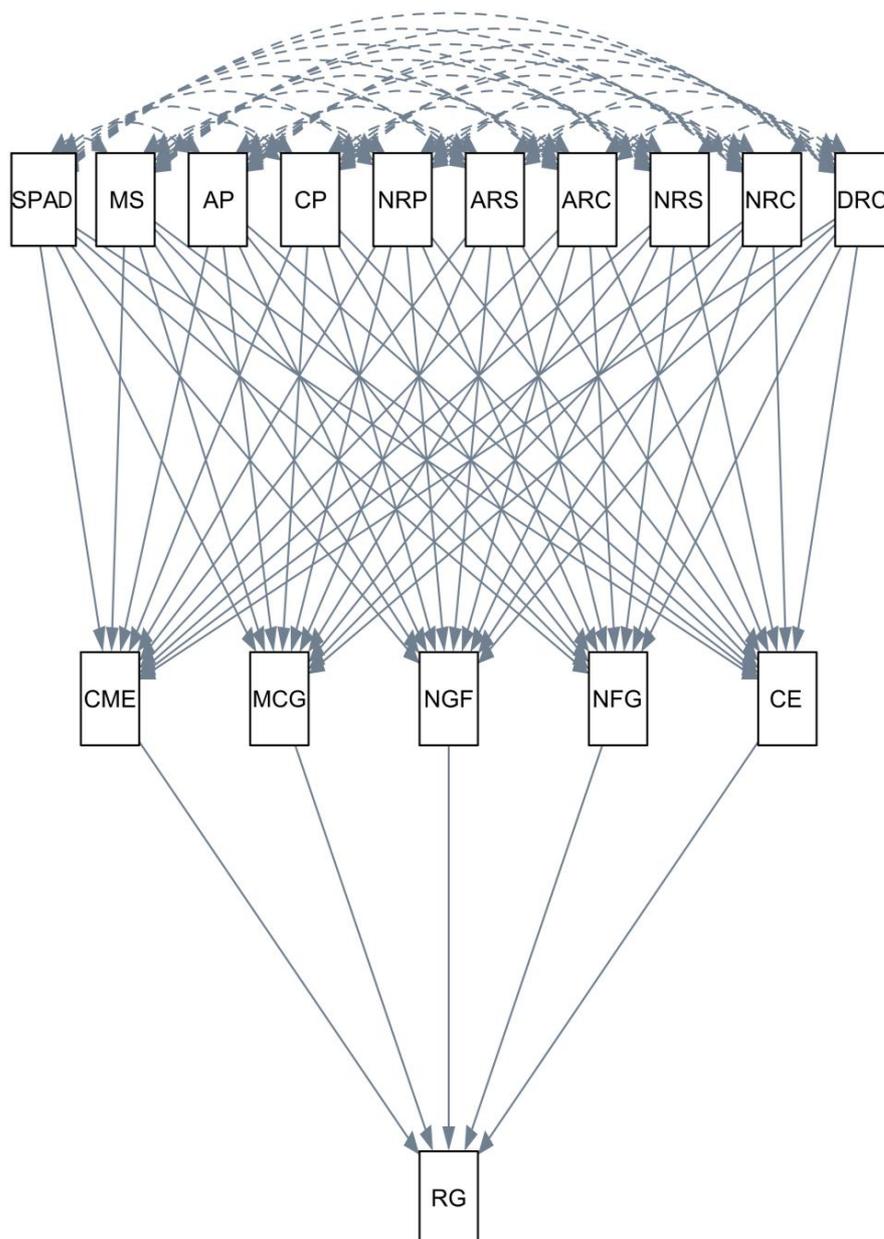
Já para CE, o seguinte modelo foi utilizado:

$$CE = \beta_1 SPAD + \beta_2 MS + \beta_3 AP + \beta_4 CP + \beta_5 NRP + \beta_6 ARS + \beta_7 ARC + \beta_8 NRS + \beta_9 NRC + \beta_{10} DRC + \beta_{11} RG + \beta_{12} MCG + \beta_{14} CME + \beta_{15} MCG + \beta_{16} NGF + \beta_{17} NFG + \varepsilon$$

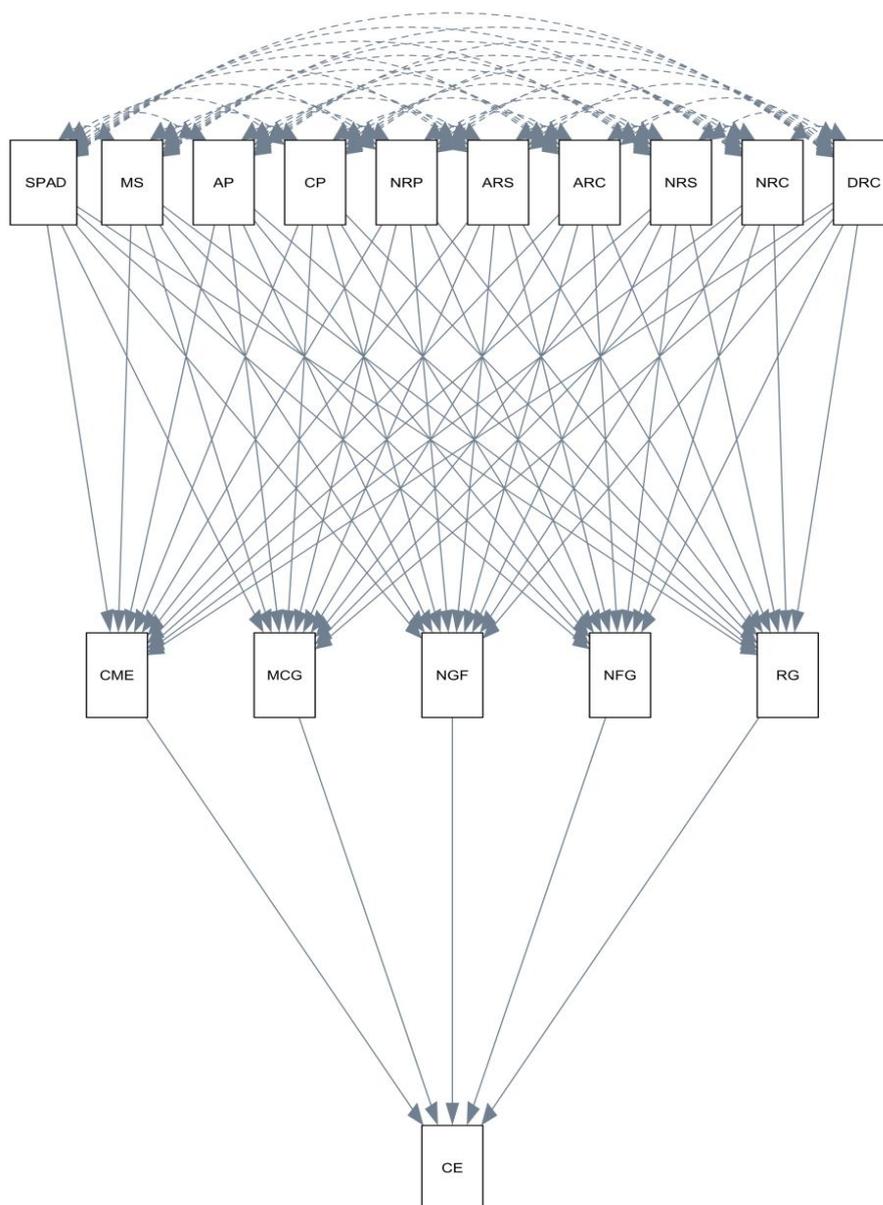
onde,  $\beta_{1...17}$ : são os estimadores dos efeitos diretos das variáveis SPAD, MS, AP, CP, NRP, ARS, ARC, NRS, NRC, DRC, CE, MCG, CME, MCG, NGF e NFG sobre a variável principal RG ou CE, e que agem indiretamente sobre as variáveis explicativas; e  $\varepsilon$ : resíduo.

Os diagramas causais dos modelos podem ser observados nas Figuras 2 e 3, para RG e CE, respectivamente.

Todas as análises foram realizadas por meio do *software* R (R Core Team, 2018), utilizando os pacotes: *stats* 3.6.0 (R Core Team, 2018), *biotools* 3.1 (Silva et al., 2016), *semPlot* 1.1 (Epskamp 2015), *elavaan* 0.6 (Rosseel, 2012).



**Figura 2** – Diagrama causal com efeitos diretos (linhas contínuas unidirecionais) das variáveis explicativas sobre a variável dependente RG e correlações entre características (linhas bidirecionais tracejadas).



**Figura 3** - Diagrama causal com efeitos diretos (linhas contínuas unidirecionais) das variáveis explicativas sobre a variável dependente CE e correlações entre características (linhas bidirecionais tracejadas).

#### 4.4.4 Diversidade entre acessos

Para a escolha do método mais apropriado para o agrupamento dos acessos, foram determinadas as matrizes de distância euclidiana média padronizada ( $D$ ) e de distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) entre os genótipos. Essas matrizes de distâncias foram utilizadas como medida de dissimilaridade para a análise de agrupamento pelo método hierárquico da ligação

média dentro de grupo (UPGMA). Posteriormente foi feita a análise de correlação entre matrizes pelo teste de Mantel com 1000 simulações, conforme metodologia proposta por Cruz (2014).

Para isso, as estimativas das médias das características avaliadas foram padronizadas e as análises, então, realizadas com auxílio do programa Genes e RStudio (R Core Team, 2017) – pacotes *gplot* e *heatmaply*.

#### 4.4.5. Análise GT Biplot

Realizou-se a análise de GT Biplot de acordo com Yan e Rajcan (2002) apenas para as características RG, CE, CME, NGF, MCG, SPAD, AP e MS. O modelo utilizado na análise multivariada aplicada ao Biplot *genótipos x características* (GT Biplot) foi:

$$\frac{T_{ij} - \bar{T}_{ij}}{S_j} = \lambda_1 \zeta_{i1} \tau_{j1} + \lambda_2 \zeta_{i2} \tau_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

onde:  $T_{ij}$  é o valor médio do genótipo  $i$  para a característica  $j$ ;  $\bar{T}_{ij}$  representa a média de todos os genótipos na característica  $j$ ;  $S_j$  é a estimativa de desvio-padrão;  $\lambda_1$  e  $\lambda_2$  representam os valores singulares para PC1 e PC2, respectivamente;  $\zeta_{i1}$  e  $\zeta_{i2}$  representam os *scores* da PC1 e PC2 para o genótipo  $i$ ;  $\tau_{j1}$  e  $\tau_{j2}$  representam os *scores* da PC1 e PC2 para a característica  $j$ ;  $\varepsilon_{ij}$  é o resíduo do modelo associado à performance do genótipo e da característica. Para gerar o gráfico GT Biplot (Wickham, 2009) utilizou-se o *software* RStudio (R Core Team, 2017) – pacote GGEbiplotGUI (Yan, 2001).

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1. Desempenho das populações em condições WS e WW

Existe variabilidade genética entre os genótipos nos ambientes WW e WS para os caracteres estudados, estatisticamente comprovados pelo Teste F ( $p < 0,01$ ) exceto para SPAD e ARC em WW. Em ambas as condições hídricas, os coeficientes de variação experimental não superaram o valor de 20%, apontando para um nível satisfatório de acurácia experimental (Tabela 3).

**Tabela 4** - Resumo da análise de variância individual e conjunta, médias gerais, desvios-padrões, coeficientes de variação experimental (CV<sub>e</sub>%), de caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares de 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca avaliadas em condições de estresse hídrico (WS) e de irrigação plena (WW).

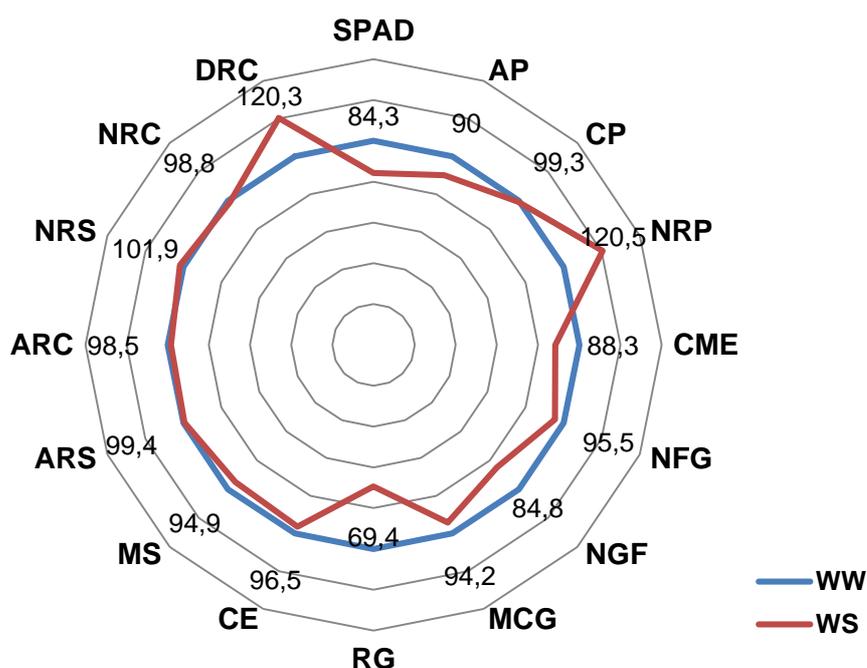
Caráter	Ambiente (A)	Quadrados Médios		Média ± DP	CV <sub>e</sub> (%)
		Genótipo (G) (GL=14)	G×A (GL= 14)		
SPAD	WW	73,84 <sup>ns</sup>	109,19 <sup>**</sup>	33,25 ± 6,44	19,35
	WS	159,92 <sup>**</sup>		28,02 ± 5,49	19,60
AP	WW	1074,06 <sup>**</sup>	192,25 <sup>ns</sup>	181,55 ± 12,43	6,85
	WS	888,84 <sup>**</sup>		163,48 ± 9,32	5,70
CP	WW	7,63 <sup>**</sup>	4,58 <sup>**</sup>	12,04 ± 0,42	3,51
	WS	8,20 <sup>**</sup>		11,95 ± 0,58	4,88

Tabela 5 - Cont

Caráter	Ambiente (A)	Quadrados Médios		Média ± DP	CV <sub>e</sub> (%)
		Genótipo (G) (GL=14)	GxA (GL= 14)		
NRP	WW	14,26**	7,33**	19,31 ± 2,06	5,97
	WS	9,74**		16,02 ± 1,15	12,85
CME	WW	4,56**	2,55**	12,79 ± 0,86	6,73
	WS	5,62**		11,30 ± 1,02	8,99
NFG	WW	4,28**	1,43 <sup>ns</sup>	13,24 ± 0,94	7,07
	WS	4,79 <sup>ns</sup>		12,64 ± 1,59	12,58
NGF	WW	22,16**	28,22*	27,41 ± 2,84	10,36
	WS	60,97**		23,24 ± 4,10	17,63
MCG	WW	12,33**	2,01 <sup>ns</sup>	15,99 ± 1,33	8,29
	WS	25,49**		15,07 ± 1,15	7,65
RG	WW	1776800,80**	288045,29**	2684,28 ± 349,06	13,00
	WS	760443,71**		1862,62 ± 254,88	13,68
CE	WW	207,50**	5,48 <sup>ns</sup>	20,87 ± 2,04	9,77
	WS	166,59**		20,14 ± 1,63	8,08
MS	WW	8706,63**	3392,40**	201,69 ± 32,48	16,11
	WS	6384,97**		191,49 ± 32,07	16,75
ARS	WW	147,95**	1,12 <sup>ns</sup>	61,24 ± 2,64	4,32
	WS	139,86**		60,87 ± 2,38	3,90
ARC	WW	49,34 <sup>ns</sup>	10,73 <sup>ns</sup>	68,76 ± 6,69	9,73
	WS	93,51**		67,71 ± 2,44	3,60
NRS	WW	16,47**	1,10 <sup>ns</sup>	12,96 ± 0,99	7,62
	WS	14,80**		13,20 ± 1,93	14,65
NRC	WW	60,90**	2,53 <sup>ns</sup>	20,16 ± 0,78	3,88
	WS	55,45**		19,91 ± 1,50	7,51
DRC	WW	0,93**	1,54**	4,32 ± 0,27	6,25
	WS	2,34**		5,20 ± 0,31	5,87

WS: Estresse hídrico; WW: Bem irrigado; SPAD: Teor relativo de clorofila; AP: Altura de planta (cm); CP: comprimento do pendão (cm); NRP: número de ramificações do pendão; CME: comprimento médio de espiga (cm); NGF: número de fileiras de grãos (un); NRC: Número de grãos por fileira (un); MCG: massa de cem grãos (g); RG: Rendimento de grãos (Kg.ha<sup>-1</sup>); CE: capacidade de expansão (g.mL<sup>-1</sup>); MS: Matéria seca da parte aérea (g); ARS: ângulo de raízes de suporte; ARC: ângulo de raízes da coroa; NRS: número de raízes de suporte; NRC: número de raízes da coroa; e DRC: densidade de raiz da coroa. Os símbolos \*, \*\* indicam significância em 5 e 1 % de probabilidade, respectivamente, pelo Teste F. <sup>ns</sup> = não significativo, pelo Teste F, em 1 e 5 % de probabilidade.

Para SPAD, a redução causada pelo déficit hídrico foi de 15,80% (Figura 4). Em WW o valor médio dessa característica foi de 33,25 enquanto em WS foi de 28,02. Em um estudo em linhagens e híbridos de milho comum, ao avaliar o conteúdo de clorofila foliar em condições de estresse hídrico, Cairns et al. (2012) encontraram reduções de 32,43 e 17,49%, para essa característica. A redução em maiores proporções das linhagens era esperada vez que há grande depressão por endogamia em plantas com essa estrutura genética, já nos híbridos a redução percentual é menor, considerando o efeito positivo da heterose. Todavia, cabe ressaltar que a menor diminuição de SPAD no presente trabalho pode estar relacionada com a base genética dos genótipos estudados, tendo em vista que trabalhos nessas condições para variedades de polinização aberta ainda são escassos.



**Figura 4** - Porcentagens relativas das médias avaliadas no ambiente com estresse hídrico (WS) sobre as médias obtidas no ambiente com irrigação plena (WW) para os caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares. SPAD: Teor relativo de clorofila; AP: Altura de planta (cm); CP: comprimento do pendão (cm); NRP: número de ramificações do pendão; CME: comprimento médio de espiga (cm); NFG: número de fileiras de grãos (un); NGF: Número de grãos por fileira (un); MCG: massa de cem grãos (g); RG: Rendimento de grãos (Kg.ha<sup>-1</sup>); CE: capacidade de expansão (g.mL<sup>-1</sup>); MS: Matéria seca da parte aérea (g); ARS: ângulo de raízes de suporte; ARC: ângulo de raízes da coroa; NRS: número de raízes de suporte; NRC: número de raízes da coroa; e DRC: densidade de raiz da coroa.

