



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA E BIODIVERSIDADE**

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO E RESPOSTAS
FISIOLÓGICAS AO DÉFICIT HÍDRICO EM REGIÃO
SEMIÁRIDA**

JACILENE FRANCISCA SOUZA SANTOS

2023



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA E BIODIVERSIDADE**

JACILENE FRANCISCA SOUZA SANTOS

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO E RESPOSTAS FISIOLÓGICAS AO
DÉFICIT HÍDRICO EM REGIÃO SEMIÁRIDA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agricultura e Biodiversidade, área de concentração em Agricultura e Biodiversidade, para obtenção do título de “Mestre em Ciências”.

Orientador
Prof. Dr. Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira

**SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE – BRASIL
2023**

**FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECA CENTRAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE**

S237s Santos, Jacilene Francisca Souza
Seleção de genótipos de milho e respostas fisiológicas ao déficit hídrico em região semiárida / Jacilene Francisca Souza Santos. – São Cristóvão, 2023.
53 f. : il.

Dissertação (Mestrado em Agricultura e Biodiversidade) – Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe, 2023.

Orientador: Prof. Dr. Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira

1. Milho - Melhoramento genético. 2. Plantas - Efeito da seca. 3. Análise de variância. I. Oliveira, Gustavo Hugo Ferreira de. II. Seleção de genótipos de milho e respostas fisiológicas ao déficit hídrico em região semiárida.

CDU 633.15

JACILENE FRANCISCA SOUZA SANTOS

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO E RESPOSTAS FISIOLÓGICAS AO DÉFICIT HÍDRICO EM REGIÃO SEMIÁRIDA

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agricultura e Biodiversidade, área de concentração em Agricultura e Biodiversidade, para obtenção do título de “Mestre em Ciências”.

APROVADA em 27 de junho de 2023.

Dr(a). Renata Silva Mann (UFS)

Dr(a). Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani (IAC)



Documento assinado digitalmente
GUSTAVO HUGO FERREIRA DE OLIVEIRA
Data: 27/07/2023 13:52:35-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira
(Orientador)

SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE – BRASIL

“Seja você quem for, seja qual for a posição social que você tenha na vida, a mais alta ou a mais baixa, tenha sempre como meta muita força, muita determinação e sempre faça tudo com muito amor, e com muita fé em Deus, que um dia você chega lá...”
De alguma maneira você chega lá!”

(Ayrton Senna da Silva)

Aos meus pais, Ana Maria e José Francisco (in memoriam) e aos meus irmãos Franciele, Fabiane e David.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por me guiar e iluminar na pesquisa, durante todo o processo de pesquisa, pela sabedoria concedida, momentos de inspiração e desafios superados. Agradeço pelas oportunidades de aprendizado e pelos frutos colhidos. Seu amor, bondade e cuidado foram fundamentais para manter minha fé e motivação, mesmo nas adversidades.

Agradeço especialmente aos meus pais, José Francisco (*in memoriam*) e Ana Maria por seu amor, compreensão e apoio incondicional ao longo dos anos. Sem seu suporte emocional, não teria chegado tão longe. Também agradeço aos meus irmãos, Franciele, Fabiane e David, por seu apoio constante e por me ajudarem a superar obstáculos. Sou grata por tê-los em minha vida, vocês são minha base sólida.

Agradeço também a minha família adotiva, Ivone, Adriel, Bruno e Jean, que me acolheram com muito carinho durante minha trajetória em Nossa Senhora da Glória. Sem vocês, com certeza, minha caminhada seria um pouco mais difícil. Tenho um imenso carinho por todos.

Aos amigos que conquistei durante minha vida acadêmica Larissa, Jessica, Lazara, Tamires, Carlos e Willian. Vocês me acompanharam durante toda essa trajetória, me estimulando a persistir, a acreditar em mim mesma e seguir em frente, mesmo nos momentos de maior desânimo, ao me incentivar e lembrar sempre da importância de manter o equilíbrio saudável entre o trabalho e a vida pessoal. Agradeço também a Karine, Kelly, Luciara, Fernanda, Lorena, David e Racksuell, sei que muitas vezes me afastei e me dediquei intensamente ao trabalho acadêmico, mas vocês sempre permanecem presentes. A confiança que depositaram em mim e a amizade que compartilhamos foram um verdadeiro presente.

Gostaria de expressar minha gratidão ao meu orientador Dr^o Gustavo Hugo, pela paciência, apoio e orientação ao longo deste processo de pesquisa. Seu conhecimento e experiência, foram fundamentais para que eu pudesse chegar até aqui, e sem dúvida alguma, sua contribuição foi crucial para o sucesso deste trabalho.

Agradeço aos professores do Departamento de Engenharia Agrônômica do Sertão, Dr^a Maiana Pimenta e ao Dr^o Marcos Eric, por todo conhecimento e oportunidades de aprendizado que me proporcionaram. E a todos os demais professores do Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade (PPGAGRI) pelas orientações compartilhadas, e competência no que fazem. Muito obrigada!

Em especial, minha gratidão vai para meus colegas do Grupo de Estudos em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS), Barbara, Henrique, Jessica, Kelvin, Rony, Darligton, Nartênia, Emanuel, Mario e Mikaelly. Agradeço também aos membros recém-chegados no grupo, sejam muito bem-vindos e continuem o legado (vocês chegarão muito longe, tendo persistência e dedicação). Aos demais colaboradores Dr^a Tâmara, a mãe das crianças que sempre tem uma palavra firme e de consolo para cada membro do grupo. Ao Dr^o Jairo, tio das crianças (coordenador pedagógico do GEMS), por todo o incentivo e sugestões ou simplesmente com sua presença e encorajamento. Sem vocês o desenvolvimento deste trabalho seria muito difícil, obrigada por terem sido minha base de apoio e por valorizarem a equipe. Cada um já tem um espaço garantido no meu coração.

Ao GENAPLANT em nome da Dr^a Renata e seus orientados que também me adotaram. É como sempre falo, “sou igual gás, é só soltar que me espalho” Muito obrigada por toda ajuda e paciência com minhas análises, além da perseguição dos gorgulhos sertanejos.

Também gostaria de agradecer aos membros internos e externos da comissão de defesa da minha banca de dissertação, pela atenção e cuidado com que leram meu trabalho e pelas valiosas contribuições que fizeram para aprimorar minha pesquisa e colaborar para a produção científica na área.

Por fim, expresso minha gratidão a todas as instituições que contribuíram para a realização deste trabalho, especialmente a Universidade Federal de Sergipe-UFS, a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior-CAPES, Empresa Brasileira

de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Semiárido e ao Instituto Agronômico de Campinas - IAC, pela infraestrutura e recursos disponibilizados.

MUITO OBRIGADA!

BIOGRAFIA

JACILENE FRANCISCA SOUZA SANTOS, filha de José Francisco dos Santos e Ana Maria Souza Santos, nasceu em 17 de março de 1993, em Aracaju, Estado de Sergipe.

Concluiu o ensino fundamental em 2007, na Escola Estadual Professora Ofenisia Freire, em Aracaju- SE e o ensino médio em 2010, na Escola Estadual Garrastazul Medici, em Aracaju-SE.

Em abril de 2013, ingressou-se no curso de Engenharia Agrônômica na Universidade Federal de Sergipe (UFS). Em outubro de 2018, diplomou-se em Bacharel em Engenharia Agrônômica na referida instituição de ensino. Durante a graduação, foi bolsista de Iniciação a Extensão (PIBIX), Iniciação Tecnológica (PIBITI) e Programa de Apoio ao Desenvolvimento da Aprendizagem profissional (PRODAP). Estagiando na Universidade Federal de Sergipe (Laboratório de Microbiologia Agrícola e Fitopatologia) e na Embrapa Tabuleiros Costeiros (Laboratório de Entomologia).

Em novembro de 2021, concluiu a Especialização em Vendas e Seus Processos, na Faculdade Jardins, Aracaju, Estado de Sergipe.

Em agosto de 2021, iniciou o curso de mestrado no Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, na área de concentração em Recursos genéticos voltados para o Melhoramento Vegetal visando estresses bióticos e abióticos na cultura do milho, na Universidade Federal de Sergipe (UFS), sob orientação do Drº Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira, professor do DEAS/PPGAGRI/UFS, submetendo-me a defesa de dissertação no dia 27 de junho de 2023.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	i
LISTA DE ABREVIATURAS, SÍMBOLOS E SIGLAS	ii
RESUMO	iii
ABSTRACT	iv
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	2
2.1. Importância econômica da cultura do milho.....	2
2.2. Deficit Hídrico na cultura do milho.....	3
2.3. Programa de melhoramentos genético na região semiárida.....	3
2.4. Análise dialélica.....	4
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	6
4. ARTIGO 1: ANÁLISE GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS FISIOLÓGICAS ADAPTATIVAS A SECA EM FASE JUVENIL DO MILHO	9
Resumo.....	9
4.1. Introdução	10
4.2. Material e Métodos	11
4.2.1. <i>Obtenção de híbridos intervarietais</i>	11
4.2.2. <i>Local e delineamento estatístico</i>	12
4.2.3. <i>Indução ao déficit hídrico</i>	12
4.3.4. <i>Características avaliadas</i>	12
4.3.5. <i>Análise estatística</i>	13
4.3.6. <i>Análise dialélica</i>	13
4.3. Resultados	13
4.3.1. <i>Análise de variância</i>	13
4.3.2. <i>Avaliação das médias dos parentais e híbridos intervarietais</i>	14
4.3.3. <i>Análise dialélica</i>	16
4.3.4. <i>Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC)</i>	17
4.3.5. <i>Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC)</i>	18
4.4. Discussão	20
4.5. Conclusões	23
4.6. Referências	24
5. ARTIGO 2: POPTOL2 - VARIEDADE DE MILHO TOLERANTE À SECA: ANÁLISE DO POTENCIAL GENÉTICO EM REGIÃO SEMIÁRIDA	27
Resumo.....	27
5.1. Introdução	28
5.2. Material e Métodos	29
5.2.1. <i>Material genético</i>	29
5.2.2. <i>Condução experimental</i>	30
5.2.3. <i>Análises genético- estatística</i>	30
5.2.3.1. <i>Análise de variância</i>	30
5.2.3.2. <i>Análise dialélica</i>	30
5.3. Resultados	31
5.3.1. <i>Análise de variância</i>	31
5.3.2. <i>Avaliação das médias dos parentais e híbridos</i>	31
5.3.3. <i>Análise Dialélica</i>	33
5.3.4. <i>Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC)</i>	34
5.3.5. <i>Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC)</i>	35
5.4. Discussão	36
5.5. Referências	38
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS	40

LISTA DE TABELAS

ARTIGO 1

Tabela	Página
1 Descrição dos genótipos parentais utilizados no cruzamento dialélico completo 10x10, utilizados no experimento em ambiente controlado na safra de 2022.....	11
2 Quadrados médios da análise de variância para as variáveis teor relativo de água (TRA) e extravasamento de eletrólitos (EE), referentes aos genótipos de milho avaliados. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022	14
3 Médias dos genitores (P), híbridos intervarietais (F ₁) e testemunhas (TESTE) de milho, relativas as variáveis teor relativo de água (TRA) e extravasamento de eletrólitos (EE). Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022.....	14
4 Quadrados médios da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) para os caracteres, percentagem do teor relativo de água (TRA) e percentagem do extravasamento de eletrólitos (EE) avaliados em genótipos de do milho em estágio juvenil. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022.....	16
5 Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) de cada parental para os caracteres teor relativo de água (TRA) e extravasamento de eletrólitos (EE). Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022.....	18
6 Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) de cada híbrido intervarietal os caracteres teor relativo de água (TRA) e extravasamento de eletrólitos (EE). Nossa Senhora da Glória, 2022	18

ARTIGO 2

Tabela	Página
1 Características agronômicas dos oito genótipos experimentais e comerciais, utilizados como genitores no cruzamento dialélico completo 8x8, em ambiente sequeiro na safra de 2022.....	29
2 Quadrado médio da análise de variância (ANAVA) referentes aos caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e produtividade (PG) dos genótipos de milho avaliados. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022.....	31
3 Médias dos genitores (P), híbridos intervarietais (F ₁) e testemunhas (TESTE) de milho, relativos as variáveis altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e Produtividade de grãos (PG). Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022.....	31
4 Quadrados médios da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) de cinco características agronômicas avaliadas nos genótipos parentais e híbridos interpopulacionais. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022	33
5 Estimativa das capacidades geral de combinação (CGC) dos genitores de milho para os caracteres avaliados. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022	35
6 Estimativa das capacidades específica de combinação (CEC) dos cruzamentos dos híbridos intervarietais de milho para os caracteres avaliados. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022	35

LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS

TRA	Teor relativo de água
EE	Extravasamento de eletrólitos
AP	Altura da planta
AE	Altura da espiga
FM	Florescimento masculino
FF	Florescimento feminino
PG	Produtividade de grãos
CGC	Capacidade geral de combinação
CEC	Capacidade específica de combinação
POPTOL2	População tolerante 2
ANAVA	Análise de variância
HS	Híbrido simples
HI	Híbrido intervarietal
V	Variedade
P	Genitores
F ₁	Cruzamentos (Filiação F ₁)
TESTE	Testemunhas
CV	Coficiente de variação
DBC	Delineamento em blocos casualizados

RESUMO

SANTOS, Jacilene Francisca Souza. **Seleção de genótipos de milho e respostas fisiológicas ao déficit hídrico em região semiárida.** São Cristóvão: UFS, 2023. 53p. (Dissertação–Mestrado em Agricultura e Biodiversidade).

A tolerância à seca na cultura do milho é uma característica poligênica complexa, havendo diferentes mecanismos adaptativos e respostas variadas das plantas ao estresse hídrico. Assim, os objetivos do trabalho foram determinar a ação fisiológica da tolerância a seca e a capacidade combinatória entre diferentes classes genéticas de milho sob déficit hídrico em fase juvenil e identificar potenciais genitores para a formação de uma população base na região semiárida. Os ensaios foram conduzidos em casa de vegetação e sequeiro, implantados na área experimental da Embrapa Semiárido, localizada em Nossa Senhora da Glória-SE. Para tanto, foram utilizados 60 tratamentos, sendo 45 híbridos, 10 híbridos parentais e 5 híbridos simples adaptados a região, como testemunha. Os dados foram submetidos à análise de variância, e posteriormente análise da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). O delineamento experimental foi em DBC para todos os ensaios, sendo para a casa de vegetação três repetições e três plantas por parcela e para o experimento em sequeiro com duas repetições contendo duas linhas por parcelas. As variáveis analisadas foram: teor relativo de água (TRA), extravasamento de eletrólitos (EE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e produtividade de grãos (PG). Para a fase juvenil, houve efeito significativo de CGC e CEC para as variáveis TRA e EE, indicando que os efeitos gênicos aditivos e não aditivos são importantes no controle da expressão fisiológica das plantas sob condições de déficit hídrico. Além disso, a CEC prevaleceu sobre a CGC, indicando a predominância de genes com efeitos não aditivos. Para o experimento em ambiente de sequeiro, o efeito da CGC foi predominante em relação a CEC revelando a predominância de genes de efeitos aditivos, onde os valores para os quadrados médios da CGC foram significativos para as variáveis altura de planta, altura de espiga, florescimento masculino, florescimento feminino e produtividade de grãos em sequeiro, indicando que os efeitos gênicos aditivos são importantes no controle da expressão do caráter nas plantas. Com base nas características analisadas, observa-se que os genitores P1, P2, P4 e P7 apresentaram superioridade na formação de populações com maior tolerância ao déficit hídrico em fase juvenil, evidenciada pelos valores elevados e positivos de CGC. Para o ambiente de sequeiro, o genitor P2 (POPOTOL2) mostrou-se benéfico, devido à sua variabilidade genética explorável para formar uma população com potencial genético promissor na região semiárida. Assim, comprova-se o sucesso na seleção de novos genótipos tolerantes à seca por meio do melhoramento populacional, identificando-os ainda em estágio juvenil e selecionando-os como uma alternativa viável para estabelecer uma nova população na região semiárida.

Palavras-chave: *Zea mays* L., seca, melhoramento de plantas, dialelo completo, genes aditivos, seleção.

* Comitê Orientador: Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira – UFS (Orientador).

ABSTRACT

SANTOS, Jacilene Francisca Souza. **Physiological response to water deficit in maize in a semiarid region: genetic traceability from the juvenile stage to grain yield.** São Cristóvão: UFS, 2023. 53p. (Master of Science in Agriculture and Biodiversity). *

Drought tolerance in maize cultivation is a multifactorial and intricate trait, involving a multitude of adaptive mechanisms and diverse plant responses to water stress. The study aimed to assess the physiological response to drought tolerance and the combining ability among different genetic classes of maize under water deficit during the juvenile phase under water deficit conditions. Additionally, it aimed to identify prospective parental lines for establishing a foundational breeding population in the semiarid region. The trials were conducted in both greenhouse and rainfed conditions, established within the experimental area of Embrapa Semiarid, located in Nossa Senhora da Glória, SE. To achieve this, a total of 60 treatments were employed, comprising 45 progenies, 10 parental hybrids, and 5 control varieties. The data obtained were subjected to analysis of variance, followed by an assessment of general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA). The experimental design employed in all trials was a randomized complete block design (RCBD). For the greenhouse experiment, there were three replications with three plants per plot, while for the rainfed experiment, there were two replications with two rows per plot. The variables analyzed encompassed relative water content (RWC), electrolyte leakage (EL), plant and ear heights, male and female flowering, grain weight and grain yield. In the juvenile phase, there was a significant effect of GCA and SCA for the variables RWC (relative water content) and EL (electrolyte leakage), indicating the importance of both additive and non-additive genetic effects in regulating the physiological expression of plants under water deficit conditions. Furthermore, the SCA effect was predominant over GCA, highlighting the dominance of non-additive gene effects. In the rainfed experiment, the predominance of GCA over SCA revealed the prevalence of additive gene effects. The mean squares of GCA were significant for all variables, including plant height (PH), ear height (EH), male flowering (FM), female flowering (FF), and grain yield (PG). These results indicate that additive genetic effects are important in controlling the expression of these traits in plants under rainfed conditions. Based on the analyzed traits, it can be observed that parents P1, P2, P4, and P7 showed superiority in forming populations with greater tolerance to water deficit during the juvenile phase. This is evident from their high and positive values of GCA. In the rainfed environment, among the parental lines utilized, P2 POPOTOL2 demonstrates beneficial traits. The analyzed variables indicate that POPOTOL2 exhibits genetic variability that can be harnessed for the formation of a base breeding population with substantial genetic potential, particularly suitable for utilization in the semiarid region. Thus, the successful selection of new drought-tolerant genotypes through population improvement is evident, enabling the identification of drought-tolerant maize genotypes at the juvenile stage. This selection provides an alternative for the development of a new population in the semiarid region.