A redução de SPAD se dá quando, em condições de baixa disponibilidade de água, ocorre o fechamento estomático e, por conseguinte, a indução da formação de espécies reativas de oxigênio (EROs) que inibem enzimas do ciclo de Calvin (Zaefyzadeh et al., 2009; Avramova et al., 2015) e degradam estruturas celulares fundamentais, bem como os compostos fotossintéticos importantes, como a clorofila (Caverzan et al., 2016; Laxa et al., 2019).

A altura das plantas teve pouco efeito da limitação hídrica, da ordem de 9,95% (Figura 4). A imposição do déficit hídrico no período de pré-florescimento pode estar relacionada à baixa redução dessa característica, visto que plantas nesse período estão próximas ao fim do desenvolvimento vegetativo sendo pouco afetadas pelas condições limitantes de água (Durães et al., 2007; Kamphorst et al., 2018b).

O comprimento do pendão apresentou redução de 0,72%. Em condição WW, essa característica apresentou valor médio de 12,04 cm, enquanto em condição WS o valor médio foi de 11,95 cm. Já o número de ramificações do pendão apresentou redução significativa. No ambiente WW os pendões apresentavam a média de 19 ramificações, enquanto no WS esse valor foi em média 16, o que significa uma redução de 20%.

É relatada na literatura a existência de uma dominância em relação ao desenvolvimento das espigas e pendões e que a diferença dessa dominância nas plantas varia entre genótipos (Bechoux et al., 2000; Monneveux et al., 2006). No milho, essa diferença está relacionada à monoiclia e protrandria, que favorece o desenvolvimento da inflorescência masculina em detrimento à feminina, assegurando a produção de pólen antes do completo amadurecimento dos órgãos reprodutivos femininos (Bolaños e Edmeades, 1993; Monneveux et al., 2006). Apesar dessa diferença em condições de déficit hídrico, alguns estudos reportam a importante relação entre o menor tamanho e número de ramificações no pendão.

Alguns autores sustentam a hipótese de que a associação entre o despendoamento e incremento na produtividade pode estar relacionada à competição entre espigas e pendão por recursos hídricos (Hunter et al., 1969; Magalhães et al., 1999; Mosterd e Marais, 1982). Já alguns estudos associam os ganhos de produtividade em plantas com pendões reduzidos à baixa competitividade por luz entre essa estrutura e as folhas primárias, que garantem

fotoassimilados para o processo de enchimento de grãos (Leon e Coors, 2002; Mickelson et al., 2002). A exemplo disso, Monneveux et al. (2006) apontam para um incremento na produtividade de híbridos de milho em condições de déficit hídrico quando as plantas apresentavam menores números dessas estruturas.

Os componentes de rendimento CME, NFG, NGF e MCG em condições WS foram reduzidos em 11,67%, 4,51%, 15,24% e 5,76%, respectivamente (Figura 4). No ambiente WW, os valores médios para essas características foram de 12,79 cm (CME), 13,24(NFG), 27,41 (NGF) e 15,99g (MCG), em comparação a 11,30cm, 12,64, 23,24 e 15,07g, nessa ordem, em WS. A redução em RG devido à limitação hídrica foi de 30,61%, dada a média de 1.862,62 Kg.ha<sup>-1</sup> em WS e de 2.684,28 Kg.ha<sup>-1</sup> no ambiente com WW. Pode-se inferir, portanto, que o estresse hídrico reduziu, sobretudo, o número de grãos por fileira e o comprimento médio da espiga, afetando, portanto o rendimento de grãos.

Períodos de condições de seca no solo podem comprometer até 60% da produtividade de grãos, em milho comum, quando o estresse coincide com as fases de pré-florescimento e enchimento de grãos, período crítico para a cultura (Daryanto et al., 2016; Jiang et al., 2018). A redução desses caracteres é resultante do estresse imposto, visto que a escassez de água retarda o crescimento do pendão e em maior proporção, o da espiga, causando um grande intervalo entre o amadurecimento das anteras e a recepção do pólen pelos estigmas, provocando diminuição na formação e enchimento de grãos (Martins et al., 2017). Kamphorst et al. (2018b) aplicando estresse hídrico nos estádios fenológicos citados, em linhagens endogâmicas de milho-pipoca observaram reduções de 55,29% para produtividade de grãos.

A CE sofreu redução de 3,50%, tendo apresentado valor médio de 20,14mL.g<sup>-1</sup> em condição WS e de 20,87mL.g<sup>-1</sup> no ambiente WW (Figura 4). Uma hipótese para o baixo efeito do déficit hídrico em CE é a base genética ampla de variedades de polinização aberta, que sofrem menos com estresses ambientais, garantindo-lhes maior estabilidade fenotípica. Resultados semelhantes podem ser evidenciados nos trabalhos com milho-pipoca realizados por Kamphorst et al. (2018b, 2019) e Lima et al. (2019), em que a CE apresentou redução de 8,76% e 9,08%, respectivamente, entre os ambientes WW e WS.

Os caracteres associados à arquitetura de raízes – ARS, ARC e NRC – sofreram reduções em WS da ordem de 0,60%, 1,50% e 1,20%, respectivamente.

Já para NRS e DRC o déficit hídrico proporcionou incrementos de 1,90% e 20,30%, respectivamente. Destes, o maior efeito do estresse foi sobre DRC.

A adaptação morfológica do ângulo de raízes (ARS e ARC) já foi descrita por Lynch (2013) que, ao analisar o sistema radicular de genótipos de milho em condições de estresse hídrico, propôs o ideótipo radicular *Steep, Cheap and Deep* (íngreme, barato e profundo) para condições de seca. Isso porque genótipos com sistema radicular íngreme conseguem buscar água em perfis mais longínquos do solo. Fenótipos radiculares com menor número e maior tamanho de células corticais reduzem o custo metabólico de exploração do solo.

Mais recentemente, Gao e Lynch (2016) acrescentaram como elemento deste ideótipo, o número reduzido de raízes da coroa (NRC), visto que com base em estudos complementares, essa característica é que permite o maior aprofundamento do sistema radicular. As raízes da coroa são responsáveis pela aquisição de boa parte dos recursos hídricos e minerais durante o crescimento vegetativo e se mostra importante durante o desenvolvimento reprodutivo, período em que o estresse hídrico é mais crítico (Hochholdinger et al., 2004; Yu et al., 2014; Gao e Lynch et al., 2016). No presente estudo, a redução de NRC sugere uma adaptação radicular das variedades estudadas. Além disso, o incremento em DRC – 20,30 % – pode estar associado à maior presença pelos radiculares, o que garante maior superfície para absorção de água em eventual condição de seca.

Na análise conjunta, para a interação genótipos  $\times$  ambientes (G $\times$ A), os caracteres AP, NFG, CE, ARS, ARC, NRS e NRC não apresentaram diferenças significativas pelo teste F (Tabela 3). De acordo com Carvalho et al. (2019), a significância para G $\times$ A ocorre quando um mesmo genótipo possui respostas suficientemente distintas nos diferentes locais avaliados, o que, no presente trabalho, foi detectada para SPAD, CP, NRP, CME, NGF, RG, MS e DRC, evidenciando, então, a dificuldade de alcançar ganhos para essas características em distintas condições, especialmente, em se tratando de um estresse abiótico como o déficit hídrico, vez que na presença de G $\times$ A há um lento progresso no processo de melhoramento (Chenu, 2015), dada as dificuldades na obtenção correta das estimativas dos parâmetros genéticos e da obtenção de segregantes superiores em gerações avançadas (Ramalho et al., 1993)

Portanto, dada ausência de significância para G $\times$ A em relação a AP, NFG, CE, ARS, ARC, NRS e NRC é possível inferir que, para essas características, a

seleção em um dos ambientes possibilitará ganhos concomitantes para as duas condições. Para os caracteres onde foi detectada interação significativa de  $G \times A$ , a análise de dissimilaridade de ambientes permite estimar os percentuais de interação simples e complexa, os quais são apresentados na Tabela 4.

**Tabela 6** - Percentual da parte complexa de QM  $G \times A_{ij}$  de caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares de 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca em condições de estresse hídrico (WS) e de irrigação plena (WW).

Caracteres	SPAD	CP	NRP	CME	NGF	MCG	RG	MS	DRC
% da parte complexa de QM $G \times A_{ij}$	10,85	23,99	24,57	30,11	33,79	91,07	75,04	35,21	13,04

SPAD: Teor relativo de clorofila; CP: comprimento do pendão (cm); NRP: número de ramificações do pendão; CME: comprimento médio de espiga (cm); NGF: número de fileiras de grãos (un); NGF: Número de grãos por fileira (un); MCG: massa de cem grãos (g); RG: Rendimento de grãos ( $\text{Kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ ); MS: Matéria seca (g); DRC: densidade de raiz da coroa.

Segundo Cruz et al. (2014), a existência da interação  $G \times A$  está associada a dois fatores: simples e complexo. O fator simples é proporcionado pela diferença de variabilidade dos genótipos nos ambientes, enquanto o complexo é decorrente da falta de correlação entre genótipos nos ambientes.

Apenas os caracteres MCG e RG apresentaram interação do tipo complexa, explicando 91,07 e 75,04 % da variação de QMG, respectivamente, o que torna ainda mais difícil o processo de melhoramento para as mesmas (Cruz et al., 2014), considerando que quando do tipo complexa, a interação revela a dificuldade de um genótipo se destacar em mais de um ambiente. Os demais caracteres avaliados (SPAD, CP, NRP, CME, NGF, MS e DRC), apresentaram a interação do tipo simples (Tabela 4), facilitando o processo de melhoramento com base nessas características.

## 5.2 Efeitos genéticos e ambientais dos caracteres em WS e WW

Quando deseja maximizar os ganhos para uma série de ambientes, o apropriado é estimar estes ganhos utilizando o componente de variância genética da análise conjunta (Cruz et al., 2014). No entanto, neste estudo, objetiva-se

selecionar populações com adaptações específicas aos locais avaliados, sobretudo para ambiente com estresse hídrico. Assim, a análise realizada se deu com base nos parâmetros genéticos obtidos a partir das estimativas de cada ambiente.

O componente de variância genotípica ( $\sigma^2_g$ ) é resultado das diferenças genéticas entre os indivíduos. Um valor elevado desse componente é indicativo de ampla variabilidade genética para o caráter, sendo de importância na identificação de genótipos superiores. Em condição WS, o único caráter que apresentou  $\sigma^2_g$  menor que a variância ambiental ( $\sigma^2_e$ ) foi NFG – na comparação entre 0,75 e 0,84, respectivamente. Já no ambiente WW situação semelhante foi observada somente para a característica SPAD, na comparação entre 13,80 e 10,81, respectivamente (Tabela 5).

As estimativas do coeficiente de herdabilidade são importantes para o processo de melhoramento. Quando os tratamentos são considerados fixos, a herdabilidade é denominada coeficiente de determinação genotípica ( $H^2$ ) (Yokomizo e Vello, 2000). Essa estimativa explica a proporção da variância genotípica que é de origem genética, ou seja, o grau de correlação entre o fenótipo e o genótipo (Hallauer et al., 2010; Cruz et al., 2014). Elevados valores para o coeficiente de determinação genotípica foram encontrados nas duas condições hídricas. Em WW as estimativas de  $H^2$  variaram de 43,91% (ARC) a 98,99% (NRC), ao passo que em WS, o menor valor foi de NFG (47,18%), enquanto o maior valor foi observado em CE (98,41 %) (Tabela 5).

Para 56,25 % das características avaliadas, as estimativas de  $H^2$  foram superiores no ambiente WS quando comparadas às respectivas estimativas no ambiente WW, a saber: SPAD (81,14% contra 43,91%), AP (90,23% contra 85,61%), NRP (90,69% contra 56,49%), NGF (72,46 % contra 63,63%), MCG (94,78 % contra 85,74%), CE (98,41 % contra 98,00%), ARS (95,26 % contra 95,28 %), ARC (93,63 % contra 93,20%) e DRC (96,03 contra 92,18%). Isso indica que para essas características há maior confiabilidade na seleção de genótipos superiores no ambiente WS.

O fato de que o  $H^2$  de SPAD apresentou-se praticamente o dobro em condição WS revela indícios de que essa característica em condição de seca pode ser mais interessante para a seleção *per se*, até mesmo, para a seleção de segregantes superiores em gerações avançadas, o que é de fundamental

importância para programas de melhoramento de milho-pipoca para condições de escassez hídrica. O maiores valores de  $H^2$  de RG e CE em WS também reforça a hipótese de sucesso na seleção de genótipos e materiais segregantes superiores, o que é de extrema importância para produtores e consumidores. É factível notar, também, que apesar de ARS, ARC e DRC serem características destrutivas e de difícil mensuração, suas mais elevadas magnitudes de  $H^2$  em WS demonstra forte expectativa de sucesso em programas de melhoramento para o déficit hídrico, visto que espera-se maior adaptação dos genótipos para condições onde a água é um fator limitante no solo.

No trabalho realizado por Kamporst et al. (2018b), as características de massa de cem grãos e número de grãos por fileira, associadas ao rendimento de grãos, também apresentaram valores superiores de  $H^2$  no ambiente de estresse hídrico, revelando condição superior do WS para a seleção de genótipos superiores para o estresse hídrico.

Todavia, há que se ter acuidade de que a herdabilidade – aqui, na acepção de coeficiente de determinação genotípico – *per se* não reflete necessariamente a quantidade de variação que existe em uma população e, conseqüentemente, o ganho que é esperado com a seleção. Isto porque a predição deste depende ainda da amplitude de variação que afeta o diferencial de seleção. Nesse sentido, Heiko (2001) sugere que juntamente com a herdabilidade seja usado o coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) para que se tenha maior fidedignidade na pressuposição do ganho esperado.

Portanto, estimativas do coeficiente de variação genética permitem ao melhorista ter uma projeção de grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio da seleção, ao longo de um programa de melhoramento. Já o coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ), em contrapartida, retrata a variação das características estudadas em razão da influência do ambiente.

Assim, na Tabela 5 são expressos os das estimativas de  $CV_g$  e na Tabela 3 os valores de  $CV_e$ . No ambiente WW o  $CV_e$  variou de 3,51% (CP) a 19,35% (SPAD), e no ambiente WS, variou de 3,60% (ARC) a 19,60% (SPAD). Já o  $CV_g$ , por sua vez, em WW variou de 1,80% (ARC) a 81,91% (RG) e no WS de 7,97% a 42,67% para ARC e CE, respectivamente (Tabelas 3 e 5).

Em WS, os maiores valores de  $CV_g$  foram expressos para as características CE, RG e SPAD, com magnitudes respectivas de 42,67%, 36,70% e 23,47%. Já

em WW, os maiores valores de  $CV_g$  foram obtidos para CE (81,91 %), RG (49,67 %) e MCG (39,45%).

A relação entre esses dois componentes ( $CV_g/CV_e$ ) –  $I_v$  – tem aplicação no sucesso da seleção de genótipos superiores, no que dependerá de sua magnitude, sobretudo em situações em que for igual ou superior à unidade (Cruz et al., 2014), além disso, essas informações reforçam o satisfatório nível de acurácia experimental. Para o presente trabalho, os valores de  $I_v$  superiores à unidades em WS foram encontrados em SPAD (1,20), AP (1,75) CP (2,78) , CME (1,22), MCG (2,46), RG (2,68), CE (5,28), MS (1,32) ARS (2,82), ARC (2,21), NRC (2,82) e DRC (2,84).

Apesar de valores elevados de  $CV_e$  serem esperados para características quantitativas e poligências, como é o caso de SPAD, AP, CP, CME, MCG e RG, nesse estudo esses valores se revelaram menores do que as estimativas de  $CV_g$ , resultando em valores de  $I_v$  superiores a um, mostrando que nas condições estudadas, a variação ambiental foi menor do que a de mérito genético dos genótipos para essas características, indicando uma situação favorável para seleção desses caracteres nas duas condições, dada sua fácil mensuração na discriminação de germoplasma tolerância a seca. Além disso, os valores elevados de  $I_v$  para os caracteres radiculares ARS, ARC, NRC e DRC apontam para a superioridade dos genótipos em contornarem a falta de água no solo com base nessas características, visto que sua variação genética é menor que a ambiental.

**Tabela 7**–Estimativas da variância ambiental ( $\sigma^2_e$ ), da variância genotípica ( $\sigma^2_g$ ), do coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ), da razão  $CV_g/CV_e$  e do coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ) de caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares de 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca em condições de estresse hídrico (WS) e de irrigação plena (WW).