Keywords: *Zea mays* L., drought, plant breeding, complete diallel, combining capacity, selection.

* Guidance Committee: Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira – UFS

1. INTRODUÇÃO GERAL

A produção mundial de milho (*Zea mays*. L) tem aumentado consistentemente nas últimas décadas, impulsionada graças aos avanços na tecnologia agrícola, como sementes geneticamente modificadas, fertilizantes e maquinários, que tornam eficiente a crescente demanda por alimentos, ração animal e biocombustíveis. Diante disso, a produtividade média do milho tem aumentado gradualmente em todo o mundo.

No que diz respeito ao Brasil, este ocupa o terceiro lugar no ranque mundial de maiores produtores de milho, perdendo apenas para a China e EUA, respectivamente. Entre as regiões produtoras, o Nordeste apresenta o milho como uma das culturas mais importantes, apresentando inúmeras formas de utilização, que vai desde a alimentação animal, na qual é um componente básico, até a indústria de alta tecnologia, com sua contribuição econômica, cultural e social.

No entanto, apesar da sua importância, a produtividade ainda é considerada baixa devido, entre outros motivos, a origem das cultivares plantadas que, em sua maioria, são desenvolvidas em regiões que predominam clima subtropical (região Sul e Sudeste).

A inserção da cultura do milho em outras regiões do país gerou a necessidade de novas técnicas e tecnologias para atender esses ambientes no desenvolvimento da cultura uma vez que, questões relacionadas a condições edafoclimáticas interferem no potencial produtivo da cultura do milho, pois o rendimento de cultivares não adaptadas as intemperes ambientais, pode ser comprometido. Diante disto, faz-se necessário a obtenção de genótipos adaptados a regiões semiáridas, como é o caso do Agreste e alto Sertão Sergipano.

Apesar de existir materiais altamente produtivos no mercado, há a necessidade de obter cultivares tolerantes a limitações climáticas em condições de média e baixa tecnologia para regiões que predominam o clima semiárido. O Sertão, por exemplo, onde está concentrada a maior produção de milho do Nordeste brasileiro, é caracterizado pelo seu clima quente e semiárido, além de constantes instabilidades pluviométricas. Como consequência dessas irregularidades climáticas ocorrem muitas vezes frustrações nas safras.

A demanda crescente por novas variedades tolerantes as condições de estresse, faz com que programas de melhoramento genético, tenham como finalidade contribuir com a obtenção de novos genótipos com características agrônômicas desejáveis, visando elevar a produção no ambiente ao qual será inserido. Para tanto, conhecer as instabilidades climáticas, e os distúrbios fisiológicos e morfológicos ocasionados nas plantas, quando estão sobre situações extremas, permite aprimorar técnicas que tenham por finalidade desenvolver genótipos tolerantes as condições climáticas adversas, além de otimizar o uso de água de forma sustentável.

A implantação de um programa de melhoramento genético de milho no semiárido Sergipano, se dá pela necessidade de obter conhecimento sobre os recursos genéticos da região afim de preservá-los. Além do desenvolvimento de genótipos adaptados a condições severas e resistentes ao déficit hídrico, podendo assim aumentar a segurança alimentar na região e melhorar a vida dos agricultores locais.

O melhoramento de milho para tolerância à seca em regiões semiáridas inclui, entre outras etapas, a seleção de variedades existentes com características desejáveis e o cruzamento entre variedades. O modelo dialélico é uma ferramenta útil para avaliar a capacidade de combinação de diferentes parentais em um programa de melhoramento genético pois permite selecionar os mais promissores para produzir descendentes com desempenho superior em um caráter quantitativo específico. Este modelo é baseado no desempenho genético e fenotípico de um indivíduo e a influência dos diferentes alelos em diferentes loci permitindo estimar os efeitos gênicos de aditivos e não aditivos em um caráter quantitativo e, a partir disso, inferir sobre a capacidade de combinação de diferentes parentais.

A capacidade de combinação é uma medida da habilidade do genótipo em contribuir para a produção de um determinado traço em uma população. Esta pode ser medida por meio do desempenho de um híbrido produzido por cruzamento de duas linhagens ou parentais

contrastantes, sendo uma medida importante na seleção de pais para a produção de híbridos de alta qualidade. Combinando informações sobre a capacidade de combinação com outras técnicas de melhoramento genético, é possível produzir plantas de alta qualidade com características desejáveis.

Portanto, o objetivo do trabalho, foi determinar a resposta fisiológica ao déficit hídrico e potencial agrônomo de genótipos de milho em região semiárida: uma rastreabilidade genética da fase juvenil à produtividade de grãos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Importância econômica da cultura do milho

O milho (*Zea mays*. L) é uma planta que pertence à família Poaceae. Esta espécie é monoica, ou seja, possui inflorescência masculina e feminina na mesma planta, situados em locais diferentes. Além disso, o milho apresenta o fenômeno da protandria, onde as flores masculinas amadurecem antes das femininas. Essas características favorecem a ocorrência da alogamia, ou fecundação cruzada, sendo que cerca de 95% da fecundação do milho é decorrente da polinização entre diferentes plantas (SOUZA JÚNIOR, 2001; PATERNIANI; CAMPOS, 2005). Além disso, por ser uma planta C4, tem maior capacidade de absorver fotoassimilados em condições abióticas e sobre estresse hídrico e apresenta maior eficiência no uso da água, por controlar a abertura e fechamento dos estômatos, perdendo menores quantidades de água (PIMENTEL, 2004; TAIZ *et al.*, 2017; PEIXOTO, 2020).

A cultura do milho é originária do México e América Central. Ao longo dos anos, o cultivo dessa cultura expandiu-se consideravelmente, abrangendo atualmente praticamente todas as regiões do mundo. Essa ampla distribuição é resultado de sua alta adaptabilidade, conquistada através de décadas de melhoramento genético e seleção de materiais. Esses avanços permitiram até mesmo o cultivo em segunda safra, contribuindo para o aumento da produção nacional (FRITSCHÉ-NETO; BORÉM, 2011).

No contexto mundial, o Brasil ocupa a terceira posição entre os maiores produtores de milho, na qual tem produção de 115,6 milhões de toneladas com a área plantada de 21,3 milhões de hectares, precedido apenas para os Estados Unidos e China (CONAB, 2022). Na safra 2022/2023 o Cepea (2023) estimou que o Brasil ocupará uma posição de destaque nas exportações, sendo o segundo maior exportador mundial de milho, atrás apenas dos Estados Unidos, segundo estimativas do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA). Para o Nordeste brasileiro estima-se uma área plantada de 3,3 milhões de hectares e a produção poderá atingir 11.438,5 de toneladas (CONAB, 2022).

No entanto, a produtividade de milho estimada em Sergipe para a safra 2022/2023 é de 949,1 toneladas em uma área plantada de 182,2 mil hectares, de acordo com a CONAB (2022). Essa produtividade é observada em regiões semiáridas e pode ser desenvolvida em diversas condições ambientais e sob diferentes formas de cultivo. Desde práticas mais simples, como a agricultura familiar, até sistemas mais avançados, que utilizam tecnologias de ponta, é possível

O estado de Sergipe com o passar dos anos, vem obtendo expansão significativa no desenvolvimento do milho nas regiões do Agreste e Sertão. Esse crescimento é proveniente do incremento de tecnologias com a adoção de diferentes práticas de manejo e cultivares com desempenho potencial para a região, as quais minimizam a queda na produtividade (BARROS *et al.*, 2015; Contini *et al.* (2019). No entanto, apesar do aumento, a produtividade ainda é considerada baixa devido a essa escassez de água na região semiárida. Desta forma, pesquisas vêm sendo feitas para desenvolver cultivares de milho adaptadas a essas regiões (CARVALHO *et al.*, 2020; SILVEIRA *et al.*, 2021).

2.2 Deficit Hídrico na cultura do milho

O déficit hídrico é um fator comum que limita o desenvolvimento de várias culturas em todo o mundo. A deficiência hídrica provoca alterações no comportamento vegetal, cuja irreversibilidade vai depender do genótipo, da duração, da severidade e do estágio de desenvolvimento da planta. Bergamaschi *et al.* (2006) relataram que o déficit hídrico tem impacto direto no rendimento de grãos, reduzindo diretamente o florescimento.

O milho é umas das culturas que define seu potencial produtivo nos primeiros estádios do seu ciclo de desenvolvimento, ou seja, na fase vegetativa, e a ocorrência de estresse nessa fase, pode causar perdas irreversíveis para a planta, afetando diretamente em sua produtividade. À medida que o déficit hídrico aumenta, ocasiona uma queda no rendimento da produção.

Além disso, os aspectos vegetativos e reprodutivos da planta de milho podem ser modificados através da interação com os fatores ambientais que afetam o ciclo de desenvolvimento das plantas. O déficit hídrico afeta diretamente o desenvolvimento das plantas de milho, induzindo à redução no fluxo de assimilados, causando acentuada diminuição no crescimento das raízes e no número de grãos por espiga, e ocorre mudanças no desenvolvimento das plantas quando encontram acesso restrito a água (PEIXOTO, 2020).

Os desafios encontrados para a produção da cultura, podem ser minimizados com a adoção de práticas de manejo, porém ainda há queda em seu potencial produtivo quando exposto ao clima semiárido na região Nordeste (CONTINI *et al.*, 2019). De acordo com Anjum *et al.* (2017), foram encontradas diferentes respostas fisiológicas e bioquímicas em comparação com os híbridos utilizados em seu estudo. Essas respostas demonstraram parâmetros favoráveis para o desenvolvimento de genótipos com tolerância ao déficit hídrico, a fim de minimizar as perdas de rendimento durante a fase reprodutiva.

A seleção de genótipos para a tolerância ao déficit hídrico na fase de juvenil feita por Adewale *et al.* (2018), demonstra que o controle da tolerância a seca nesse estágio, dá-se por caracteres poligênicos. Meeks *et al.* (2013) mostram que a tolerância a seca no estágio de juvenil do milho é um fator independente do estágio de floração. Costa *et al.* (2008), constataram que ao reduzir o nível de água aplicado no desenvolvimento do milho, houve negativamente a produção de matéria seca da parte aérea nas duas fases de desenvolvimento da cultura. O desenvolvimento de um programa para o melhoramento do milho, contribuirá para se obter materiais adaptados ao efeito da seca na fase de mudas no estágio de V3, no Agreste e Alto Sertão Sergipano.

2.3 Programa de melhoramento genético na região semiárida

Abordagens diversas são empregadas na seleção de genótipos de milho tolerantes à seca, sendo está uma estratégia crucial para aumentar a produtividade em regiões com escassez de água. Esse desafio constante é enfrentado pelos pesquisadores nos programas de melhoramento genético. Portanto, é fundamental investir em tecnologias e cultivares adaptadas, visando minimizar os efeitos da restrição hídrica na produção de milho nessa região. Esse cenário foi abordado por Paterniani *et al.* (2019), que aponta a necessidade de avanços tecnológicos para garantir a sustentabilidade da produção de milho em regiões com limitações hídricas. Deste modo, a maneira eficaz para suprir a necessidade em desenvolver cultivares responsivas ao déficit hídrico é por meio do melhoramento genético.

No melhoramento genético há métodos que auxiliam tanto na conservação de espécies, quanto no desenvolvimento de materiais genéticos de interesse econômico. Estes métodos permitem aumentar a qualidade das culturas e atender a demanda crescente por alimentos. O objetivo principal do melhoramento genético de milho, é selecionar e coletar alelos considerados favoráveis para características agrônômicas de interesse.

De acordo com Silva *et al.* (2021), fica evidente a importância do melhoramento genético para o progresso da cultura do milho, acompanhando o avanço das tecnologias

utilizadas e suas contribuições. Além disso, o estudo destaca a identificação de híbridos intervarietais que podem ser incorporados em programas de melhoramento direcionados à forragicultura no semiárido.

Esse processo envolve a escolha de plantas com características desejáveis, como alta produtividade, resistência a doenças, tolerância a estresses ambientais, qualidade de grãos, entre outros. Câmara *et al.* (2007) mostraram que a interação de características morfológicas, como é o caso da senescência (*stay green*), tende a promover maior tolerância ao déficit hídrico em plantas de milho.

Os trabalhos de melhoramento genético utilizando cruzamentos dialelos foram iniciados por pesquisadores como Gustave Magoon e Edward East na década de 1940. Eles desenvolveram a metodologia do cruzamento dialelo e foram pioneiros na aplicação desse método no melhoramento de plantas cultivadas, como milho e trigo. A abordagem do cruzamento dialelo tem evoluído desde então, sendo amplamente adotada por pesquisadores e melhoristas genéticos em todo o mundo.

Métodos para o melhoramento da cultura, são incorporados ao programa de melhoramento por meio do esquema dialélico para as regiões do Agreste e Alto Sertão. Genótipos de milho com potencial adaptativo as condições locais, são necessários para garantir a produção de pequenos e médios produtores. Diante disso, resultados significativos foram encontrados por Silveira *et al.* (2021) ao apontarem estratégia para aumentar a produtividade em regiões com disponibilidade limitada de água, inserindo híbridos intervarietais em programas de melhoramento voltados para a forragicultura como fonte de alimentação animal para a região do semiárido sergipano.

A alta produtividade do milho e o aumento na produção global são resultado dos avanços no melhoramento genético. Uma das decisões cruciais dentro dos programas de melhoramento genético é a escolha e seleção dos genótipos que farão parte da população-base, pois estes fornecem genótipos superiores que devem possuir alelos favoráveis para as características de interesse (CASTRO, 2020).

2.4 Análise dialélica

A análise dialélica é classificada, de acordo com o descrito por Cruz *et al.* (2004), como um conjunto de métodos estatísticos empregados no estudo da herança de características em cruzamentos entre diferentes genótipos, a qual pode ser realizada considerando ou não a informação dos genitores e dos híbridos recíprocos. A metodologia baseia-se na realização de todos os cruzamentos possíveis e o propósito das análises dialélicas, é estimar parâmetros essenciais na seleção dos genitores, a fim de compreender os efeitos genéticos que envolvem a determinação do caráter.

O dialelo é um modelo genético que possibilita a seleção de genitores com base em sua capacidade de combinação relacionada às características morfoagronômicas em populações segregantes. Além disso, ele permite a compreensão do controle genético dessas características, orientando a adoção do melhor método de melhoramento para aprimorar ganhos genéticos adquiridos. Os tipos mais comuns de dialelos podem ser descritos como: dialelo completo, dialelo parcial ou dialelo circulante (PFANN *et al.*, 2009; CRUZ *et al.*, 2004).

Na análise dialélica completa todos os genótipos envolvidos em um cruzamento são considerados, de forma que são cruzados entre si para avaliar a presença de alelos diferentes entre estes genótipos. Essa prática permite determinar os efeitos aditivos e não aditivos dos genes na expressão da característica em estudo. O emprego de dialelos completos restringe-se a um número limitado de progenitores já que, com o aumento do número destes, ocorre também um aumento do número de cruzamentos a serem realizados (CRUZ *et al.*, 2004).

Para o esquema de dialelo parcial e/ou o dialelo circulante, são envolvidos dois grupos de progenitores (*I* e *J*) e seus respectivos cruzamentos. Este esquema tem como vantagem a possibilidade de incluir um número muito superior de progenitores quando se comparado ao

dialelo completo (RAMALHO *et al.*, 2012). Assim, é possível incluir um número diferente de progenitores em cada grupo. Os dialelos circulantes são aqueles que permitem obter informações sobre os progenitores em combinações híbridas menores do que nos demais tipos. Desta forma, o número de vezes que um genitor participa dos cruzamentos é sempre inferior a $n-1$ (RAMALHO *et al.*, 2012).

Diversos métodos foram propostos para auxiliar o estudo de análise dialélica, incluindo o método de Griffing (1956), amplamente utilizado em programas de melhoramento genético. Esse método tem sido empregado como uma ferramenta para estimar tanto a capacidade geral de combinação (CGC) quanto a capacidade específica de combinação (CEC) de diferentes parentais dentro de um programa de melhoramento genético. Isso permite a seleção dos melhores genitores para cruzamentos futuros e a escolha de genitores para formar uma base populacional com alto potencial genético (CRUZ *et al.*, 2004).