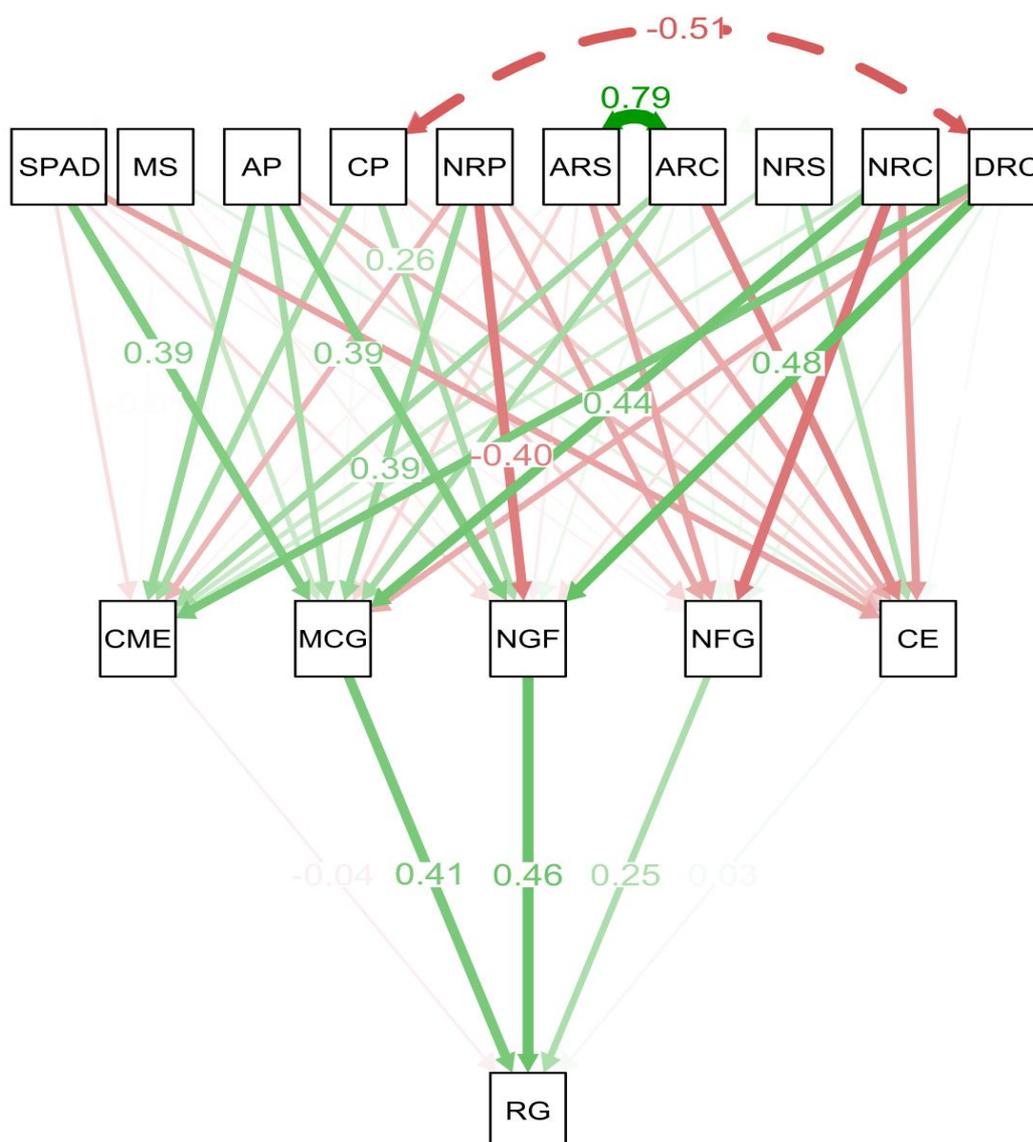
Característica	WS					WW				
	$\sigma^2_e$	$\sigma^2_g$	$CV_g\%$	lv	$H^2$	$\sigma^2_e$	$\sigma^2_g$	$CV_g\%$	lv	$H^2$
SPAD	10,06	43,25	23,47	1,20	81,14	13,80	10,81	9,89	0,51	43,91
AP	28,94	267,34	10,00	1,75	90,23	51,53	306,49	7,91	2,25	85,61
CP	0,11	2,62	13,55	2,78	95,86	0,06	2,49	13,10	1,91	97,66
NRP	0,44	4,31	10,75	0,84	90,69	1,41	1,83	8,45	1,42	56,49
CME	0,34	1,53	10,95	1,22	81,66	0,25	1,27	11,74	1,74	83,75
NFG	0,84	0,75	6,86	0,55	47,18	0,29	1,13	8,83	1,25	79,50
NGF	5,60	14,73	16,52	0,94	72,46	2,69	4,70	8,04	0,78	63,63
MCG	0,44	8,05	18,83	2,46	94,78	0,59	3,53	39,45	4,76	85,74
RG	21654,37	231826,86	36,70	2,68	91,46	40615,39	551651,54	49,67	3,82	93,14
CE	0,88	54,65	42,67	5,28	98,41	1,39	67,78	81,91	8,38	98,00
MS	342,84	1785,49	22,07	1,32	83,89	351,74	2550,47	25,04	1,55	87,88
ARS	1,88	44,74	10,99	2,82	95,96	2,33	46,99	11,19	2,59	95,28
ARC	1,99	29,18	7,97	2,21	93,63	14,91	1,53	1,80	0,18	93,20
NRS	1,25	3,69	14,55	0,99	74,74	0,32	5,17	17,54	2,30	94,08
NRC	0,75	17,74	21,15	2,82	95,97	0,29	20,10	22,24	5,73	98,99
DRC	0,03	0,75	16,67	2,84	96,03	0,02	0,29	12,40	1,98	92,18

SPAD: Teor relativo de clorofila; AP: Altura de planta (cm); CP: comprimento do pendão (cm); NRP: número de ramificações do pendão; CME: comprimento médio de espiga (cm); NGF: número de fileiras de grãos (un); NGF: Número de grãos por fileira (un); MCG: massa de cem grãos (g); RG: Rendimento de grãos (Kg.ha<sup>-1</sup>); CE: capacidade de expansão (g.mL<sup>-1</sup>); MS: Matéria seca (g); ângulo de raízes adventícias (ARA); de suporte (ARS); e da coroa (ARC); número de raízes adventícias (NRA); de suporte (NRS); e da coroa (NRC); e densidade de raiz da coroa (DRC).

### 5.3 Associação entre características para a tolerância à seca

#### 5.3.1 Efeitos das variáveis explicativas sobre a variável principal RG

Em condição WS, os caracteres NGF e MCG possuem os maiores efeitos diretos sobre a variável principal RG (0,46 e 0,41, respectivamente) (Figura 5).



**Figura 5**—Diagrama causal da análise de trilha de 15 variáveis explicativas sobre a variável principal RG no ambiente WS. As linhas unidirecionais referenciam os efeitos diretos de uma característica sobre outra indicada pela seta e as linhas bidirecionais referem-se às correlações entre as variáveis. A cor verde indica efeito e correlação positiva; e a cor vermelha, efeito e correlação negativa, a intensidade das cores e espessura da linha indicam o grau do efeito de uma característica sobre as demais.

Nesse sentido, NGF e MCG se apresentam como características promissoras para a seleção indireta sobre rendimento de grãos em condições de seca e, ao observar o efeito dessas duas características, o mais expressivo ocorreu via NGF, revelando tratar-se de uma trilha promissora.

Analisando os efeitos das características secundárias sobre NGF, notam-se os maiores efeitos positivos dos caracteres DRC (0,48), AP(0,39) e, em menor magnitude, o caractere CP (0,26). Dentre os efeitos negativos, o mais acentuado proveio de NRP, com magnitude de -0,40. Sobre MCG, incidem com maior expressão os efeitos de NRC (0,44), NRP e SPAD (0,39)(Figura 5). Esses resultados revelam uma situação favorável para a realização da seleção indireta, visto que ao serem observados ganhos em AP e SPAD – cuja correlação foi positiva e de magnitude mais elevada, qual seja, 0,45 – e redução em NRP, podem-se obter ganhos em RG via NGF e MCG.

Há de se considerar, portanto, que pelo elevado valor de DRC sobre NGF (0,48), essa característica seria uma importante candidata à seleção indireta para ganhos em RG, visto que estudos reportam que o incremento na densidade de raízes aumenta a área do solo explorado com o mínimo de custo metabólico adicional para a planta garantindo melhora na aquisição de água em condição de estresse (Brown et al., 2012). Entretanto, trata-se de uma característica de difícil mensuração, tornando o processo de seleção de genótipos mais oneroso. Nesse sentido, indica-se essa característica apenas para composição de um ideótipo radicular para o programa de melhoramento de milho-pipoca em condição WS.

Por ser um mensurador não destrutivo, de fácil e rápida utilização, o índice de clorofila (SPAD) torna-se, com base nesses resultados, um excelente indicador de ganhos indiretos em RG via MCG. No entanto, deve-se examinar com acuidade o efeito de AP, vez que para milho-pipoca se desconhecem mecanismos que justifiquem a tolerância à seca em plantas mais altas, entretanto é relatado que há correlação positiva entre altura de plantas e rendimento de grãos em milho-pipoca (Amaral Junior et al., 2016; Cabral et al., 2016; Kamphorst et al., 2019) e milho comum (Pacheco et al., 2002; Costa et al., 2008). Porém, plantas mais altas possuem maior susceptibilidade ao acamamento (Amaral Junior et al., 2016).

Trabalhando com 20 linhagens de milho-pipoca em condições WW e WS, Kamphorst et al. (2019) revelaram a possibilidade de ganhos no volume de pipoca

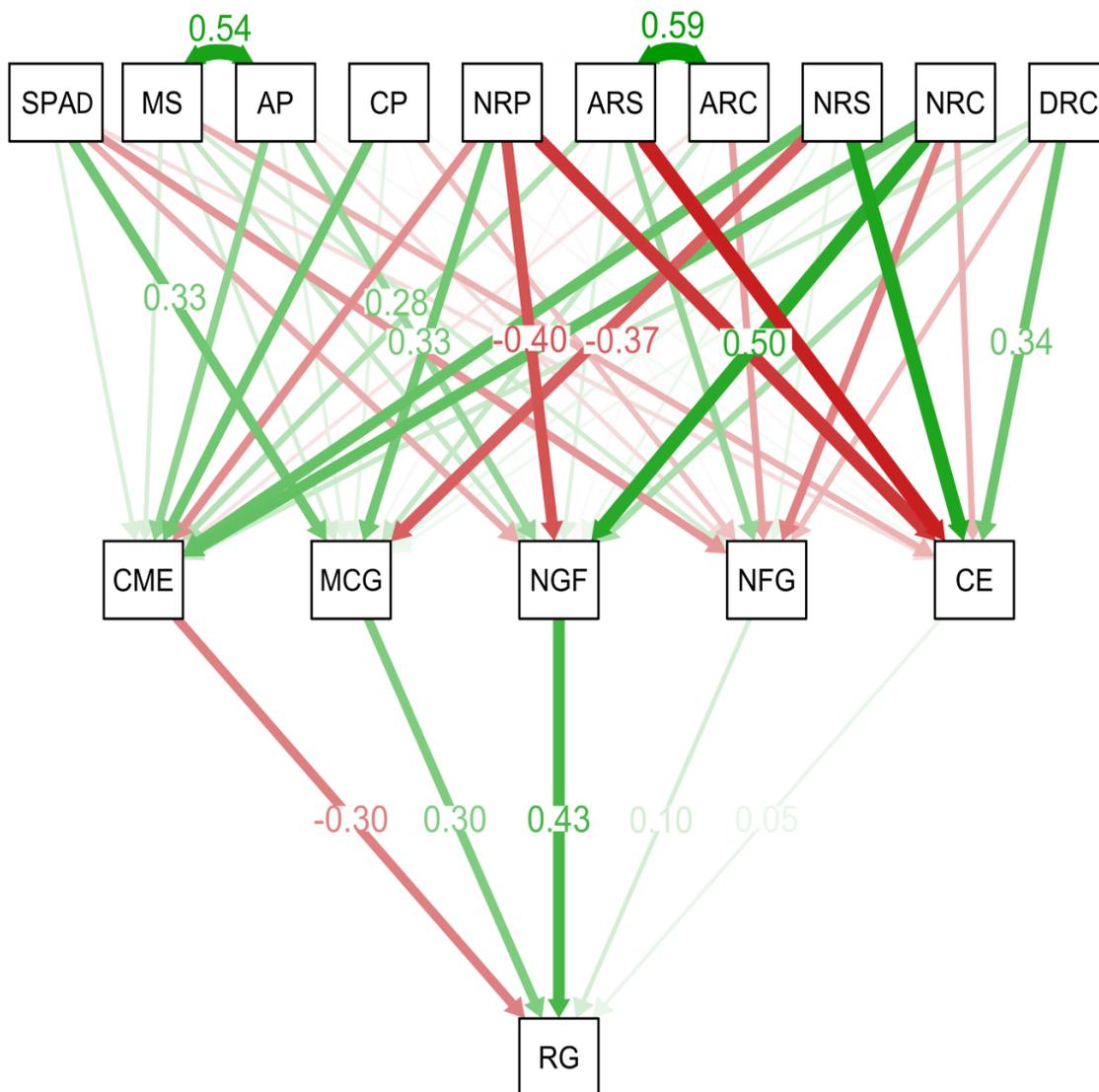
expandida por hectare nas duas condições por meio das características número de grãos por fileira via SPAD, tornando o processo de seleção mais rápido, vez que tratam-se de metodologias de fácil mensuração.

Em WW, o cenário é semelhante ao que ocorreu em WS, em se tratando dos sinais e intensidades dos efeitos diretos dos caracteres primários sobre RG. Observa-se que também em WW os efeitos diretos positivos e de maiores magnitudes sobre RG ocorreram via NGF e MCG, com estimativas de 0,43 e 0,30, respectivamente (Figura 6). Embora também tenha ocorrido estimativa negativa do efeito de CME sobre RG, este valor em WW foi sobremaneira superior ao que ocorreu em WS, na análise comparativa entre -0,30 e -0,04 (Figuras 5 e 6), ratificando que o comprimento médio de espiga não é uma variável a ser considerada como característica auxiliar em programas de seleção indireta.

Em relação às características da segunda cadeia sobre NGF – característica aqui destacada como a de maior interesse para seleção indireta de RG –, sobressaíram-se NRC e AP, com estimativas positivas de 0,50 e 0,26 respectivamente; e, por outro lado, NRP, com estimativa negativa de -0,40. Já sobre MCG, sobressaíramos efeitos positivos de SPAD e NRP (0,33) e negativo de NRS, de magnitude -0,37 (Figura 6). Em condições favoráveis de água no solo, a associação positiva entre o número de raízes da coroa e número de grãos por fileira é um fenômeno esperado, visto que em condições WW não há custo metabólico da planta para incremento no número dessas raízes, o que favorece a captação e nutrientes para o processo de formação e enchimento de grãos na espiga. Já a associação negativa de NRP com NGF sustenta a hipótese aqui apresentada de que um incremento no número e tamanho dessa estrutura reprodutiva masculina favorece a competição por produtos fotossintéticos disponibilizados pela planta em seu desenvolvimento reprodutivo bem como pode causar sombreamento nas folhas superiores, causando prejuízos para o processo fotossintético (Avramova et al., 2019).

Os coeficientes de determinação da análise de trilha ( $R^2$ ) nos dois ambientes foram significativos. Em WS o  $R^2$  explicou 71,00% (0,71) da variação em RG com efeito residual de 6,40 % (0,06). Em WW, o  $R^2$  explicou 80,00%, com efeito residual de 6,60 % (0,06). Esses resultados refletem a qualidade dos dados

para a obtenção dos coeficientes da trilha, apontando para a confiança das estimativas dos efeitos das características sobre a variável principal RG.

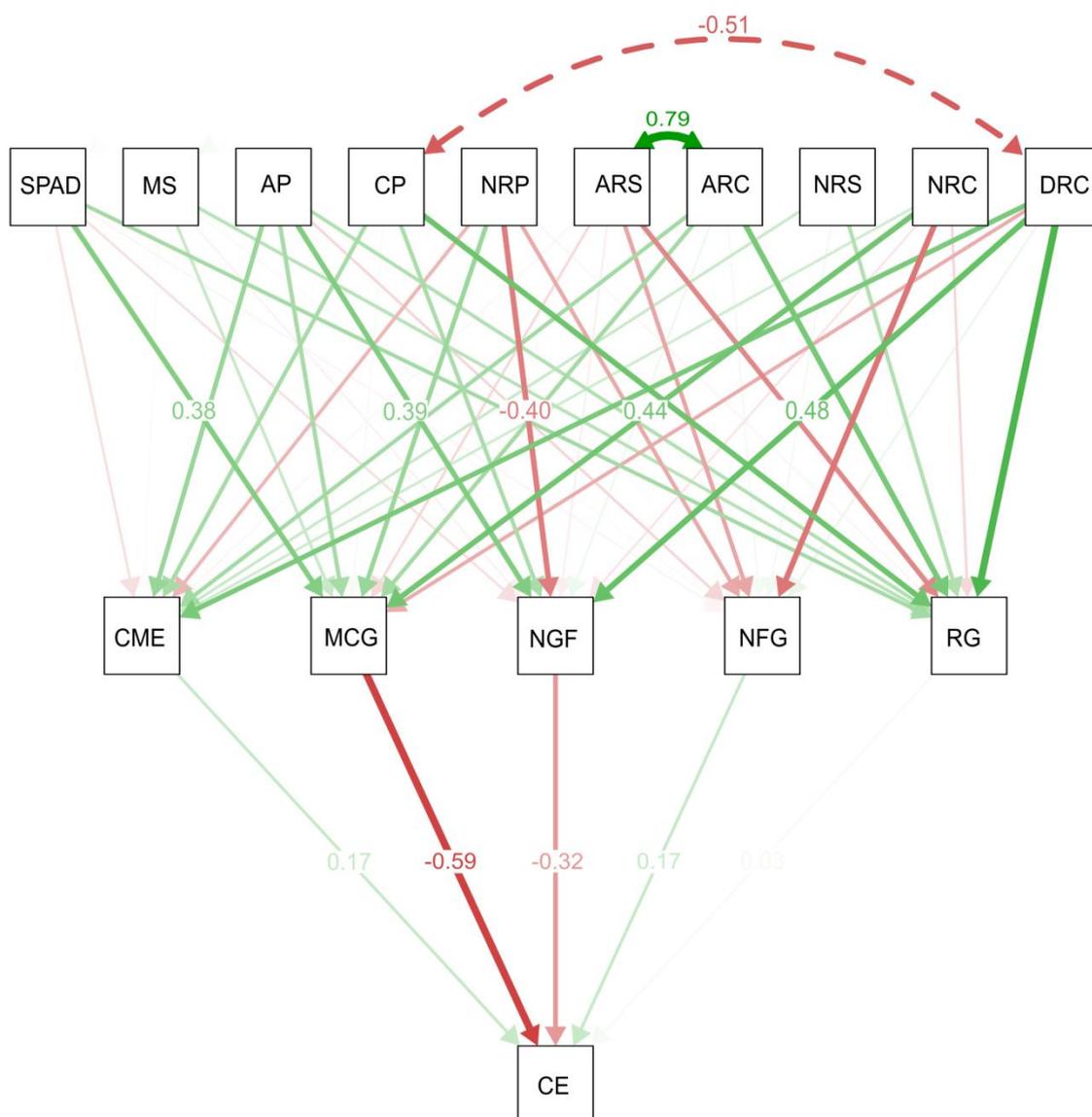


**Figura 6** - Diagrama causal da análise de trilha de 15 variáveis explicativas sobre a variável principal RG no ambiente WW. As linhas unidirecionais referenciam os efeitos diretos de uma característica sobre outra indicada pela seta e as linhas bidirecionais referem-se às correlações entre as variáveis. A cor verde indica efeito e correlação positiva; e a cor vermelha, efeito e correlação negativa, a intensidade das cores e espessura da linha indicam o grau do efeito de uma característica sobre as demais.