A metodologia proposta por Griffing (1956) compreende quatro métodos experimentais distintos. O Método 1 leva em consideração as informações dos híbridos, seus recíprocos e seus genitores, juntamente com as observações de n^2 . O Método 2, baseia-se apenas nas informações dos híbridos e genitores, desenvolvido em um total de $n(n+1)/2$ de observações. O Método 3 leva em consideração as informações dos híbridos e seus recíprocos, o que inclui $n(n-1)$ das observações. Por fim, o Método 4 considera apenas os híbridos, totalizando $n(n-1)/2$ das observações (CRUZ *et al.*, 2004; RAMALHO *et al.*, 2012).

Os parâmetros relacionados à CGC e à CEC, explorada por Griffing (1956), compreende a associação das estimativas dos efeitos aditivos e não aditivos, respectivamente. A CGC do genitor indica o quanto ele difere da média dos outros indivíduos da população derivada de diferentes genitores. A interpretação desse parâmetro depende de sua magnitude negativa ou positiva em relação ao caráter analisado. Isso permite identificar genitores superiores em relação aos demais presentes no dialelo. Por outro lado, a CEC está relacionada aos efeitos genéticos não aditivos. Nesse caso, busca-se combinações com maior CEC, desde que estejam associados a um dos genitores com alta CGC (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1988; CRUZ *et al.*, 2012; COELHO, 2019).

A escolha de genitores em programas de melhoramento genético de milho é a fase mais importante para a determinação do sucesso das futuras combinações híbridas. É nesta etapa que o melhorista seleciona grupos que apresentam características de interesse que possam gerar híbridos superiores, a fim de atender as exigências do mercado. Pfann *et al.* (2009), mostraram que híbridos comerciais são eficazes para obtenção de novas populações, além de altos valores para a capacidade específica e geral de combinação. A partir da seleção desses genótipos, são realizados cruzamentos controlados para obter descendentes com combinações genéticas compatíveis.

A seleção de genótipos tolerantes à seca é uma das principais estratégias utilizadas para melhorar a produtividade do milho em regiões com escassez de água. Ademais, pesquisas voltadas para a seleção de genótipos com produtividade significativa podem ser indicadas por Carvalho *et al.* (2020), ao demonstrarem potenciais cruzamentos genéticos por meio do cruzamento dialélico para obtenção de progênies com potencial produtivo de milho para o semiárido. Com o tempo, esse processo de seleção e cruzamentos permitem acumular alelos favoráveis em uma variedade ou linhagem de milho, produzindo plantas mais adaptadas e produtivas para as necessidades agrônômicas.

Em regiões semiáridas, como o Agreste e Alto Sertão sergipano, genótipos de milho com potencial adaptativo as condições locais, são necessários para garantir a produção de pequenos produtores e da agricultura familiar. Deste modo, métodos para o melhoramento da cultura vêm sendo incorporado ao programa de melhoramento genético, como é o caso do cruzamento dialélico, onde sua metodologia baseia-se na realização de todos os cruzamentos possíveis (GRIFFING, 1956).

A identificação e seleção destes genótipos, pode ser realizada pela análise de características fisiológicas e morfológicas, que auxiliam no melhoramento genético e na busca

de caracteres que otimizam o crescimento e conferem maior tolerância ao estresse. Por meio do cruzamento dialélico parcial, Rocha *et al.* (2021) mostraram a seleção de híbridos com alta produtividade e responsivos ao déficit hídrico, além de ressaltar a importância dos efeitos aditivos e não aditivos em diferentes ambientes.

De acordo com o programa de melhoramento genético abordado no presente trabalho, utiliza-se uma das estratégias em conjunto com o planejamento integrado do uso da terra que pode contribuir para o alcance dos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) das Organização das Nações Unidas (ONU), relacionadas à erradicação da fome, à promoção da saúde e bem-estar, à ação climática e à vida terrestre, ao mesmo tempo em que promovem a conservação da biodiversidade (ONU, 2023).

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADEWALE, S.A.; AKINWALE, R.O.; FAKOREDE, M.A.B.; BADU-APRAKU, B. Genetic analysis of drought-adaptive traits at seedling stage in early-maturing maize inbred lines and field performance under stress conditions. **Euphytica**, Holanda- Europa, v. 214, n.145, p.1-18, 2018.

ANJUM, S.A.; ASHRAF, U.; TANVEER, M.; KHAN, I.; HUSSAIN, S.; SHAHZAD, B.; ABBAS, F.; SALEEM, M. F.; W, I. A. L. C. Drought induced changes in growth, osmolyte accumulation and antioxidant metabolism of three maize hybrids. **Front Plant Science**, Lausanne, Suíça, v.8, n.69, p.1-12. 2017.

BERGAMASCHI, H.; DALMAGO, G.A.; COMIRAN, F.; BERGONCI, J.I.; MÜLLER, A.G.; FRANÇA, S.; SANTOS, A.O.; RADIN, B.; BIANCHI, C.A.M.; PEREIRA, P.G. Déficit hídrico e produtividade na cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília- DS, n. 41, p. 243-249, 2006.

CÂMARA, T.M.M.; BENTO, D.A.V; ALVES, G.F.; SANTOS, M.F.; MOREIRA, J.U.V.; SOUZA JUNIOR, C.L. de. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. **Bragantia**, Campinas-SP, v.66, n.4, p.595-603, 2007.

CARVALHO, M.N.; SILVEIRA, E.S.; MENEZES, B.S.; OLIVEIRA, T.R.A.; OLIVEIRA, G.H.F. Caracterização e divergência genética de genótipos de milho com potencial forrageiro avaliados em região semiárida. **Revista Agri-Environmental Sciences**, Palmas -TO, v.6, p.1-13, 2020.

CASTRO, L.L.D. **Capacidade de combinação de híbridos simples de milho e interação com épocas de plantio**. 75 páginas. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Goiás. Goiânia – Goiás, 2020.

CEPEA - **Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada**. Disponível em: <URL> <https://www.cepea.esalq.usp.br/br/opiniao-cepea/com-amplio-excedente-brasil-pode-superar-eua-e-se-tornar-o-maior-exportador-mundial-de-milho.aspx#:~:text=E%20o%20Brasil%2C%20pode%2C%20inclusive,25%2C1%20milh%3%B5es%20de%20toneladas>. Acesso em 17 de maio de 2023.

COELHO, I.F. **Análise dialélica multi-ambiente no melhoramento do milho**. 2019. 49 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2019.

CONAB (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). Acompanhamento da safra brasileira – Grãos, v. 9, n. 7, p. 1-93, 2022.

CONTINI, E.; MOTA, M.M.; MARRA, R.; BORGHI, E.; MIRANDA, R.A.; SILVA, A.F.; SILVA, D.D.; MACHADO, J.R.A.; COTA, L.V.; COSTA, R.V.; MENDES, S.M. **Milho – caracterização e desafios tecnológicos**. Série desafios do agronegócio brasileiro (NT2). EMBRAPA, 2019. Disponível em <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/195075/1/Milho-caracterizacao.pdf>. Acesso em 13 maio de 2023.

COSTA, J.R. da.; PINHO, J.L N.; PARRY, M.M. Produção de matéria seca de cultivares de milho sob diferentes níveis de estresse hídrico. **Revista Brasileira Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande- PB, v.12, n.5, p.443-450, 2008.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Minas Gerais, 2004. 480p.

Cruz C.D.; Regazzi A.J.; Carneiro P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Minas Gerais, 2012. 214p.

DA SILVA, D.F.; DE MELO GARCIA, P.H.; DE LIMA SANTOS, G.C.; DE FARIAS, I.M.S.C.; DE PÁDUA, G.V.G.; PEREIRA, P.H.B.; DA SILVA, F.E.; BATISTA, R.F.; NETO, S.G.; CABRAL, A.M.D. Morphological characteristics, genetic improvement and planting density of sorghum and corn crops: a review. **Research, Society and Development**, Itabira- MG, v. 10, n. 3, p. 12310313172, 2021.

DECBARROS, I.; PACHECO, E.P.; DE CARVALHO, H.W.L.; CINTRA, F.L.D.; DA SILVA, M.L.; DO DANTAS, E.N.; SOARES, T.F.S.N. **Desempenho da Cultura do Milho em Diferentes sistemas de Manejo de Solo nas Condições do Agreste Sergipano**. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2015. 24f.

FRITSCHÉ-NETO, R.; BORÉM, A. Melhoramento de plantas para condições de estresses abióticos. Viçosa: Minas Gerais, 2011. 250 p.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, Australia- Oceania, 1956. 493p.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **“Quantitative Genetics in Maize Breeding”** 2 ed, Iowa State University Press, Ames, 1988.

MEEKS M.; MURRAY, S.C.; HAGUE, S.; HAYS, D. Measuring Maize Seedling Drought Response in Search of Tolerant Germplasm. **Agronomy**, United States- EUA, v.3, p.135–147, 2013.

ONU- ORGANIZAÇÃO NACIONAL DAS NAÇÕES UNIDAS (2023) **Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS)**. Disponível em: < <https://brasil.un.org/pt-br/sdgs> >. Acesso em: 12 de abril, 2023.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do Milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa: Minas Gerais, 2005. 552p.