### 5.3.2 Efeitos das variáveis explicativas sobre a variável principal CE

No ambiente WS, as variáveis MCG e NGF apresentaram os maiores efeitos diretos negativos sobre a variável principal CE, com valores respectivos de

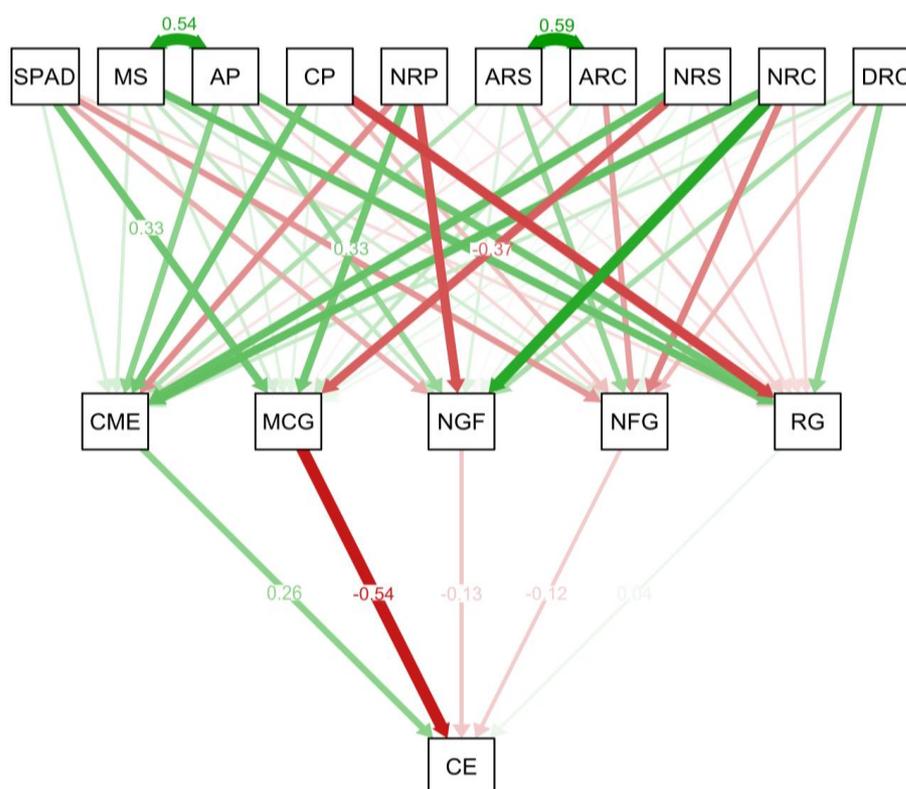
-0,59 e -0,32 (Figura 7). Com base nesses resultados, corrobora-se o que já vem sendo propalado para a cultura do milho-pipoca, em relação à associação negativa entre características de produtividade para com a capacidade de expansão (Pacheco et al., 1998; Hallauer, 2010; Rangel et al., 2011).



**Figura 7** -Diagrama causal da análise de trilha de 15 variáveis explicativas sobre a variável principal CE no ambiente WS. As linhas unidirecionais referenciam os efeitos diretos de uma característica sobre outra indicada pela seta e as linhas bidirecionais referem-se às correlações entre as variáveis. A cor verde indica efeito e correlação positiva; e a cor vermelha, efeito e correlação negativa, a intensidade das cores e espessura da linha indicam o grau do efeito de uma característica sobre as demais.

Percorrendo a trilha de CE em WS e analisando os efeitos das características secundárias sobre MCG, nota-se que os maiores efeitos positivos são oriundos de NRC e SPAD, com valores de 0,44 e 0,38, respectivamente, e sobre NGF, oriundos de DRC e AP –magnitudes respectivas de 0,48 e 0,39 –, ao passo que NRP expressou o maior valor negativo, de -0,40 (Figura 7). Como discutido anteriormente, é esperado que menor número de ramificações no pendão (NRP), contribuam positivamente para o incremento em produtividade, vez que há redução do sombreamento da folha bandeira e competição por fotoassimilados pelas diferentes estruturas vegetais (Edmeads et al., 1999). No ambiente de irrigação plena (WW), observa-se que os efeitos sobre CE se deram majoritariamente pela variável MCG, expresso pelo valor -0,54. Sobre MCG, incidiram de forma mais expressiva os efeitos de positivos de SPAD e NRP(0,33) e negativo de NRS, de -0,37 (Figura 8).

Com base nesses resultados, MCG apresenta-se como variável desinteressante para ser utilizada como via para seleção indireta de CE em WS e WW. Trabalhos anteriores relatam efeitos negativos de associação para com CE com base em outras características. Cabral et al. (2016), por exemplo, avaliando 90 híbridos de milho-pipoca em condições irrigadas, encontraram correlações genóticas negativas entre CE e comprimento de grãos, de valor de -0,63. Kamphorst et al. (2019), por sua vez, estimaram efeitos negativos de trilha entre comprimento, diâmetro de espiga e prolificidade para com o caracter CE, ao avaliarem 20 linhagens de milho-pipoca em ambiente irrigado e com déficit hídrico. No trabalho aqui apresentado, uma opção que surge para seleção de CE seria via comprimento de espiga – CME –, por expressarem valores positivos dos efeitos tanto em WS quanto em WW. Porém, esses valores não foram de magnitudes expressivas, quais sejam: 0,17 e 0,26, respectivamente. De todo modo, não se pode alijar a possibilidade de seleção de CE via CME. Logo, se o caminhamento para seleção indireta de CE não perspassa por trilha que envolva massa de grãos, o mesmo não se pode atestar para com comprimento de espiga, de forma contrária ao propalado por Kamphorst et al. (2019). Tem-se, pois, a sugestão de realização de novos estudos para averiguar a possibilidade de identificação de uma trilha confiável para se estabelecer a seleção via capacidade de expansão.

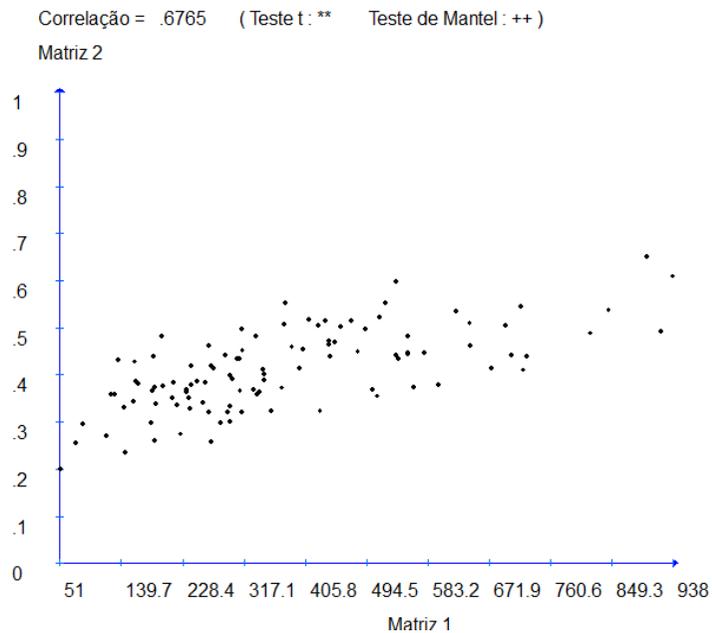


**Figura 8** - Diagrama causal da análise de trilha de 15 variáveis explicativas sobre a variável principal CE no ambiente WW. As linhas unidirecionais referenciam os efeitos diretos de uma característica sobre outra indicada pela seta e as linhas bidirecionais referem-se às correlações entre as variáveis. A cor verde indica efeito e correlação positiva; e a cor vermelha, efeito e correlação negativa, a intensidade das cores e espessura da linha indicam o grau do efeito de uma característica sobre as demais.

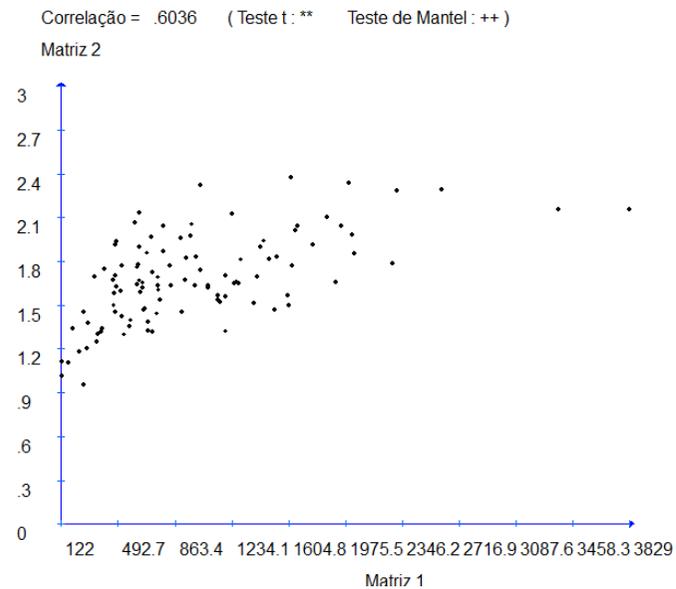
#### 5.4 Análise de agrupamento e diversidade genética

O estudo da variabilidade entre acessos é essencial em etapas iniciais de um programa de melhoramento, vez que é o procedimento mais rápido e viável para conhecimento da diversidade genética de um banco de germoplasma disponível para o melhorista. As variações fenotípicas representam uma oportunidade ideal para este fim, por demandarem pouco tempo e menor custo (Franco et al., 2001; Aci et al., 2018).

O teste de Mantel mostrou haver correlação linear significativa ( $p < 0,01$ ) entre as estimativas das distâncias euclidiana média padronizada (D) e generalizada de Mahalanobis (D<sup>2</sup>), no ambientes WS e WW, o que evidencia boa concordância entre as medidas (Figura 9A e B), possibilitando a formação de grupos semelhantes em análises subsequentes.



(A)



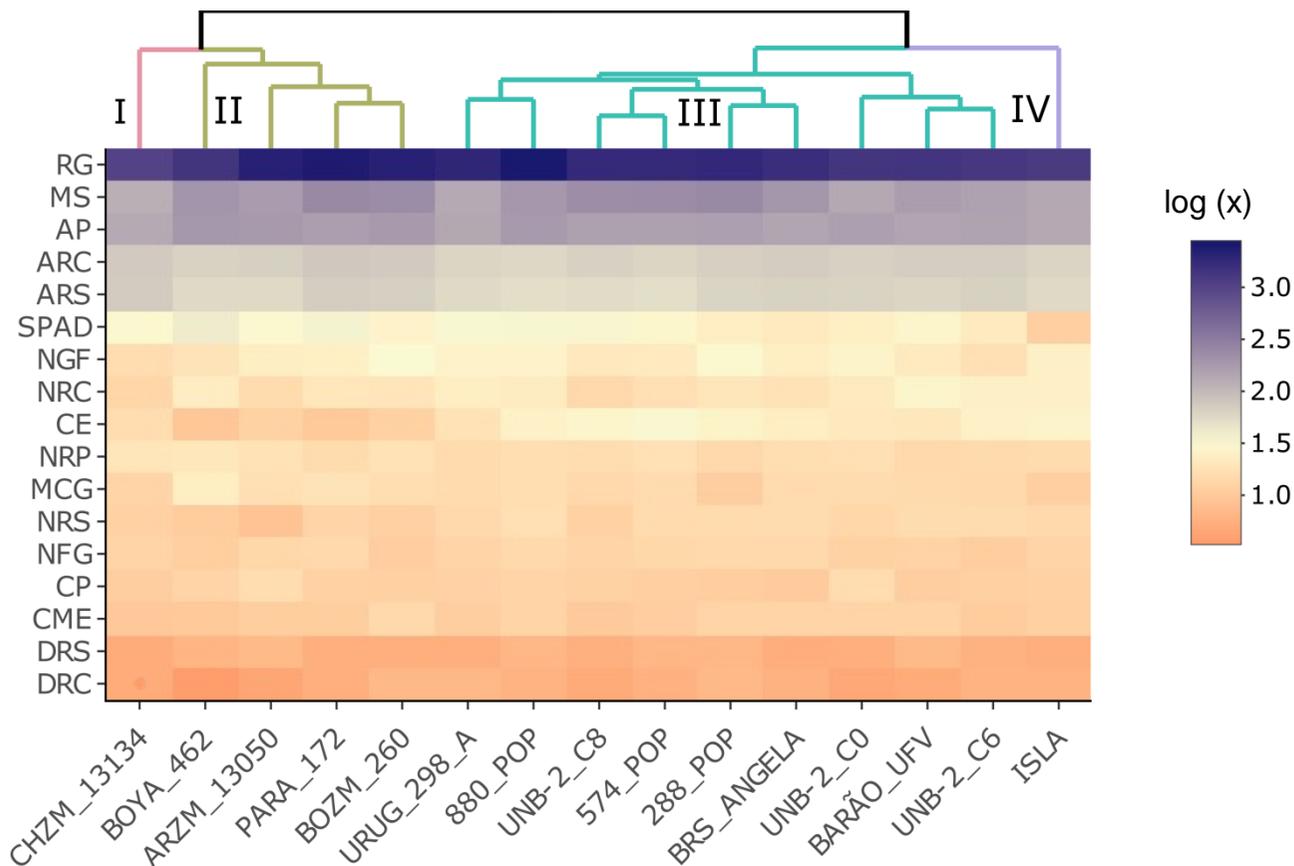
(B)

**Figura 9** – Análise de Mantel para as estimativas da distância euclidiana média padronizada (D) e generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), no ambiente WS (A) e WW (B) para 15 genótipos de milho-pipoca. \* e \*\* indicam significância a 5 e 1% pelo teste t; + e ++ indicam significância a 5 e 1% pelo teste de Mantel com base em 1.000 simulações.

Para milho-pipoca em condições de déficit hídrico ainda não há relatos de métodos mais apropriados de obtenção de medidas de dissimilaridade para o estudo de diversidade genética. Porém, é relatado para outras culturas correlação linear significativa e de alta magnitude entre as estimativas das distâncias euclidiana média padronizada e generalizada de Mahalanobis. Aguiar et al. (2008), em um estudo de diversidade de 16 linhagens  $S_5$  oriundas de nove variedades de milho-pipoca, encontraram correlação linear igual a 0,88 entre as duas matrizes de dissimilaridade. Cargnelutti Filho et al. (2008), estudando 14 genótipos de feijão em nove experimentos, em Santa Maria/RS, encontraram correlação linear de 0,92 entre as estimativas de  $D$  e  $D^2$ .

Desse modo, com base na distância euclidiana média, a análise de dissimilaridade genética entre as 15 variedades de polinização aberta estudadas nos dois ambientes (WW e WS) permitiu a formação de quatro grupos distintos (Figuras 10 e 11), condizentes com o esperado baseado nas informações previamente conhecida das variedades.

No ambiente WS, o primeiro grupo conteve apenas a variedade CHZM13134 por possuiras menores médias para RG, MS, AP, ARS, NRC e DRS. O segundo grupo foi formado pelos genótipos BOYA 462, ARZM13050, PARA 172 e BOZM 260, que possuíam maiores médias de RG, MCG e os menores valores para CE e DRC. O terceiro grupo reuniu os genótipos URUG298-A, 880POP, UNB2-C8, 574POP, 288POP, BRS Angela , UNB2-C0, BARÃO-UFV e UNB2-C6, que possuíram as maiores médias de CE. O grupo quatro foi formado apenas pela variedade ISLA, por possuir o menor valor de SPAD (Figura 10).



**Figura 10** -Heatmap da Distância Euclidiana Média, pelo método UPGMA, entre 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca com base nas médias dos caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares em condições de irrigação plena (WS) em escala logarítmica. SPAD: Teor relativo de clorofila; AP: Altura de planta (cm); CP: comprimento do pendão (cm); NRP: número de ramificações do pendão; CME: comprimento médio de espiga (cm); NFG: número de fileiras de grãos (un); NGF: Número de grãos por fileira (un); MCG: massa de cem grãos (g); RG: Rendimento de grãos (Kg.ha<sup>-1</sup>); CE: capacidade de expansão (g.mL<sup>-1</sup>); MS: Matéria seca da parte aérea (g); ARS: ângulo de raiz de suporte; ARC: ângulo de raiz da coroa; NRS: número de raízes de suporte; NRC: número de raízes da coroa; e DRC: densidade de raiz da coroa

No ambiente WW, o primeiro grupo foi formado pelas variedades 574POP, UNB2-C8 e 880POP, que possuem menores valores de ARC e ARS. Já no grupo dois, foram agrupadas as variedades 288POP, BRS Angela, URUG298A, UNB2-C6, ISLA, BARÃO-UFV e UNB2-C0 por possuírem maiores valores de CME e NRS. O grupo três foi formado apenas por CHZM13134 e ARZM13050, com menores valores de SPAD, DRC, NRC e MS. O grupo quatro reuniu as variedades BOYA 462, BOZM 260 e PARA 172, com maiores valores de MCG e menores valores de CE (Figura 11).

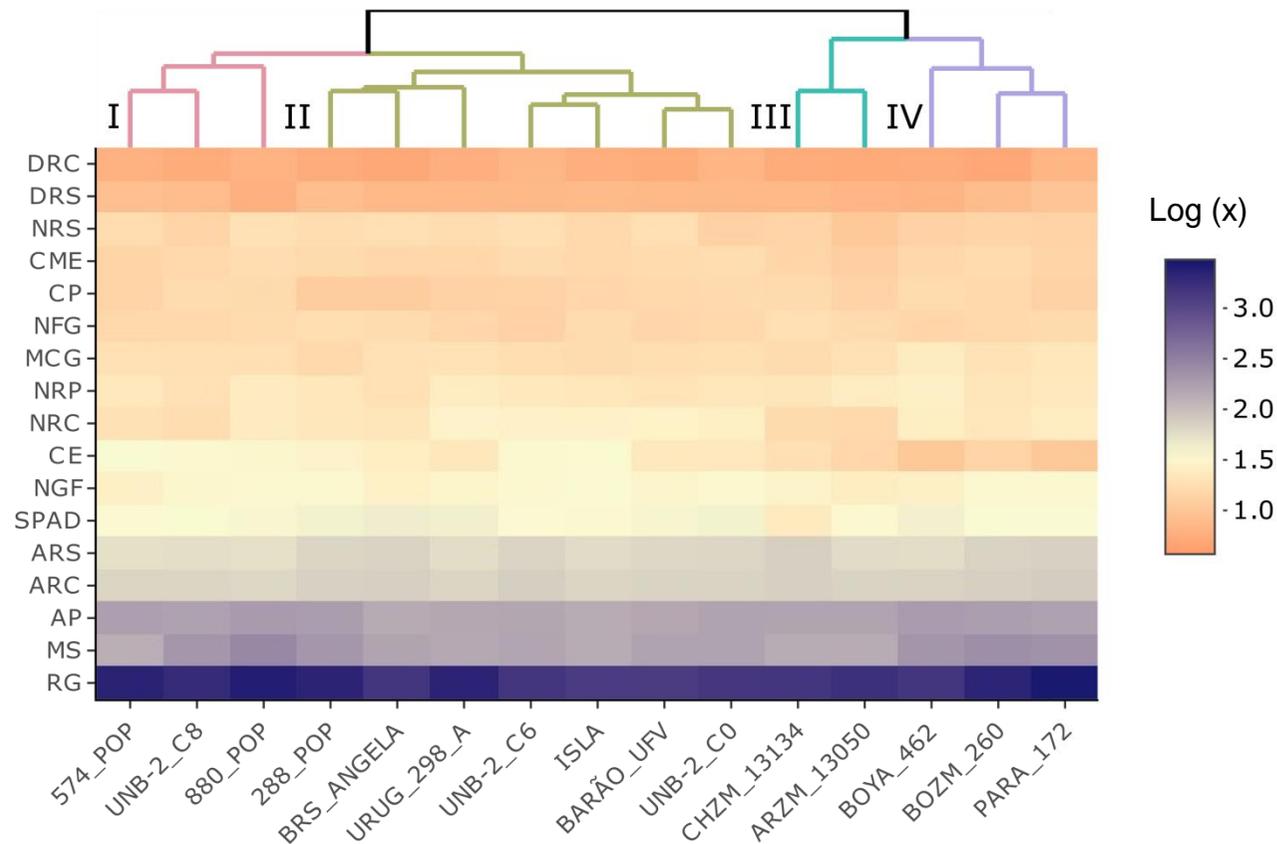
A formação de quatro grupos mostra a variabilidade existente entre as variedades estudadas com base nos caracteres fisiológicos, radiculares e morfoagronômicos. Em um estudo realizado por Aci et al. (2018), dentre 27 variedades de milho estudadas, houve a formação de três grupos com base em 24 descritores morfoagronômicos.

Esses resultados ressaltam a grande importância das variedades de polinização aberta para a manutenção da variabilidade genética em um programa de melhoramento de plantas (Warburton et al., 2008) visto que somente 5% de toda variabilidade existente na cultura do milho é explorada no uso comercial (Carena et al., 2019) e que muitas variedades são descartadas por conta de características indesejadas.

Em milho, as variedades de polinização aberta apresentam menores valores para atributos de importância comercial se comparadas aos híbridos, por exemplo. Entretanto, é a variabilidade presente nessas variedades que garantem a adaptação da cultura a ambientes sujeitos a estresses abióticos no cenário atual de mudanças climáticas (Ignjatovic-Micic et al., 2015; Aci et al., 2018).

Com base nisso, as variedades agrupadas por possuírem menores valores para produtividade ou capacidade de expansão não são descartadas como fonte importante de variabilidade para outros atributos, como é o caso de CHZM13134 (menor valor de RG) e BOYA 462, ARZM13050, PARA 172 e BOZM 260 (menores valores de CE). Além disso, por RG e CE serem características correlacionadas negativamente (Larish e Brewbacker, 1999; Pereira e Amaral Júnior, 2001), é comum que se agrupem genótipos com diferentes desempenhos para RG e CE em alocações distintas. Nesse sentido, e considerando-se ainda a ausência de cultivar de milho-pipoca no mercado com adaptação ao estresse hídrico, em um programa de melhoramento de milho-pipoca com essa conotação,

há que se ter destaque para as variedades de polinização aberta como fontes promissoras para a extração de linhagens e, conseqüente, formação de híbridos superiores.



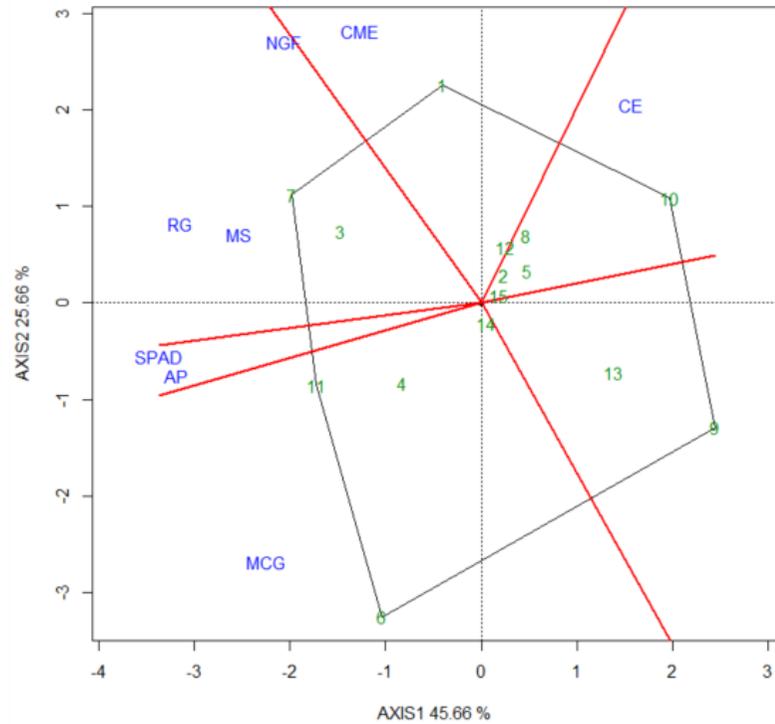
**Figura 11** -Heatmap da Distância Euclidiana Média, pelo método UPGMA, entre 15 variedades de polinização aberta de milho-pipoca com base nas médias dos caracteres morfoagronômicos, fisiológicos e radiculares em condições de irrigação plena (WW) em escala logarítmica. SPAD: Teor relativo de clorofila; AP: Altura de planta (cm); CP: comprimento do pendão (cm); NRP: número de ramificações do pendão; CME: comprimento médio de espiga (cm); NFG: número de fileiras de grãos (un); NGF: Número de grãos por fileira (un); MCG: massa de cem grãos (g); RG: Rendimento de grãos (Kg.ha<sup>-1</sup>); CE: capacidade de expansão (g.mL<sup>-1</sup>); MS: Matéria seca da parte aérea (g); ARS: ângulo de raiz de suporte; ARC: ângulo de raiz da coroa; NRS: número de raízesde suporte; NRC: número de raízes da coroa; e DRC: densidade de raiz da coroa

## 5.5 Análise GT Biplot

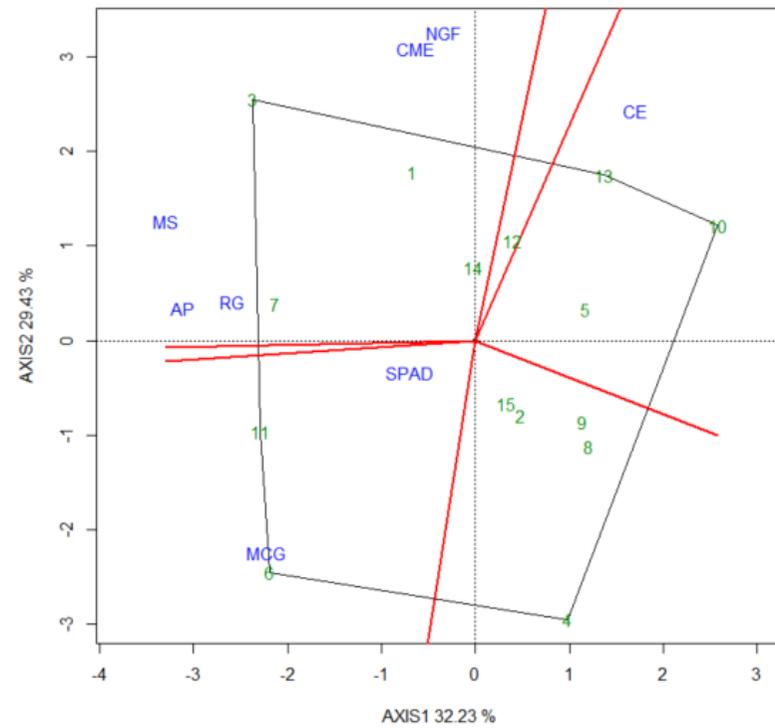
Na análise Biplot genótipos x caracteres no ambiente WS, os dois primeiros componentes principais explicaram 71,32% da variação total das características entre os genótipos avaliados (Figura 12A). No ambiente WW, os dois primeiros componentes principais explicaram 61,66% dessa variação (Figura 12B). De acordo com Yang et al. (2009), os dois primeiros componentes principais devem explicar mais que 60% da variação dos dados para que se tenha uma análise confiável dos resultados. No presente trabalho, a premissa de Yang et al. (2009) foi atendida tanto no ambiente WS quanto no WW, o que permite, pois, realizar a seleção multivariada segura de genótipos que apresentaram melhor desempenho para os caracteres estudados.

No gráfico *Which-won-Where* da análise Biplot são formados grupos de características que são separados por linhas perpendiculares e esses grupos são usados para identificar os genótipos de melhor destaque para essas características. Desse modo, os genótipos localizados nos vértices do polígono estão longe do centro de origem do gráfico, indicando seu melhor desempenho para o grupo de características (Yan, 2001; Santos et al., 2017; Yihunie e Gesesse, 2018). Em contrapartida, os genótipos dentro do polígono são aqueles menos responsivos para as características estudadas (Yan, 2001).

No ambiente WS, houve a formação de cinco grupos distintos com as variáveis estudadas (Figura 12A). O primeiro grupo incluiu apenas a variável de comprimento médio da espiga (CME). De forma análoga, o segundo grupo foi constituído somente pela característica de capacidade de expansão (CE) e, no mesmo sentido, o terceiro grupo foi formado tão somente pela característica de massa de cem grãos (MCG). Por sua vez, o quarto grupo foi formado pelas características de altura de planta (AP) e teor relativo de clorofila (SPAD); enquanto o quinto grupo foi formado pelas características rendimento de grãos (RG), matéria seca (MS) e número de grãos por fileira (NGF).



(A)



(B)

**Figura 12** - Gráfico Biplot Which-won-Where em condições de (a) déficit hídrico (WS) e (b) de irrigação plena (WW). MCG: Massa de 100 grãos; RG: Rendimento de grãos; AP: altura de planta; MS: Matéria seca da parte aérea; NGF: Número de grãos por fileira; CME: Comprimento médio de espiga; CE: Capacidade de expansão; SPAD: Teor relativo de clorofila.

O genótipo 288POP, que se apresentou no vértice do primeiro grupo, destacou-se por apresentar maior comprimento médio de espiga. O grupo dois apresentou o genótipo ISLA em seu vértice, que se destacou por ter exibido a maior estimativa para capacidade de expansão. Já no grupo três, destacaram-se os genótipos BOYA462 e PARA172 por apresentarem maiores valores para a característica de massa de cem grãos. No grupo quatro, não houve formação de vértice do polígono Biplot por nenhum genótipo, enquanto no grupo cinco, destacou-se o genótipo BOZM260, tendo sido o genótipo com maior rendimento de grãos, matéria seca e número de grãos por fileira (Figura 12A). Diferentemente destes, os genótipos alocados fora dos grupos formados são os menos responsivos para as características na condição de estresse hídrico e, portanto, mais desinteressantes para serem utilizados em programas de melhoramento visando à obtenção de genótipos superiores para esse estresse abiótico.

No presente estudo, a superioridade genotípica de 288POP, ISLA, BOYA462 e BOZM260, traz um alento aos programas de melhoramento visando à obtenção de genótipos superiores de milho-pipoca para adaptação a ambientes com escassez de água. Trata-se de um grupo de genótipos que se sobressaíram para características de elevado interesse para a seleção de genótipos para maior eficiência em condições de limitação hídrica, a saber: CE, MCG, RG, MS e NGF; e que, portanto, acredita-se portarem alelos que favoreçam a tolerância ao déficit hídrico ou eficiência no uso da água. Neste aspecto, há que se lembrar que em ambiente com déficit hídrico, germoplasma menos tolerante tende a aumentar seu intervalo de florescimento masculino e feminino, causando impacto em características como números de grãos por fileira, rendimento de grãos e, por conseguinte, na matéria seca (Kamphorst et al., 2019). Além disso, nessas condições, a quantidade de água alocada para o enchimento de grãos se torna reduzida (Dinget et al., 2018), afetando características como a massa de grãos (Rocha et al., 2017) e, por conseguinte, a capacidade de expansão (Kamphorst et al., 2019).

Já no ambiente WW, houve a formação de três grupos (Figura 12B). O primeiro grupo incluiu as características matéria seca da parte aérea, altura de planta, rendimento de grãos, comprimento médio da espiga e número de grãos por fileira. O grupo dois, assim como no ambiente WS foi formado apenas pela

característica capacidade de expansão. O grupo três foi formado pelas características massa de cem grãos e teor relativo de clorofila.

O genótipo 880POP se destacou para o primeiro grupo de características, por ter constituído o vértice do polígono. Desse modo, reúne maiores valores de matéria seca, altura de plantas, rendimento de grãos, comprimento médio da espiga e número de grãos por fileira. Já para o grupo dois, assim como em condições WS, o genótipo ISLA formou o vértice do polígono, pois apresentou o maior valor para a característica capacidade de expansão, seguido por UNB2U-C6, que também constituiu um vértice do polígono, embora menos acentuado, em decorrência de sua estimativa de 25,11 g.mL<sup>-1</sup> para CE, considerado o décimo valor médio no ranking das magnitudes de CE no presente trabalho. No grupo três, destacou-se o genótipo BOYA462, com maiores valores de massa de cem grãos e teor relativo de clorofila. Ressalta-se que os dois ambientes apresentaram consonância no agrupamento dos genótipos para massa de cem grãos e capacidade de expansão, apresentados pelos genótipos BOYA462 e ISLA, respectivamente.

Fato interessante, já destacado por Miranda et al. (2007), é que é mais provável obter-se aumento na produtividade de grãos em materiais brasileiros, a partir do uso de variedades locais, tendo sido recomendado o uso de germoplasma tropical para esse fim; por outro lado, ganhos para capacidade de expansão são possíveis a partir do uso de germoplasma de clima temperado. Não por acaso, no presente trabalho, maior destaque para CE ocorreu para com o genótipo que possui alelos para adaptação temperada/tropical – no caso ISLA, em ambos os ambientes WS e WW –, ao passo que a maior expectativa de ganhos para rendimento de grãos recaiu para genótipos de adaptação unicamente subtropical, no caso, 574POP e 880POP, em WS e WW, respectivamente. Assim, a constituição de composto contendo os genótipos ISLA, 574POP e 880POP parece ser a alternativa mais vantajosa para a extração de linhagens e, conseqüentemente, obtenção de híbridos e, mesmo, para a implementação de seleção recorrente intrapopulacional para as condições brasileiras.

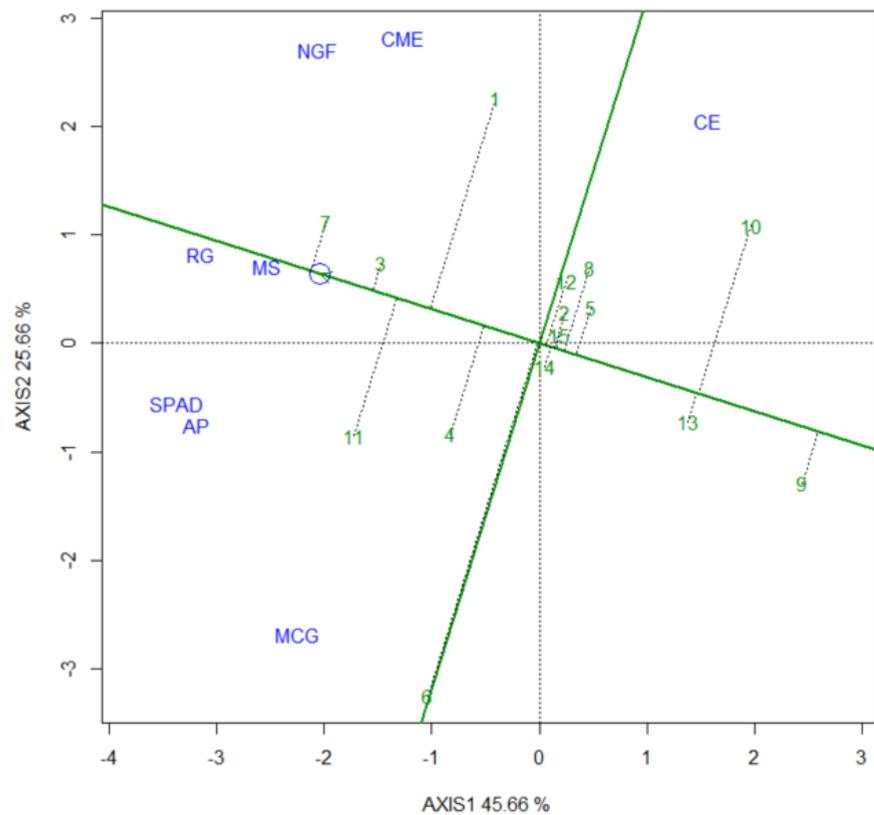
Na análise Biplot *Means x Stability* (Figura 13) o desempenho é definido como o vetor mais longo do componente principal 1 (PC1), representado por aquele com a seta indicando o genótipo ideal, que localiza-se no centro do círculo

concêntrico. Dessa forma, genótipos localizados para a esquerda do centro de origem, são aqueles com desempenho superior à média, enquanto que os localizados à direita, apresentam desempenho inferior. Já a estabilidade, pode ser observada por meio do componente principal 2 (PC2), pois quanto menor a projeção (linha tracejada) de um determinado genótipo, mais próximo ele se torna do centro do Biplot, apresentando maior estabilidade para as características avaliadas. Dessa forma, genótipos ideais, devem possuir elevado valor de PC1 (elevada capacidade de rendimento) e baixo valor de PC2 (alta estabilidade) (Yan e Rajcan, 2002).