PEIXOTO, C.P.; ALMEIDA, A.T.; OLIVEIRA, E.R.; SANTOS JMS, PEIXOTO MFSP E POELKING, V.G.C. **Princípios de Fisiologia Vegetal: teoria e prática**. Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2020. 257p.

PFANN, A. Z.; FARIA, M. V.; ANDRADE, A. A. de.; NASCIMENTO, I. R. do.; FARIA, C. M. D; R.; BRINGHENTTI, R. M. Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. **Ciência Rural**, Santa Maria – SC, v.39, n.3, p.635-641, 2009.

PIMENTEL, C. A relação da planta com a água. **Seropédica: Edur**, v. 191, 2004.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Minas Gerais, 2012. 522p.

ROCHA, D.S.; RODRIGUES, C.S.; GALLO, P.B.; TICELLI, M.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z. Drought tolerance in intervarietal maize hybrids1. **Revista Caatinga**, Mossoró-RN, v. 34, p. 80 -89, 2021.

SOUZA JÚNIOR, C. L. **Melhoramento de espécies alógamas**. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis, 2001. 1183 p.

TAIZ, L.; ZEIGER, E.; MØLLER, I.M.; MURPHY, A. **Fisiologia e desenvolvimento vegetal**. Porto Alegre: Rio Grande do Sul, 2017. 888p.

4. ARTIGO 1

ANÁLISE GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS FISIOLÓGICAS ADAPTATIVAS À SECA EM FASE JUVENIL DO MILHO

ANÁLISE GENÉTICA DA TOLERÂNCIA A SECA EM FASE JUVENIL DE MILHO

Artigo formatado e submetido de acordo com as normas do periódico (The Journal of Agricultural Science)

J. F. S. Santos¹, G. H. F. Oliveira^{3*}, M. R. Pimenta³, H. R. A. Santos², J. J. F. Cordeiro Junior³, M. E. B. Brito³, M. E. A. G. Z. Paterniani⁴, B. N. Santos² e J. S. Oliveira²

¹ Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe, Avenida Marechal Rondon Jardim, s/n. 49100-000, Rosa Elze, São Cristóvão, Sergipe, Brasil.

² Departamento de Engenharia Agrônômica do Sertão, Universidade Federal de Sergipe, Avenida Vinte e Seis de Setembro, 1126. 49680-000, Nova Esperança, Nossa Senhora da Glória, Sergipe, Brasil.

³ Departamento de Engenharia Agrônômica do Sertão, Universidade Federal de Sergipe, Avenida Vinte e Seis de Setembro, 1126. 49680-000, Nova Esperança, Nossa Senhora da Glória, Sergipe, Brasil.

⁴ Instituto Agrônômico, Instituto Agrônômico, Centro de Grãos e Fibras, Avenida Barão de Itapura, 1481, CEP 13020-902, Campinas, São Paulo, Brasil.

***Autor correspondente:** G. H. F. Oliveira, Email: gustavooliveira@academico.ufs.br

Resumo

A tolerância à seca na cultura do milho é uma característica poligênica complexa, havendo diferentes mecanismos adaptativos e respostas variadas das plantas ao estresse hídrico. O objetivo deste trabalho foi determinar a ação fisiológica da tolerância à seca e a capacidade combinatória de cultivares comerciais de milho sob déficit hídrico em fase juvenil sob ambiente controlado. Dez híbridos comerciais foram utilizados em cruzamentos dialélicos, juntamente com seus 45 híbridos intervarietais e quatro testemunhas avaliadas em condições induzidas de déficit hídrico em fase juvenil, em ambiente protegido. Avaliou-se o teor relativo de água (TRA) e o extravasamento de eletrólitos (EE). Os dados foram submetidos a análise de variância e subsequente desdobramento dos graus de liberdade em capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC). Houve efeito significativo de CGC e CEC para as variáveis

teor relativo de água (TRA) e extravasamento de eletrólitos (EE), indicando que os efeitos gênicos aditivos e não aditivos são importantes no controle da expressão fisiológica das plantas sob condições de déficit hídrico. Além disso, a CEC foi predominante em relação a CGC revelando a predominância de genes de efeitos não aditivos. Indicando, que a melhor estratégia de melhoramento com base em características fisiológicas seja a exploração da heterose em cruzamentos específicos. Os genitores P1, P2(POPTOL 2), P4 e P7 mostraram-se superiores para a formação de populações com maior tolerância ao déficit hídrico, por apresentar valores de capacidade geral de combinação altos e positivos. Portanto, constata-se o sucesso na seleção de novos genótipos tolerantes a seca por meio do melhoramento populacional, permitindo identificar genótipos de milho tolerantes a seca ainda em estágio juvenil.

Palavras – chave: *Zea mays* L.; melhoramento de plantas; fisiologia vegetal; déficit hídrico

4.1. Introdução

Em condição de déficit hídrico, o milho (*Zea mays* L.) expressa uma série de mudanças morfofisiológicas. Tais mudanças acarretam distúrbios metabólicos e podem ser explicadas por Peixoto (2020), onde a falta de água para o desenvolvimento das plantas destacam-se como: diminuição no crescimento e expansão foliar, na absorção de água e nutrientes, na transpiração, no conteúdo de clorofila e na atividade fotossintética.

Conhecer mecanismos fisiológicos relativos à tolerância à seca na fase juvenil do milho, pode contribuir para o desenvolvimento de técnicas de seleção, tornando assim possível a facilitação no processo de geração de novos materiais (linhagens, híbridos, sintéticos ou populações). Para o desenvolvimento de genótipos sob estresse hídrico, parâmetros fisiológicos, bioquímicos e transcricionais mostraram-se eficientes ao revelar a existência de mecanismos divergentes para a tolerância à seca (Anjum et al., 2017; Zhang et al., 2020; Wang et al., 2022).

Pelo fato de ser um caráter poligênico e apresentar alta influência ambiental, torna-se desafiador a produção de cultivares de milho com maior eficiência do uso da água sob estresse, e de reduzir os efeitos negativos em baixa disponibilidade hídrica (Lima et al., 2019; Paterniani et al., 2019). No entanto, grandes avanços em estudos sobre o melhoramento do milho para a tolerância à seca têm trazido resultados satisfatórios.

Nesse contexto, cruzamentos dialélicos têm sido amplamente utilizados em pesquisas genéticas para investigar as melhores combinações para características importantes entre um conjunto de genótipos (Castro, 2020; Coelho et al., 2020; Rocha et al., 2021). A fim de identificá-las, são relacionadas a capacidade geral de combinação (CGC) à efeitos aditivos, e a

capacidade específica de combinação (CEC), à efeitos não aditivos (dominantes e epistáticos), fundamentos utilizados como ferramentas úteis no propósito que envolve o controle genético (Griffing, 1956; Cruz et al., 2004).

Em programas de melhoramento genético, a partir do cruzamento entre híbridos intervarietais, genótipos podem ser selecionados quanto ao alto rendimento e a tolerância ao déficit hídrico. Além disso, é possível indicar genótipos que se destacam para serem utilizados em programas de melhoramento voltados para tolerância a seca (Rocha et al., 2021).

Diante da problemática causada pelo déficit hídrico e a expectativa que o melhoramento genético possa solucioná-lo, evidencia-se a importância do desenvolvimento de genótipos de milho tolerantes a seca por meio de programas de melhoramento genético (Paterniani et al., 2019). Contudo, pouco é conhecido sobre os mecanismos fisiológicos para a tolerância à seca na fase vegetativa. Deste modo, o objetivo deste trabalho foi determinar o controle gênico da tolerância a seca utilizando a análise genética de características fisiológicas em fase juvenil do milho.

4.2 Material e métodos

4.2.1. Obtenção de híbridos intervarietais

Os híbridos foram obtidos por meio de um cruzamento dialélico completo de 10 genitores, sem recíprocos, durante a safra de 2021 na fazenda experimental da Embrapa semiárido (Tabela 1). Para a realização do cruzamento, os genótipos parentais foram semeados em duas épocas, com o intervalo de cinco dias entre as semeaduras para sincronização de pólen.

Tabela 1. Descrição dos genótipos parentais utilizados no cruzamento dialélico completo com 10 genitores, utilizados no experimento em ambiente controlado na safra de 2022

Cultivares						
Genótipos	Classe genética	Ciclo	Fase	Mantenedor	Porte	Grão
P1 (IAC 8046)	HI	Precoce	Comercial	IAC	240-260 cm	Semidentado
P2 (POPTOL 2)	V	Tardio	-	IAC	-	Semidentado
P3	HS	-	Experimental	GENEZE	-	-
P4	HS	-	Experimental	GENEZE	-	-
P5 (IAC AIRAN)	V	Precoce	Comercial	IAC	205-230 cm	Semidentado
P6	HS	Precoce	Comercial	KWS	240-260 cm	Semiduro
P7	HS	Precoce	Comercial	KWS	240-260 cm	Semiduro
P8	HS	-	Experimental	GENEZE	-	-
P9	HS	Precoce	Comercial	KWS	230-240 cm	Semiduro
P10	HS	Precoce	Comercial	KWS	240-260 cm	Semiduro

¹HS: híbrido simples; HI: híbrido intervarietal; V: variedade.

O campo de polinização foi esquematizado com duas linhas de macho para quatro linhas de fêmea. A polinização foi realizada de forma manual. As espigas foram protegidas com saco plástico antes da emissão do estilo estigma e por ocasião da emissão de pólen, usou-se sacos de papel para coleta do pólen. Os sacos de papel permaneceram por 24 horas no pendão a fim de evitar contaminação. Todas as espigas da parcela de linhas fêmeas foram polinizadas. Por ocasião da colheita as sementes foram colhidas separadamente, identificadas e acondicionadas.

4.2.2. Local e delineamento estatístico

O experimento foi realizado entre os meses de janeiro a maio de 2022 e conduzido em casa de vegetação, localizada na fazenda experimental da Embrapa-Semiárido, situada no município de Nossa Senhora da Glória-SE (10°13'06" S 37°25'13" O e 291 m). O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com três repetições, considerando 59 tratamentos, sendo: 45 híbridos intervarietais, 10 genótipos parentais e 4 cultivares testemunhas. As parcelas foram constituídas por 3 vasos, nos quais foram semeadas duas sementes de cada genótipo por vaso.

4.2.3. Indução ao déficit hídrico

A lâmina de água utilizada para cada genótipo, foi determinada por meio da lisimetria de pesagem. Este método permite a medição do balanço hídrico do solo ou do volume de água percolando verticalmente, pela determinação da variação de massa ao longo do tempo, método adaptado de Howell et al. (1991).

Para tanto, os vasos foram pesados diariamente para determinação da lâmina de água e manutenção da capacidade de campo. O controle da irrigação foi conduzido até o estágio vegetativo V3, ocasião em que foi interrompida a irrigação. As avaliações foram feitas a cada 3 dias após o déficit hídrico aplicado, com duração de 23 dias para as avaliações.

4.2.4. Características avaliadas

Foram avaliadas características fisiológicas, a saber:

1. Teor relativo de água (TRA): estimada pela equação $TRA = \{[(MF - MS) / (MT - MS)] \times 100\} \%$, seguindo a metodologia de Barrs e Wheaterley (1962), sendo MF - matéria fresca; MS - Matéria seca e MT - Matéria túrgida
2. Extravasamento de eletrólitos (EE): obtido pela porcentagem de eletrólitos extravasados em relação aos eletrólitos totais conforme a seguinte fórmula: $EE (\%) = (CE1/CE2) * 100$. Sendo CE1 e CE2 a primeira e segunda leitura da

condutividade elétrica, respectivamente segundo a metodologia de Peloso et al. (2017), com algumas modificações.

4.2.5. Análise estatística

Os dados referentes às variáveis analisadas foram submetidas a análise de variância (ANAVA) e as médias agrupadas pelo teste de Scott-knott ($p < 0,05$). Para a seleção dos genótipos e determinação do grau de contribuição dos genótipos parentais para tolerância ao déficit hídrico em fase juvenil, foi utilizado os pacotes lmdiallel, multcomp e metan no software R (Hothorn et al., 2008; R Core, 2018; Olivoto e Lúcio, 2020 Onofri et al., 2020).

4.2.6. Análise dialélica

As análises genéticas foram realizadas utilizando o método 2 (pais e F_1) modelo 1 (modelo fixo) proposto por Griffing (1956). Os efeitos de capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação foram testados utilizando o teste t e os desvios padrão estimados pela raiz quadrada das variâncias da CGC e CEC. A proposta de Griffing (1956) analisa a tabela dialélica decompondo a média nos seguintes efeitos (equação 1):

$$v_{ij} = \mu_x + g_i + g_j + s_{ij} + \frac{1}{b} \sum_k b_k + \frac{1}{b} \sum_k (bv)_{ijk} + \frac{1}{bc} \sum_k \sum_l e_{ijkl} \quad (1)$$

onde, v_{ij} = valor fenotípico médio observado na parcela para o i-ésimo genótipo na j-ésima repetição; μ_x = efeito da média geral; $g_i + g_j$ = efeitos da capacidade geral de combinação (CGC), associados ao i-ésimo e j-ésimo genitor, respectivamente; s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação (CEC) dado que $s_{ij} = s_{ji}$; k = número de blocos variando de 1, ... , b ; bv = efeito da interação blocos x genótipos; $c = p^2 - p + 1$ sendo p o número de genitores; e_{ijkl} = é o erro aleatório médio associado as observações ijkl. Neste modelo considera-se que $\sum_i g_i = 0$ e $\sum_{i \neq j} s_{ij} = 0$ (para cada j) são impostas nos efeitos da capacidade de combinação.

A importância relativa dos efeitos de CGC e CEC foram estimados de acordo com o descrito por Baker (1978), a saber: $IR = \frac{2\sigma_{GCA}^2}{2\sigma_{GCA}^2 + 2\sigma_{CEC}^2}$, onde IR é a importância relativa, $2\sigma_{GCA}^2$ e $2\sigma_{CEC}^2$ são os efeitos da variância derivados da soma de quadrado da CGC e CEC, respectivamente.

4.3. Resultados

4.3.1. Análise de variância

A análise de variância mostrou que houve diferença significativa entre os genótipos para as variáveis analisadas, ocorrendo variabilidade passível de seleção (Tabela 2).

Tabela 2 – Quadrados médios da análise de variância para as variáveis teor relativo de água (TRA) e extravasamento de eletrólitos (EE), referentes aos genótipos de milho avaliados. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022

FV	GL	QM	
		TRA	EE
Genótipos	58	479,26***	163,72 ***
Bloco	2	159,23***	2,61
Resíduo	116	19,13	6,39
Total	176		
CV (%)		12,95	5,65

***, ** Significativo a 0,001 % e 0,01 % de significância pelo teste F

¹CV: Coeficiente de variação.

O coeficiente de variação experimental (CV%) apresentou valores entre 5,65 % e 12,95 % para o EE e TRA, respectivamente. Deste modo, o coeficiente de variação observado neste estudo está dentro do aceitável para a cultura do milho (Gurgel et al., 2013).

4.3.2. Avaliação das médias dos parentais e híbridos intervarietais

As médias das variáveis relativas aos genitores e aos híbridos intervarietais foram obtidas por meio do teste Scott-Knott ($p < 0,05$) que exibiu o agrupamento de alguns genótipos em grupos diferentes por média, para as variáveis TRA e EE (Tabela 3). Esse resultado, demonstra que há variabilidade para a tolerância ao déficit hídrico aplicado entre os genótipos, portanto, existe pelo menos um genótipo que se diferencia dos demais entre as variáveis analisadas.

Tabela 3. Médias dos genitores (P), híbridos intervarietais (F₁) e testemunhas (TESTE) de milho, relativas as variáveis teor relativo de água (TRA) e extravasamento de eletrólitos (EE). Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022

GENITORES E HÍBRIDOS	TRA (%)	EE (%)
F1 (P1 x P2)	88,1a	24,6e
F1 (P1 x P3)	82,6a	14,9g
F1 (P1 x P4)	89,4a	13,2g
F1 (P1 x P5)	89,0a	19,5f
F1 (P1 x P6)	87,4a	17,2f

F1 (P1 x P7)	87,6a	12,7g
F1 (P1 x P8)	88,2a	20,5f
F1 (P1 x P9)	86,6a	14,3g
F1 (P1 x P10)	88,9a	11,1g
F1 (P2 x P3)	86,7a	12,1g
F1 (P2 x P4)	87,4a	10,0g
F1 (P2 x P5)	87,4a	12,4g
F1 (P2 x P6)	86,7a	17,8f
F1 (P2 x P7)	81,4b	17,8f
F1 (P2 x P8)	77,7b	16,3f
F1 (P2 x P9)	86,5a	12,9g
F1 (P2 x P10)	83,8a	10,7g
F1 (P3 x P4)	64,8c	15,3g
F1 (P3 x P5)	31,7e	14,9g
F1 (P3 x P6)	33,3e	13,7g
F1 (P3 x P7)	87,2a	11,1g
F1 (P3 x P8)	85,4a	10,1g
F1 (P3 x P9)	76,7b	23,6e
F1 (P3 x P10)	86,5a	11,8g
F1 (P4 x P5)	85,9a	10,6g
F1 (P4 x P6)	84,9a	14,2g
F1 (P4 x P7)	57,2d	15,2g
F1 (P4 x P8)	85,6a	11,5g
F1 (P4 x P9)	78,5b	12,3g
F1 (P4 x P10)	84,2a	16,9f
F1 (P5 x P6)	80,2b	31,0c
F1 (P5 x P7)	84,6a	12,8g
F1 (P5 x P8)	82,9a	15,0g
F1 (P5 x P9)	78,9b	20,3f
F1 (P5 x P10)	56,8d	28,4d
F1 (P6 x P7)	73,1b	25,3d
F1 (P6 x P8)	79,7b	31,4c
F1 (P6 x P9)	78,7b	35,9b
F1 (P6 x P10)	70,3b	21,3e
F1 (P7 x P8)	78,3b	19,4f
F1 (P7 x P9)	81,8b	28,0d
F1 (P7 x P10)	78,0b	14,0g
F1 (P8 x P9)	65,8c	10,6g
F1 (P8 x P10)	83,5a	25,9d
F1 (P9 x P10)	63,1c	23,3e
<hr/>		
P1 (IAC 8046)	63,9c	26,0d
P2 (POPTOL 2)	50,2d	18,8f
P3	74,7b	23,5e
P4	46,6b	26,1d
P5 (IAC AIRAN)	83,0a	20,3f
P6	79,8b	27,5d
P7	79,8b	18,7f
P8	73,4b	39,8a
P9	54,7d	34,7b
P10	80,6b	31,8c
<hr/>		
TESTE 1	79,9b	21,8e
TESTE 2	82,4a	23,3e

TESTE 3	64,5c	26,3d
TESTE 4	85,6a	27,6d

¹Médias com a mesma letra não diferenciam entre si pelo teste de Scott-Knott a $p < 0,05$ de probabilidade.