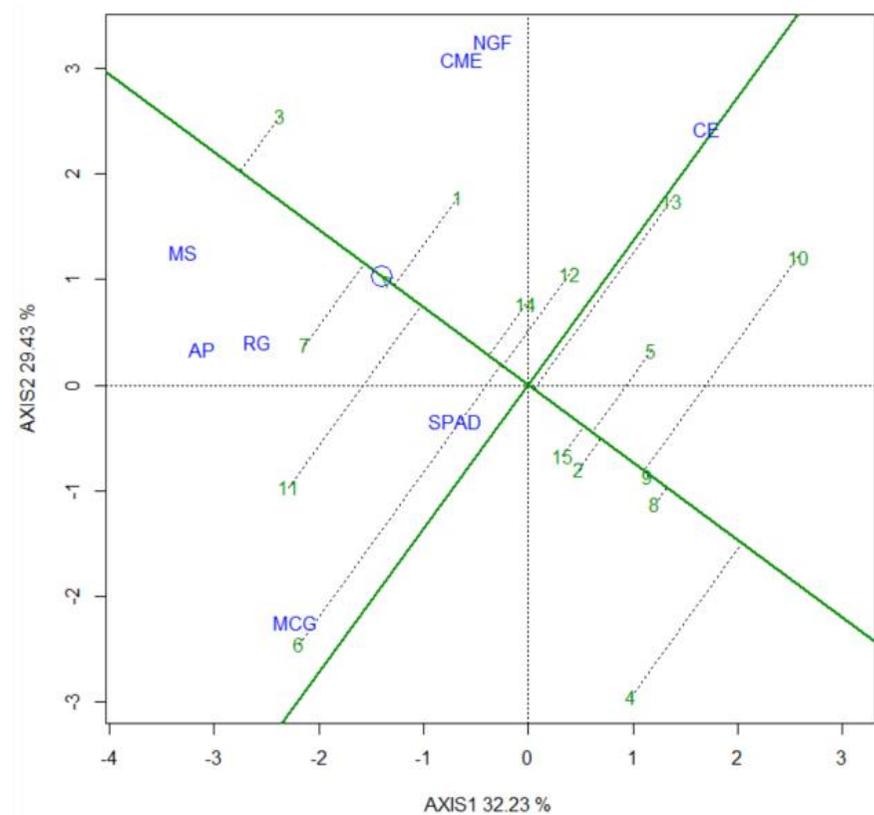
No ambiente WS, os genótipos 288POP, 880POP, ARZM 13050, BOYA462, BOZM260 e PARA172 apresentaram valores acima da média geral para as características estudadas. Em contrapartida, nove genótipos apresentaram valores abaixo da média, sendo: 574POP, BARÃO-UFV, BRS Angela, CHZM13134, ISLA, UNB-2C0, UNB-2C6, UNB-2C8 e URUG298A (Figura 13A). No ambiente WS, apenas o genótipo BOZM260 se apresentou como sendo o ideal, possuindo elevado desempenho frente à média geral das características e maior estabilidade. Entretanto, o genótipo 880POP, mesmo não se destacado como o mais próximo do ideal, evidencia também considerável estabilidade em condição de WS.

Em programas de melhoramento busca-se equilibrar a seleção de genótipos mais estáveis e produtivos (Melo et al., 2018); sendo assim, o genótipo 880APOP seria o ideal em condição WS, uma vez que no cenário de limitação hídrica expressou comportamento mais estável para as características avaliadas, ao passo que mesmo sendo considerado com maior rendimento, o genótipo BOZM260 não expressaria estabilidade em mesmo nível de 880POP.

No ambiente de condições ótimas de irrigação (WW), observou-se que sete genótipos – 288-A POP, 880-A POP, BOYA 462, BOZM 260, PARA 172, UNB2-C0 e UNB2-C8 – apresentaram valores acima da média geral para as características avaliadas. O genótipo 880POP foi considerado aquele de maior valor de média para os caracteres estudados, bem como aquele com maior nível de estabilidade (Figura 13B).



(A)



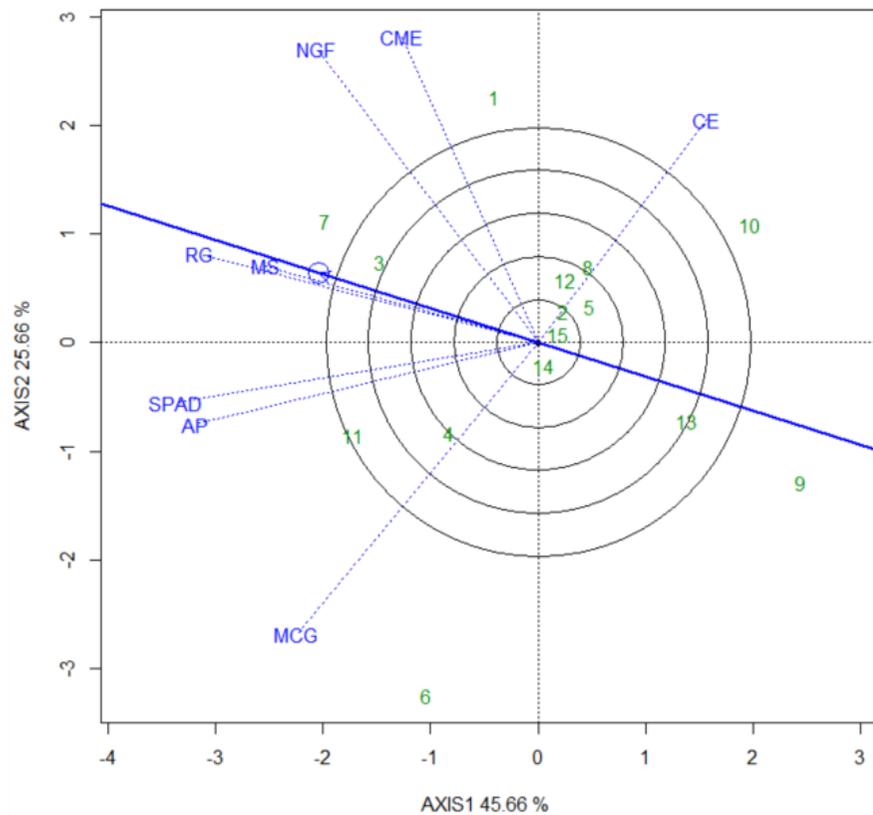
(B)

**Figura 13** - Gráfico Biplot *Means x Stability* em condições de **(A)** estresse hídrico (WS) e **(B)** em condições de plena irrigação (WW). MCG: Massa de 100 grãos; RG: Rendimento de grãos; AP: altura de planta; MS: Matéria seca da parte aérea; NGF: Número de grãos por fileira; CME: Comprimento médio de espiga; CE: Capacidade de expansão; SPAD: Teor relativo de clorofila.

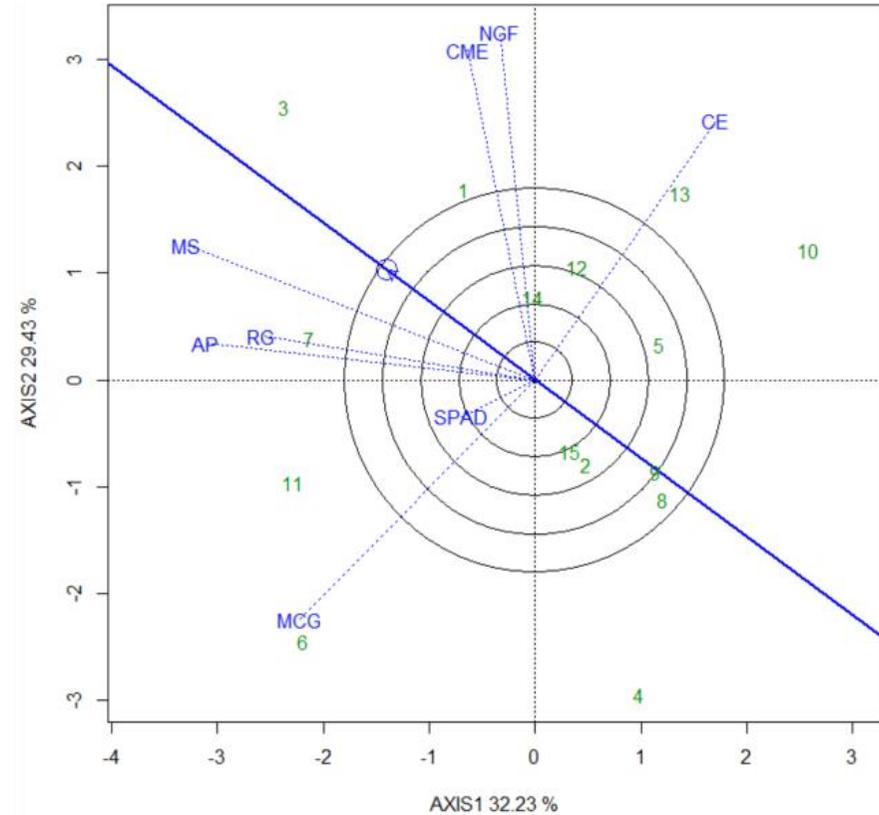
Comparando os dois ambientes, nota-se que o genótipo 880POP mantém boa estabilidade fenotípica em um cenário de déficit hídrico (Figura 13a). O melhoramento de plantas visando à estabilidade fenotípica de caracteres associados à produtividade, tem se tornado uma importante ferramenta no lançamento de cultivares adaptadas às condições adversas (Ali et al., 2017), principalmente, para regiões onde suprimento de água é limitado (Optiz et al., 2016).

De todo modo, para o milho-pipoca, não se deve alijar a capacidade de expansão, que é a principal característica de qualidade dos grãos (Scapim et al., 2002). Neste aspecto, a inclusão de ISLA, 574POP e 880POP para a formação de composto é de fundamental importância, por aquela possuir maior expressão fenotípica para capacidade de expansão. E, ainda que haja uma discriminação de ISLA por seu expressivo nível de instabilidade tanto em WS quanto em WW (Figura 13), isso não traz maiores adversidades, pois a capacidade de expansão – que será a característica de maior proveito em ISLA – é governada por oligogenes (Larish e Brewbacker, 1999) não sendo tão afetada por mudanças ambientais, quanto características relacionadas à produção de grãos. Todavia, há que se prospectar isso com certa acuidade, posto que Kamphorst et al. (2019) identificaram perda média de 29,19 % para capacidade de expansão entre ambiente WW para WS, em linhagens de milho-pipoca, embora no presente trabalho aqui desenvolvido, essa redução tenha sido menos proeminente, de percentual de 19 %.

Na análise *Discriminant x Representative* do Biplot (Figura 14), as habilidades discriminatórias e de representatividade das características são informações importantes para um programa de melhoramento. A habilidade de uma característica em discriminar um genótipo é destacada pelo tamanho do vetor (linha tracejada). Quanto mais longo for o vetor, mais discriminante é a característica (Yan et al., 2007).



(A)



(B)

**Figura 14**—Gráfico Biplot *Discriminant x Representative* em condições de (A) estresse hídrico (WS) e (B) de irrigação plena (WW). MCG: Massa de 100 grãos; RG: Rendimento de grãos; AP: altura de planta; MS: Matéria seca da parte aérea; NGF: Número de grãos por fileira; CME: Comprimento médio de espiga; CE: Capacidade de expansão; SPAD: Teor relativo de clorofila.

As variáveis mais representativas são as que formam os menores ângulos com a linha que apresenta o círculo formado com a seta (Yan e Tinker, 2006). Considerando-se que a variável ideal deve ser capaz de discriminar os genótipos e representar as demais características e, dessa forma, apresentar alto PC1 (maior capacidade discriminatória) e baixo PC2 (maior representatividade) (Yan e Tinker, 2006), para o ambiente WS, sobressaíram-se AP, SPAD, RG e MS (Figura 14A), com potencialidade para maiores discriminação e representatividade, favorecendo a seleção de genótipos para um *pool* de características de elevado interesse para o melhoramento visando à adaptação de germoplasma ao déficit hídrico. O caractere RG é altamente influenciado pela produção de matéria seca pela planta (Jiang et al., 2018) e, com base nesses resultados, a elevada discriminância dessas características indica que selecionar genótipos para a condição de seca com base em MS resultará em ganhos na produtividade de grãos.

A característica SPAD é indicativa de boa funcionalidade dos tecidos foliares vegetais (Castro et al., 2014), logo, sua discriminação torna-se importante do ponto de vista da seleção de genótipos superiores para a condição de estresse hídrico (Kamphorst et al., 2019). É primordial destacar que SPAD é uma característica de elevado valor para a seleção, por ser um método rápido, barato e não destrutivo, além de permitir a geração de dados antes da colheita, favorecendo, assim também a aceleração do programa de melhoramento.

O caractere CE em WS, não se mostrou representativo, mas possui potencial discriminante. Tal fato indica que a prática de seleção de genótipos com base nessa característica não aponta para ganhos concomitantes em relação às demais; porém, trata-se de um caractere eficiente para discriminar os genótipos estudados nessa condição.

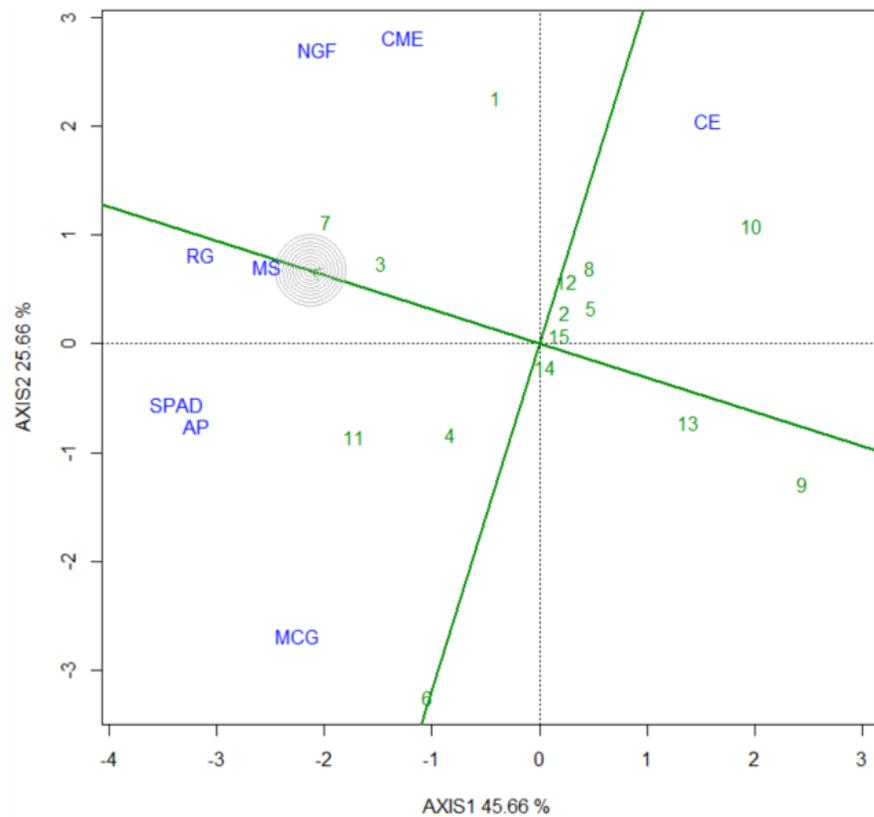
No ambiente WW, as variáveis MS, RG e AP foram as mais discriminantes e representativas, comportando-se de maneira similar ao ambiente WS (Figura 14B). As características MCG, CME e NGF proporcionaram elevadas discriminações, porém são pouco representativas. Por sua vez, SPAD foi pouco discriminante e não representativa (Figura 14B). Essa inexpressiva valoração para SPAD em WW pode estar associada ao fato de que em condições ótimas de irrigação, as plantas tendem a manter valores próximos do teor de clorofila, não sendo possível diferenciá-las com base nessa característica (Figura 14B) e, dessa

forma, a variação existente entre plantas não se torna expressiva. Estudos anteriores afirmam que ambientes hídricos estressantes proporcionam maior expressão da heterogeneidade das populações, quando comparadas às condições normais (Ceccarelli et al., 2007; Arshadi et al., 2018). Exemplo ainda mais clássico, é o trabalho de Brito et al. (2011), que ao avaliarem a tolerância de quatro genótipos de algodão ao estresse hídrico, notaram que em condições de irrigação plena esses genótipos não se diferenciaram quanto à característica SPAD.

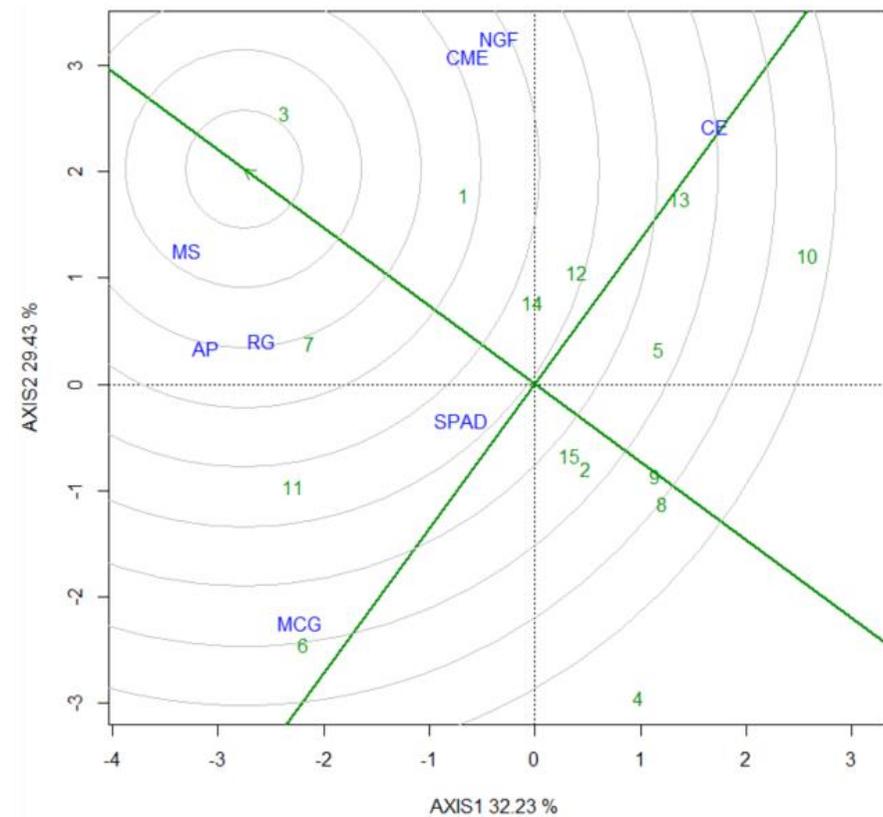
O *Ranking Genotypes* do Biplot (Figura 15) mostra a classificação de genótipos baseados no genótipo ideal, ou ideótipo. Um genótipo ideal é um genótipo hipotético que possui o maior rendimento e estabilidade, que se inclina no gráfico Biplot para a extremidade positiva do eixo e tem a menor distância vertical a partir dele, sendo indicado como aquele mais próximo do círculo concêntrico (Yan, 2001). Nesse estudo, os genótipos que mais se aproximaram do ideótipo foram, nesta ordem, para WS e WW: BOZM260, 880POP e 288POP; e 880POP, BOZM260 e 288POP, respectivamente. Destes, dois haviam já sido indicados para formar composto, a saber: 880POP e 288POP. E, considerando-se os resultados do *Ranking Genotypes*, pode-se inserir o genótipo BOZM260, em decorrência de sua boa performance, sobretudo no ambiente WS.

A seleção baseada em características e criação de ideótipos é estratégia eficaz, uma vez que a análise da variação das características dos genótipos em condições WW e WS bem como sua interação com o ambiente pode apontar características-chave como novos critérios de seleção de genótipos superiores (Lynch et al., 2007; York et al., 2013; Chimungu et al., 2014; Avramova et al., 2016).

Segundo Yan (2001), a análise de *ranking* dos genótipos pode fornecer uma estimativa adequada do rendimento de cada genótipo. Segundo o autor, foi relatado que, ao considerar 33 genótipos diferentes de trigo em oito ambientes, a correlação entre o rendimento real e as estimativas pelo método Biplot foi de 0,98. A eficiência dessa análise já foi confirmada em seleção de genótipos de tomate (Kaya et al., 2006), trigo (Gedif e Yigzaw, 2014), cevada (Sarkar et al., 2014) e, mais recentemente, em feijão-de-vagem (Oliveira et al., 2018a).



(A)



(B)

**Figura 15** - Gráfico Biplot *Ranking Genotypes* em condições de **(A)** estresse hídrico (WS) e **(B)** de irrigação plena (WW). MCG: Massa de 100 grãos; RG: Rendimento de grãos; AP: altura de planta; MS: Matéria seca da parte aérea; NGF: Número de grãos por fileira; CME: Comprimento médio de espiga; CE: Capacidade de expansão; SPAD: Teor relativo de clorofila.

## 6. CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre as 15 variedades de polinização aberta avaliadas para os caracteres agronômicos, morfofisiológicos e radiculares nos ambientes com déficit hídrico (WS) e com oferta de água (WW), revelando diversidade na coleção de germoplasma da UENF, de interesse para a obtenção de genótipos superiores para tolerância à seca e, ou eficiência no uso da água.

Uma opção que surge para seleção de CE em WW e WS seria via comprimento de espiga – CME – e para RG, uma opção seria via número de grãos por fileira – NGF – ou via massa de cem grãos – MCG– sendo esta última facilitada pela seleção indireta via SPAD.

Em WS o genótipo BOZM 260 apresentou maior média geral para as características estudadas, porém o genótipo 880POP foi o mais estável. Em contrapartida, em WW o genótipo 880POP foi o que apresentou a maior média e maior estabilidade.

As características mais representativas e discriminantes nos dois ambientes foram RG e MS, enquanto SPAD somente para o ambiente WS, o que aponta para o sucesso de seleção de genótipos superiores para condições de seca com base nessa característica, não destrutiva e de fácil mensuração.

A análise do ideótipo indica o genótipo 880POP como sendo superior para a condição de limitação hídrica tanto para RG quanto para CE, tornando-se promissor para o avanço do programa de melhoramento de milho-pipoca.

Sugere-se a formação de composto constituído por 574POP, 880POP, BOZM260 e ISLA, para a extração de linhagens e obtenção de híbridos e, ou implantação de programa de seleção recorrente intrapopulacional.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abadassi, J. (2016) Correlations among grain yield and its components in maize populations. *Int. J. Adv. Res. Biol. Sci.* 3(6): 142-146.
- Abdelaal, A.A., Hafez, Y.M., EL-Sabagh, A., Saneoka, H. (2017) Ameliorative effects of abscisic acid and yeast on morphophysiological and yield characters of maize (*Zea mays* L.) plants under water deficit conditions. *Fresenius Environmental Bulletin*, 26:7372-7383.
- Abreu, V.M., Von Pinho, E.V.R., Carvalho, M.R., Naves, G.M.F., Von Pinho, R.G., Santos, H.O. (2017) Indirect selection for drought tolerance in maize through agronomic and seeds traits. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 16(2): 287-296.
- Aci, M.M., Lupini, A., Mauceri, A., Morsli, A., Khelif, L., Sunseri, F. (2018) Genetic variation and structure of maize populations from Saoura and Gourara oasis in Algerian Sahara. *BMC Genet.*, 19(51).
- Agência Nacional de Águas (2017) *Atlas irrigação: uso da água na agricultura irrigada*. Agência Nacional de Águas: Brasília, Brasil, 2017, 86 p.
- Aguiar, C.G., Schuster, I., Amaral Júnior, A.T., Scapim, C.A., Vieira, E.S.N. (2008) Heterotic groups in tropical maize germplasm by test crosses and simple sequence repeat markers. *Genet. Mol. Res.* 7 (4): 1233-1244.
- Ali, F., Ahsan, M., Ali, Q., Kanwal, N. (2017) Phenotypic stability of *Zea mays* grain yield and its attributing traits under drought stress. *Front. Plant. Sci.*, 8:1397pp.

- Ali, F., Kanwal, N., Ahsan, M., Ali, Q., Bibi, I., Niazi, N.K. (2015) Multivariate analysis of grain yield and its attributing traits in different maize hybrids grown under heat and drought stress. *Scientifica*, 2015:1-6. DOI:
- Ali, Q., Ahsan, M., Hussain, B., Elahi, M., Khan, N.H., Ali, F., Elahi, F., Shahbaz, M., Ejaz, M., Naees, M. (2011) Genetic evaluation of maize (*Zea mays* L.) accessions under drought stress. *Int. Res. J. Microbiol.*, 2(11): 437-441.
- Almeida, G.D., Makumbi, C. Magorokosho, S. Nair, Borém, A. (2013) QTL mapping in three tropical maize populations reveals a set of constitutive and adaptive genomic regions for drought tolerance. *Theoret. Applied Genet.*, 126: 583-600.
- Almeida, G.D.; Nair, S.; Borém, A.; Cairns, J.; Trachsel, S.; Ribaut, J.-M.; Bänziger, M.; Prasanna, B.M.; Crossa, J.; Babu, R. (2014) Molecular mapping across three populations reveals a QTL hotspot region on chromosome 3 for secondary traits associated with drought tolerance in tropical maize. *Mol. Breed.*, 34:701–715
- Amaral Júnior, A.T., Dos Santos, A., Gerhardt, I.F.S., Kurosawa, R.N.F., Moreira, N.F., Pereira, M.G., Gravina, G., Silva, F. (2016) Proposal of a super trait for the optimum selection of popcorn progenies based on path analysis. *Genet. Mol. Res.*, 15.
- Arshadi, A., Karami, E., Sartip, A., Zare, M., Rezabakhsh, P. (2018) Genotypes performance in relation to drought tolerance in barley using multi-environment trials. *Agronomy Research*, 16(1): 5-21, <https://doi.org/10.15159/AR.18.004>
- Avramova, V., AbdElgawad, H., Zhang, Z.F., Fotschki, B., Casadevall, R., Vergauwen, L., Knapen, D., Taleisnik, E., Guisez, Y., Asard, H., Beemster, G.T.S. (2015) Drought induces distinct growth response, protection, and recovery mechanisms in the maize leaf growth zone. *Plant Physiol*, 169: 1382–1396.
- Avramova, V., Nagel, K.A., AbdElgawad, H., Bustos, D., DuPlessis, M., Fiorani, F., Beemster, G.T.S. (2016) Screening for drought tolerance of maize hybrids by multi-scale analysis of root and shoot traits at the seedling stage. *Journal of Experimental Botany*, 67: 2453-2466.
- Bänziger, M, Araus, J.L. (2007) Recent advances in breeding maize for drought and salinity stress tolerance. In: Jenks MA, Hasegawa PM, Mohan S (Eds). *Advances in Molecular Breeding toward Drought and Salt Tolerant Crops*. Dordrecht, The Netherlands: Springer, 587-601.
- Barutçular, C., Yildirim, M., Koc, M., Akinci, C., Toptac, I., Albayrak, O., Tanrikulu,

- A., El Sabagh, A. (2016c) Evaluation of SPAD chlorophyll in spring wheat genotypes under different environments. *Fresenius Environmental Bulletin*, 25: 1258–1266.
- Barutçular, C., Yildirim, M., Koç, M., Akıncı, C., Tanrikulu, A., EL Sabagh, A., Saneoka, H., Ueda, A., Islam, M.S., Toptas, I., Albayrak, O., Tanrikulu, A. (2016a) Quality traits performance of bread wheat genotypes under drought and heat stress conditions. *Fresenius Environmental Bulletin*, 25: 1-7.
- Barutcular, C., Dizlek, H., EL-Sabagh, A., Sahin, T., EL-Sabagh, M., Islam, M. S. (2016b) Nutritional quality of maize in response to drought stress during grain-filling stages in mediterranean climate condition. *Journal of Experimental Biology and Agricultural Sciences*, 4(6):644-652.
- Bechoux, N., Bernier, G., Lejeune, P. (2000) Environmental effects on the early stages of tassel morphogenesis in maize (*Zea mays* L.). *Plant Cell Environ.* 23: 91–98.
- Bolaños, J., Edmeades, G.O. (1993) Eight cycles of selection for drought tolerance in tropical maize: Responses in grain yield, biomass, and radiation utilization. *Field Crops Res.* 31:233–252.
- Brasil (2018). Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Registro Nacional de Cultivares. Disponível em <[http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares\\_registradas.php](http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php)> acesso em: 20/07/2018.
- Britto, G.G., Sofiatti, V., Lima, M.M.A., Carvalho, L.P., Silva Filho, J.L. (2011) Physiological traits for drought phenotyping in cotton. *Acta Scientiarum Agronomy*, Maringá, 33: 117-125.
- Brown, L.K., George, T.S., Dupuy, L.X., White, P.J. (2012) A conceptual model of root hair ideotypes for future agricultural environments: what combination of traits should be targeted to cope with limited P availability? *Annals of Botany*, 112(2): 317–330,
- Cabral, P.D.S., do Amaral Júnior, A.T., de Freitas, I.L., Ribeiro, R.M., da Silva, T.R. (2016) Cause and effect of quantitative characteristics on grain expansion capacity in popcorn. *Rev. Cienc. Agron*, 47: 108–117.
- Cairns, J.E., Sanchez, C., Vargas, M., Ordoñez, R., Araus, J.L. (2012) Dissecting Maize Productivity: Ideotypes Associated with Grain Yield under Drought Stress and Well-watered Conditions. *Journal of Integrative Plant Biology*, 54: 1007-1020.

- Cargnelutti Filho, A., Ribeiro, N.D., Reis, R.C.P., Souza, J.R., Jost, E. (2008). Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. *Ciência Rural*, 38(8): 2138-2145
- Castro, F.A., Campostrini, E., Netto, A.T., Gomes, M.M.A., Ferraz, T.M., Glenn, D.M. (2014) Portable chlorophyll meter (PCM-502) values are related to total chlorophyll concentration and photosynthetic capacity in papaya (*Carica papaya* L.). *Theor. Exp. Plant Physiol.*, 26: 201-210.
- Caverzan, A., Casassola, A., Brammer, S. P. (2016) Antioxidant responses of wheat plants under stress. *Genetics and Molecular Biology*, 39(1): 1-6.
- Ceccarelli, S., Grando, S., Baum, M. (2007) Participatory plant breeding in water-limited environments. *Experimental Agriculture*, 43: 4-11.
- Challinor, A.J.; Koehler, A.-K.; Ramirez-Villegas, J.; Whitfield, S.; Das, B. (2016) Current warming will reduce yields unless maize breeding and seed systems adapt immediately. *Nat. Clim. Chang.*, 6: 954–958.
- Chimungu, J.G., Brown, K., Lynch, J. (2014) Large root cortical cell size improves drought tolerance in maize (*Zea mays* L.), *Plant Physiology*, 166(4):2166-2178.
- Costa, E.F.N., Santos, M.F., Moro, G.V., Alves, G.F., de Souza Júnior, C.L. Herança da senescência retardada em milho. *Pesqui. Agropecu. Bras.*, 43: 207–213
- Cruz, C.D. (2003) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35: 271-276.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., Regazzi, A.J. (2014) *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético*. UFV, Viçosa, 2012, 668p.
- Dalal, M.; Sharma, T.R. (2017) Biotechnological Applications for Improvement of Drought Tolerance. In: *Abiotic Stress Management for Resilient Agriculture*; Springer: Singapore, 299–312
- Dao, A., Sanou, J., Traoré, E.V.S., Gracen, V., Danqua, E. Y. (2017) Selection of drought tolerant maize hybrids using path coefficient analysis and selection index. *Pak. J. Biol. Sci.*, 20:132-139.
- Daryanto, S., Wang, L., Jacinthe, P.A. (2016) Global synthesis of drought effects on maize and wheat production. *PLoS ONE*, 11(5): xx-xx

- da Silva CA, Schmildt ER, Schmildt O, Alexandre RS, Cattaneo LF, Ferreira JP, Nascimento AL (2016) Correlações fenotípicas e análise de trilha em caracteres morfoagronômicos de mamoeiro *Revista Agroambiente* 10:217-227.
- DeJonge, K.C., Taghvaeian, S., Trout, T.J., Comas, L.H. (2015) Comparison of canopy temperature based water stress indices for maize. *Agricultural Water Management*, 156: 51–62.
- Dias, K.O.G., Gezan, S.A., Guimarães, C.T., Nazarian, A., Silva, L. da C., Parentoni, S. N., Guimarães, P.E. de O., Anoni, C. O., Pádua, J.M.V., Pinto, M.O., Noda, J.W., Ribeiro, C.A.G., Magalhães, J.V., Garcia. A.A.F., Souza, J.C., Guimarães, L.J.M., Pastina, M.M. (2018) Improving accuracies of genomic predictions for drought tolerance in maize by joint modeling of additive and dominance effects in multi-environment trials *Heredity*, 121, 24-37.
- Ding, L., Lu, Z., Gao, L., Guo, S., Shen, Q. (2018) Is Nitrogen a Key Determinant of Water Transport and Photosynthesis in Higher Plants Upon Drought Stress? *Front. PlantSci*, 9: 1143.
- Durães, F. O. M., Santos, M. X., Gama, E. E. G., Magalhães, P. C., Albuquerque, P. E. P., Guimarães, C. T. (2004) Fenotipagem associada à tolerância a seca em milho para uso em melhoramento, estudos genômicos e seleção assistida por marcadores. *Circular Técnica*, n. 39, Sete Lagoas: Embrapa, 17p.
- Durães, F.O.M., Santos, M.X. dos., Gama, E.E.G., Magalhães, P.C., Albuquerque, P.E.P., Guimarães, C.T., *Fenotipagem Associada a Tolerância à Seca em Milho para Uso em Melhoramento, Estudos Genômicos e Seleção Assistida por Marcadores*. EmbrapaMilho e Sorgo: SeteLagoas, Brasil, 17p.
- El-Sabagh, A., Barutçular, C., Islam, M.S. (2017) Relationships between stomatal conductance and yield under deficit irrigation in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Experimental Biology and Agricultural Sciences* 5:15-21.
- El-Sabagh, A., Hossain, A. K., Barutçular, C., Khaled, A. A., Fahad, S. Anjorin, F. B., Islam, M. S., Ratnasekera, D., Kizilgeçi, F., Yadav, G. S., Yildirim, M., Konuskan, O., Saneoka, F. (2018) Sustainable maize (*Zea mays* L.) production under drought stress by understanding its adverse effect, survival mechanism and drought tolerance indices. *Journal of Experimental Biology and Agricultural Sciences*, 6(2):282–295.
- Epskamp S (2015) semPlot: Unified visualizations of structural equation models. *Structural Equation Modeling: a multidisciplinary journal*, 22:474-483.

- Franco, J., Crossa, J., Ribaut, J.M., Betran, J., Warburton, M.L., Khairallah, M. (2001) A method for combining molecular markers and phenotypic attributes for classifying plant genotypes. *TheorAppl Genet.*, 103:944–952.
- Gabriel, K.R. (1971) The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, 58(3): 453-467.
- Galinat, W.C (1979) *Ciba-Geigy Agrochemicals: Maize*. Basle, Switzerland: CibaGergy Agrochemicals, 105p.
- Galvão, J.C.C., Sawazaki, E., Miranda, G.V. (2000) Comportamento de híbridos de milho pipoca em Coimbra, Minas Gerais. *Revista Ceres*, Viçosa, 47 (270): 201–218.
- Gao, Y., Lynch, J.P. (2016) Reduced crown root number improves water acquisition under water deficit stress in maize (*Zea mays* L.). *Journal of Experimental Botany*, 67(15): 4545–4557. DOI: <https://www.doi.org/10.1093/jxb/erw243>.
- Garcia-Tejero, I.F.G., Costa, J.M., Lima, R.S.N.da.,Zauzo, V.H.D., Chaves, M.M.,Patto, M.C. (2015) Thermal imaging to phenotype traditional maize landraces for drought tolerance. *ComunicataScientiae*, 6 (3): 334-343.
- García-Tejero, I.F.G., Hernández-Cotán, A., Apolo, O.E.,Durán-Zuazo, V.H.,Portero, M.A.,Rubio-Casal, A.E. (2016). Infrared thermography to select commercial varieties of maize in relation to drought adaptation. *Quantitative Infra-Red Thermography Journal*, 14(1): 1-14.
- Gedif, M.,Yigzaw, D. (2014) Genotype by Environment Interaction Analysis for Tuber Yield of Potato (*Solanum tuberosum* L.) using a GGE Biplot Method in Amhara Region, Ethiopia. *Agricultural Sciences*, 5: 239-249.
- Genc, L., Inalpulat, M., Kizil, U., Mirik, M., Smith, S.E., Mendes, M. (2013) Determination of water stress with spectral reflectance on sweet corn (*Zea mays* L.) using classification tree (CT) Analysis. *Zemdirbyste Agriculture*, 100: 81-90.
- Golbashy, M., Khavari, S.K., Ebrahimi, M., Choucan, R. (2010). Study of response of corn hybrids to limited irrigation. 11th Iranian Crop Science Congress Tehran, 24-26 July 2010. University of ShahidBeheshti Persian. 218p.

- Goodman, M.M., Smith, J.S.C. (1987) *Botânica* In: Paterniani, E., Viegas, G. P.(Ed.). *Melhoramento e produção de milho*. Campinas: FundaçãoCargil, 41-78p.
- Grace, J.B., Anderson, T.M., Olf, H., Scheiner, S.M. (2010) On the specification of structural equation models for ecological systems. *Ecological monographs*, 80(1): 67-87.
- Grace, J.B., Bollen, K.A. (2006) The interface Between theory and data in structural equation models. *U. S. Geological Survey Open-Fire Report*, 1363, 33p.
- Guimarães, L. J. M., Mendes, F. F.,Guimarães, P. E. O., Pacheco, C. A. P. P. et al (2013). Desempenho de Híbridos de Milho sob Estresse de Seca. In: 7º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 2013, Uberlândia, MG.
- Hallauer, A.R.,Carena, M.J., Miranda Filho, J.B.(2010) *Quantitative genetics in maize breeding*.3 ed. Springer: Berlin, 2010, 500p.
- Hochholdinger, F., Woll, K., Sauer, M., Dembinsky, D. (2004) Genetic dissection of root formation in maize (*Zea mays*) reveals root-type specificdevelopmental programmes. *Annals of Botany*, 93, 359–368
- Hoyle, R. H. (2012) *Handbook of Structural Equation Modeling*. The Guilford Press.
- Hunter, R.B.,Daynard,P.B.,Hume, D.J., Tanner,J.W., Curtis, J.D.,Kannenburg, L.W. (1989) Effect of tassel removal on grain yield of corn (*Zea mays*). *Crop Sci*. 9:405–406.
- Iacobucci, D. (2009) Structural equation modeling: Fit indices, sample size, and advanced topics. *Journal of Consumer Psychology*,20: 90-98.
- Ignjatovic-Micic, D., Ristic, D., Babic, V., Andjelkovic, V., Vancetovic, J. (2015) A simpleSSR analysis for genetic diversity estimation of maize landraces.*Genetika*;47:53–62.
- IPCC.Summary for Policymakers. In: *Climate Change 2013: The Physical Science Basis*. Contribution of Working Group I to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change [Stocker,T.F., D. Qin, G.-K. Plattner, M. Tignor, S. K. Allen, J. Boschung, A. Nauels, Y. Xia, V. Bex and P.M. Midgley (eds.)]. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom and New York, NY, USA.

- İştipliler, D., Aykut Tonk, F., Tatar, O., Tosun, M. (2016). Determination of drought sensitivity of maize inbred lines via monitoring canopy temperature and leaf water status, *Lucrări Științifice*, 59(2):109-112.
- Jiang, P., Cai, F., Zhao, Z.-Q., Meng, Y., Gao, L.-Y., Zhao, T.H. Physiological and Dry Matter Characteristics of Spring Maize in Northeast China under Drought Stress. *Water*, 10(11): 1561.
- Kamphorst, S.H., de Lima, V.J., Amaral Júnior, A.T. do., Schmitt, K.F.M., Leite, J.T., Carvalho, C.M., Silva, R.R.M., Xavier, K.B., Ferreira, F.R.A., Santos, P.H.A.D., Campostrini, E. (2018a) Popcorn breeding for water-stress tolerance or for agronomic water-use efficiency? *Genet. Mol. Res.*, 17(4).
- Kamphorst, S.H., de Lima, V.J., Schmitt, K.F.M., Leite, J.T., Azeredo, V.C., Pena, G.F., Santos, P.H.D., Santos Júnior, D.R., Silva Júnior, S.B. da., Bispo, R.B., Santos, T.O., Khan, S., Amaral Júnior, A.T. (2018b) Water stress adaptation of popcorn roots and association with agronomic traits. *Genet. Mol. Res.*, 17(3).
- Karasu, A., Kucu, H., Öz, M., Bayram, G. (2015) The effect of different irrigation water levels on grain yield, yield components and some quality parameters of silage maize (*Zea mays* L.) in Marmara Region of Turkey. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 43:138-145.
- Kaya, M., Akçura, M., Taner, S. (2006) GGE-biplot analysis of multi-environment yield trials in bread wheat. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 30: 325-337.
- Klefens, P.C.O. (2010) O Biplot na análise fatorial multivariada. 2009. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- Khalili, M., Moghaddam, M., Kazemi, A. H., Shakiba, M. R., Kanooni, H., Choukan, R. (2010) Effect of drought stress on different corn genotypes. *Journal of Agricultural Science*, 2: 67-84.
- Khodarahmpour, Z., Hamidi, J. (2012). Study of yield and yield components of corn (*Zea mays* L.) inbred lines to drought stress. *African Journal of Biotechnology*, 11: 3099-3105
- Kline, R. B. (1998) *Principles and practice of structural equation modeling*. New York: The Guilford Press.

- Kondwakwenda, A., Sibiya, J., Zengeni, R., Musvosvi, C., Tesfay, S. (2019) Screening of Provitamin-A Maize Inbred Lines for Drought Tolerance: Beta-Carotene Content and Secondary Traits. *Agronomy*, 9(692).
- Kist, B.B. *Anuário Brasileiro do Milho*. Editora Gazeta Santa Cruz: Santa Cruz, Brasil, 2019, 72pp.
- Larish, L.B., Brewbaker, J.L. (1999) Diallel analyses of temperate and tropical popcorn, *Maydica*, 44: 279-284.
- Laxa, M., Liebthal, M., Telman, W., Chibani, K., Dietz, K. (2019) The Role of the Plant Antioxidant System in Drought Tolerance. *Antioxidants*, 8(4): 94.
- Lee, E.A., Tollenaar, M. (2007) Physiological Basis of Successful Breeding Strategies for Maize Grain Yield, *Crop Science Society of America*, 47(3): 202-215.
- Li, C., Sun, B., Li, Y., Liu, C., Wu, X., Zhang, D., Shi, Y., Song, Y., Buckler, E. S., Zhang, Z., Wang, T., Li, Y. (2016). Numerous genetic loci identified for drought tolerance in the maize nested association mapping populations. *BMC Genomics*, 17(894):2-11.
- Lima, V.J., Amaral Júnior, A.T., Kamphorst, S.H., Bispo, R.B., Leite, J.T., Santos, T.O., Schmitt, K.F.M., Chaves, M.M., Oliveira, U.A., Santos, P.H.A.D., Gonçalves, G.M.B., Khan, S., Guimarães, L.J.M. (2019) Combined Dominance and Additive Gene Effects in Trait Inheritance of Drought-Stressed and Full Irrigated Popcorn. *Agronomy*, 9, 782.
- Linares, E. (1987) *Seleção recorrente recíproca em famílias de meio-irmãos em milho-pipoca (Zea mays L.)*. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 78p.
- Liu, Y., Subhash, C., Yan, J., Song, C., Zhao, J., & Li, J. (2011). Maize leaf temperature responses to drought: Thermal imaging and quantitative trait loci (QTL) mapping. *Environmental and Experimental Botany*, 71(2), 158-165.
- Liu, Y., Subhash, C., Yan, J., Song, C., Zhao, J., Li, J. (2011) Maize leaf temperature responses to drought: Thermal imaging and quantitative trait loci (QTL) mapping. *Environmental and Experimental Botany*, 71: 158-165.
- Lynch, J.P., Wojciechowski T. (2015) Opportunities and challenges in the subsoil: pathways to deeper rooted crops. *Journal of Experimental Botany*, 66:2199–2210.

- Lynch, J. P. (2013) Steep, cheap and deep: an ideotype to optimize water and N acquisition by maize root systems. *Annals of Botany*, 112: 347–357.
- Lynch, J.P., Chimungu, J.G., Brown, K.M. (2014). Root anatomical phenes associated with water acquisition from drying soil: targets for crop improvement. *Journal of Experimental Botany*, 65: 6155–6166.
- Lynch, J.P.(2007). Roots of the second green revolution.*Australian Journal of Botany*, 55: 493–512.
- Lynch, J.P. (2007) Rhizoeconomics: the roots of shoot growth limitations.*Hortscience*, 42: 1107–1109.
- Mageto, E.K.,Makumbi, D.,Njorogw, K.,Nyankanga, R. (2017) Genetic analysis of early-maturing maize (*Zea mays*L.) inbred lines under stress and nonstress conditions. *J Crop Improv*,31: 560-588.
- Mahmood, Z., Malik, S.R., Akhtar, R.,Rafique, T. (2004) Heritability and Genetic Advance Estimates from Maize Genotypes in ShishiLusht a Valley of Krakurm. *Int. J. Agri. Biol*, 4(6): 790-791.
- Martins, E.S.,Davide, L.M.C., Miranda, G.J.,Barizon, J.O., Souza Junior, F. de. A.,Carvalho, R.P. de.,Gonçalves, M.C. (2017) In vitro pollen viability of maize cultivars at different times of collection. *Ciência Rural*, 47:2.
- Melo, P.G.S, Alvares, R.C, Pereira, H.S, Braz, A.J.B.P.(2018)Adaptability and stability of common bean genotypes in family farming systems.Pesq.agropec. bras., 53(2).
- Mickelson, S.M., Stuber, C.S., Senior, L.,Kaeppler, S.M. (2002) Quantitative trait loci controlling leaf and tassel traits in a B73 × Mo17 population of maize. *Crop Sci*. 42:1902–1989.
- Mohammadi, R., Amri, A. (2013) Genotype × environment interaction and genetic improvement for yield and yield stability of rainfed durum wheat in Iran.*Euphytica*, 192(2): 227-249.
- Monneveux, P.; Sanchez, C.; Beck, D.; Edmeades, G.O. (2006) Drought tolerance improvement in tropical maize source populations: evidence of progress. *Crop Science*, 46: 180-191.
- Nadeem, M., Li, J., Yahya, M., Sher, A., Ma, C., Wang, X., Qiu, L. (2019) Research Progress and Perspective on Drought Stress in Legumes: A Review.*Int J MolSci*, 20(10): 2541.

- Oliveira, E.J., Aidar, S.T., MNorgante, C.V., Chaves, A.R.M., Cruz, J.L., Coelho Filho, M.A. (2015) Genetic parameters for drought-tolerance in cassava. *Pesq. agropec. bras.*, 50(3).
- Oliveira, T.R.A. de., Gravina, G. de. A., Oliveira, G.H.F. de., Araújo, K.C., Araújo, L.C. de., Daher, R.F., Vivas, M., Gravina, L.M., Cruz, D.P. da. (2018b) The GT biplot analysis of green bean traits. *Ciênc Rural*, 48(6).
- Opitz, N., Marcon, C., Paschold, A., Malik, W.A., Lithio, A., Brandt, R., Piepho, H.P., Nettleton, D., Hochholdinger, F. (2016) Extensive tissue-specific transcriptomic plasticity in maize primary roots upon water deficit. *J. Exp. Bot.*, 67: 1095–1107.
- Pacheco, C.A.P., Gama, E.E.G. e., Guimarães, P.E. de O., Santos, M.X. dos., Ferreira, A. da S. (1998) Estimativas de parâmetros genéticos nas populações CMS-42 e CMS-43 de Milho-Pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 33:1995–2001.
- Pacheco, C.A.P., dos Santos, M.X., Cruz, C.D., Parentoni, S.N., de Oliveira Guimarães, P.E., Gama, E.E.G.E., de Carvalho, H.W.L., Vieira Júnior, P.A. (2002) Inbreeding depression of 28 maize elite open pollinated varieties. *Genet. Mol. Biol.*, 25: 441–448.
- Paterniani, E., Campos, M. S. (2005) Melhoramento de milho. In: Borém, A. (Ed). *Melhoramento de espécies cultivadas*. 2. ed. Viçosa: UFV, 491-552.
- Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. do. (2001) Estimation of genetic components in popcorn based on the nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1(1): 3-10.
- R Core Team (2017) R: a language and environment for statistical computing.
- Ramalho, M.A.P., Santos, J.P., Zimmermann, M.J.O. (1993) *Genética Quantitativa em Plantas Autógamas*: aplicações no melhoramento de feijoeiro. Goiânia: Editora da UFG, 271p.
- Rangel, R.M., Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., Freitas Júnior, S.P., Candido, L.S. (2011) Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Revista Ciência Agronômica*, 42:473-481.

- Rangel, R.M., Amaral Júnior, A.T., Scapim, C.A., Freitas Júnior, S.P., Pereira, M.G. (2008) Genetic parameters in parents and hybrids of a diallel in popcorn. *Genetics and Molecular Research*, 7(4): 1020-1030.
- Rashwan, E., Mousa, A., EL-Sabagh, A., Barutçular, C. (2016) Yield and quality traits of some flax cultivars as influenced by different irrigation intervals. *Journal of Agricultural Science*, 8:226-240.
- Rocha, M.A.M. da., Vieira, J.M.S.S., Lacerda, C.F. de., Barbosa, F.E.L. (2017) Respostas fisiológicas diárias de espécies lenhosas sob estresse hídrico, em solo com e sem adição de matéria orgânica. *Revista Brasileira de Agricultura Irrigada*, 11(2), 1339 -1347.
- Ruiz, M., Quemada, M., García, R. M., Carrilo, J. M., Benavente, E. (2015). Use of thermographic imaging to screen for drought-tolerant genotypes in *Brachypodium distachyon*. *Crop & Pasture Science*, 67(1):99-108.
- Rosseel Y (2012) lavaan: An R Package for Structural Equation Modeling *Journal of statistical software* 48:1-36.
- Santos, A. dos., Amaral Júnior, A.T. do., Kurosawa, R. do. N.F., Gerhardt, I.F.S., Fritsche Neto, R. (2017) GGE Biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. *Ciência e Agrotecnologia*, 41(1) 22-31.
- Santos, M.X., De Andrade, C.D.L.T., De Oliveira, A.C., Leite, C.E.P., Carvalho, H.W.L., Gama, E.E.G.E., Parentoni, S.N. (2010) Comportamento de híbridos de milho selecionados e não selecionados para ASI sob estresse de água no florescimento e no enchimento de grãos. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 2(2).
- Sarkar, B., Sharma, R., Verma, R., Sarkar, A., Sharma, I. (2014). Identifying superior feed barley genotypes using GGE biplot for diverse environments in India. *Indian J. Genet. Plant Breed*, 74: 26-33.
- Scapim, C.A., Braccini, A.L., Barth Pinto, R., Amaral Junior, A.T., Rodovalho, M.A., Silva, R.M., Moterle, L. (2006) Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho-pipoca. *Ciência Rural*, 36(1): 36-41.
- Scapim, C.A., Pacheco, C.A.P., Tonet, A., Braccini, A.L.E., Pinto, R.J.B. (2002) Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. *Bragantia*, 61(3): 219-230.

- Shiri, M., Choukan, R., Aliyev, R. T. (2010). Drought tolerance evaluation of maize hybrids using biplot method. *Trends Appl. Sci. Res.*, 5(2): 129-137.
- Teixeira, F.F., Gomide, R. L., Albuquerque, P.E.P.D., Andrade, C.L.T.D., Leite, C.E.P., Parentoni, S.N., Cardoso, M.J. (2010). Evaluation of maize core collection for drought tolerance. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 10(4), 312-320.
- Trachsel, S., Kaeppler, S. M., Brown, K. M., Lynch, J. P. (2011). Shovelomics: high throughput phenotyping of maize (*Zea mays* L.) root architecture in the field. *Plant and Soil*, 341(1-2), 75-87.
- Vaughan, M.M., Christensen, S., Schmelz, E.A., Huffaker, A., Mcauslane, H.J., Alborn, H.T., Teal, P.E. (2015) Accumulation of terpenoid phytoalexins in maize roots is associated with drought tolerance. *Plant, cell & environment*, 38(11): 2195-2207.
- Vicente, R., Vergara-Díaz, O., Medina, S., Chairi, F., Kefauver, S.C., Bort, J., Serret, M.D., Aparicio, N., Araus, J.L (2018) Durum wheat ears perform better than the flag leaves under water stress: gene expression and physiological evidence. *Environmental and Experimental Botany*, 153: 278-285.
- Vittorazi, C., Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., Candido, L.S., Silva, T.R.C. (2013) Seleção de pré-cultivares de milho-pipoca baseado em índices não paramétricos. *Revista Ciência Agronômica*, 44(2): 356-362.
- Weatherwax, P. (1922). The popping of corn. *Proceedings of the Indiana Academy Science*, 31:149-153.
- Wickham, H. *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*, 1st ed., Springer: New York, USA, 2009.
- Xavier, K.B., Kamphorst, S.H., Carvalho, C.M., Silva, R.M.R., Silva Júnior, S.B., de Lima, V.J. (2019) Comércio de milho-pipoca no Norte Fluminense e características apreciadas no produto. *Revista de Extensão UENF*, 3(1): 22-35.
- Yan, W. (2001) GGEbiplot a Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agronomy Journal*, 93:1111-1118.
- Yan, W., Frégeau-Reid, J. (2018) Genotype by Yield\*Trait (GYT) Biplot: a Novel Approach for Genotype Selection based on Multiple Traits. *Sci Rep* 8: 8242.

- Yan, W., Kang, M.S., Ma, B., Woods, S., Cornelius, P.L. (2007) GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Sci*, 47: 643–653.
- Yan, W., Rajcan, I. (2001) Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.*, 42: 11–20.
- Yan W., Tinker N.A. (2006) Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. *Can. J. Plant Sci.*, 86: 623–645.
- Yang, R.C., Crossa, J., Cornelius, P.L., Burgueño, J. (2009) Biplot Analysis of Genotype  $\times$  Environment Interaction: Proceed with Caution. *Crop Science*, 49(5): 1564-1576.
- Yihunie, T.A., Gesesse, C.A. (2018) GGE Biplot Analysis of genotype by environment interaction in field pea (*Pisum sativum* L.) genotypes in Northwestern Ethiopia. *Journal Crop Science and Biotechnology*, 21: 67-74.
- Yokomizo, G.K., Vello, N.A. (2000) Coeficiente de determinação genotípica e de diversidade genética em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, 35(11): 2223-2228.
- York, L.M., Nord, E.A., Lynch, J.P. (2013) Integration of root phenes for soil resource acquisition. *Front. Plant Sci.*, 4: 355.
- Yu, P., White, P.J., Hochholdinger, F., Li, C. (2014) Phenotypic plasticity of the maize root system in response to heterogeneous nitrogen availability. *Planta*, 240, 667–678
- Zaefyzadeh, M., Quliyev, R.A., Babayeva, S.M., Abbasov, M.A. (2009) The Effect of the Interaction between Genotypes and Drought Stress on the Superoxide Dismutase and Chlorophyll Content in Durum Wheat Landraces. *Turk J Biol*, 33: 1-7.
- Zaidi, P.H., Srinivasan, G., Cordova, H.S., Sanchez, C. (2004) Gains from improvement for mid-season drought tolerance in tropical maize (*Zea mays* L.) *Field Crops Research*, 89(1): 135-152.
- Zhao, C. X., He, M. R., Wang, Z. L., Wang, Y. F., Lin, Q. (2009) Effects of different water availability at post-anthesis stage on grain nutrition and quality in strong-gluten winter wheat. *Comptes Rendus Biologies*, 332: 759-764.
- Zia, S., Romano, G., Spreer, W., Sanchez, C., Cairns, J., Araus, J.L., Muller, L. (2013) Infrared Thermal Imaging as a Rapid Tool for Identifying Water-

StreesTolerant Maize Genotypes of Different Phenology. *J Agro Crop Sci.*, 199: 71-84.

Ziegler, K.E, Ashman, B. (1994) Popcorn. In: Hallauer, A (ed) *Specialty corns*. Iowa: CRC Press, 7: 189-223.

Zinsly, J.R., Machado, J. A. (1987) Milho pipoca. In: Paterniani, E.,Viegas, G.P. eds. *Melhoramento e produção do milho*. Campinas, Fundação Cargill, 413 – 421.