Os diferentes genótipos foram agrupados em cinco grupos (A-E) considerando a variável TRA. O primeiro agrupamento foi formado por 28 genótipos que apresentaram os maiores teores relativos de água, e o último formado por apenas dois genótipos F1 (P3 x P5) e F1(P3 x P6), que apresentaram menores valores para TRA, evidenciando a sensibilidade destes sob o déficit hídrico aplicado.

Para a variável EE, os genótipos foram agrupados em sete grupos (Tabela 3) com valores variando entre 10 (F1 (P2 x P10), F1 (P4 x P5), F1 (P8 x P9), F1 (P3 x P8), F1 (P2 x P4)) e 40 % (P8). O primeiro, exibiu apenas um genótipo que apresentou 40 % de extravasamento, enquanto o último grupo foi formado por 25 genótipos que ostentaram os menores valores de eletrólitos extravasados. Pode-se notar que quanto menores os valores para esta variável, menores foram os estresses sofridos pelos genótipos, indicando maior estabilidade das membranas celulares.

O déficit hídrico induzido aos genótipos, revelou que a tolerância a seca está relacionada com as variáveis apresentadas, pois a intensificação do estresse diminui o conteúdo de água presente nas folhas e aumenta o rompimento das células, afetando funções celulares importantes para o desenvolvimento das plantas, como no caso da fotossíntese. Ressalta-se também a seleção de genótipos potencialmente tolerantes na fase juvenil em ambiente protegido, sendo eles genitor e híbridos intervarietais: P5, F1 (P1 x P4), F1 (P1 x P5), F1 (P1 x P8), F1 (P1 x P2), F1 (P1 x P7), F1 (P2 x P5), F1(P2 x P4), F1 (P1 x P6), F1 (P3 x P7), F1 (P2 x P3), F1 (P1 x P9), F1 (P3 x P10), F1(P2 x P9), F1 (P4 x P5), F1 (P3 x P8), F1 (P4 x P8), F1 (P4 x P6), F1(P5 x P7), F1 (P4 x P10), F1 (P2 x P10), F1 (P2 x P6), F1 (P8 x P10), F1 (P5 x P8) e F1 (P1 x P3) (Tabela 3).

4.3.3. Análise dialélica

Os valores dos quadrados médios para as capacidades geral de combinação (CGC) e específica de combinação (CEC), estão apresentadas na Tabela 4. As variáveis TRA e EE, mostraram-se significativas a $p < 0,001$.

Tabela 4. Quadrados médios da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) para os caracteres, percentagem do teor relativo de água

(TRA) e percentagem do extravasamento de eletrólitos (EE) avaliados em genótipos de milho em estágio juvenil. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022

FV	GL	QM	
		TRA	EE
CGC	9	337,17 ***	289,14 ***
CEC	45	531,31 ***	144,36 ***
Resíduo	108	2248,3	660,2
CGC/(CGC+CEC)		0,39	0,67

*** Significativo a $p < 0,001$ % de probabilidade.

A análise de variância da CGC e da CEC revela a importância dos efeitos gênicos aditivos e não aditivos sobre as variáveis estudadas, respectivamente. Para a variável TRA, os efeitos da CEC foram maiores que os da CGC. O contrário pode ser observado para a variável EE, onde mostra que os efeitos da CGC são maiores que a CEC. As características TRA e EE mostraram significância para CGC e CEC, revelando variabilidade resultante dos efeitos aditivos e não-aditivos no controle da expressão gênica.

A relação do índice relativo $CGC/(CGC+CEC)$ mostra os efeitos genéticos aditivos e não aditivos para os caracteres EE e TRA, nesta ordem. Os valores verificados para TRA indicam que para essa característica a seleção pode ser dificultada, pois, há predominância de ação gênica não-aditiva. Em contrapartida, a resposta com a seleção para o caráter EE pode ser eficaz, pois, há predominância da ação gênica aditiva. Esses resultados, corroboram com os valores dos quadrados médios da CGC e CEC, onde o quadrado médio (QM) da CEC foi superior ao da CGC para a variável TRA e, de modo contrário, o QM de CGC foi superior ao CEC para o EE.

4.3.4. Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC)

O termo capacidade geral de combinação (CGC) é empregado para determinar o comportamento médio de um genitor em todos os cruzamentos em que participa e está associada a genes de efeitos aditivos. A contribuição para o aumento do caráter, depende das estimativas que podem ser descritas como positivas e negativas. Estimativas altas e positivas contribuem mais para a expressividade do caráter, enquanto valores altos e negativos contribuíram para a redução da expressão.

A estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC), dos genitores P1, P2, P8, P4 e P7 foram positivas e altas para a variável TRA (Tabela 5). Esses resultados mostram que houve efeito gênico aditivo para a variável estudada, revelando sua contribuição

para a expressão da tolerância ao déficit hídrico. Já para os genótipos P3, P5, P6 e P9 observam-se valores altos e negativos, demonstrando que reduzem a manifestação desse carácter.

Tabela 5. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) de cada parental para os caracteres teor relativo de água (TRA) e extravasamento de eletrólitos (EE). Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022

GENITORES	TRA	EE
P1(IAC 8046)	7,15 ***	-0,92 *
P2 (POPTOL 2)	3,28 ***	-2,96 ***
P3	-6,82 ***	-3,29 ***
P4	1,45	-3,86 ***
P5 (IAC AIRAN)	-1,85 *	0,34
P6	-2,95 ***	5,24 ***
P7	0,91	-0,86 *
P8	2,01 *	1,71***
P9	-2,82 ***	3,28 ***
P10	-0,35	1,31 **

***, **, * Significativo a 0,001, 0,01 e 0,05% de probabilidade.

Para a variável extravasamento de eletrólitos (EE), os genitores P6, P9, P8 e P10 apresentaram valores positivos e altos mostrando que para esse carácter sua contribuição proporciona o maior rompimento de células. No entanto os genótipos P4, P3, P2, P1 e P7 que apresentaram valores altos e negativos, apontam a redução da perda de água pela célula.

4.3.5. Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC)

O Termo capacidade específica de combinação (CEC), diz respeito aos efeitos gênicos não aditivos, apontando o comportamento de determinados cruzamentos, que podem ser superiores ou inferiores ao esperado em relação a performance dos genitores.

Na Tabela 6, estão as estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) para os caracteres inerentes à fase juvenil do milho sobre condições de déficit hídrico em ambiente protegido. Para o teor relativo de água observa-se, que as melhores combinações foram F1 (P3 x P7), F1 (P2 x P3), F1 (P3 x P8), F1 (P4 x P6), F1 (P4 x P5), F1 (P2 x P5), F1 (P2 x P9), F1 (P5 x P7), F1 (P7 x P9), F1 (P1 x P5), F1 (P4 x P10), F1 (P2 x P6) e F1 (P5 x P8) por apresentarem as maiores estimativas positivas para a CEC.

Tabela 6. Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) de cada híbrido intervarietal os caracteres teor relativo de água (TRA) e extravasamento de eletrólitos (EE). Nossa Senhora da Glória, 2022

CRUZAMENTOS	TRA (%)	EE (%)
F1 (P1 x P2)	-0,08	10,19 ***
F1 (P1 x P3)	4,35	0,52
F1 (P1 x P4)	2,75	-0,58
F1 (P1 x P5)	5,72 *	1,89
F1 (P1 x P6)	4,82	-5,68 ***
F1 (P1 x P7)	1,62	-3,58 **
F1 (P1 x P8)	0,85	1,52
F1 (P1 x P9)	4,02	-6,38 ***
F1 (P1 x P10)	4,22	-7,41 ***
F1 (P2 x P3)	12,55 ***	-0,11
F1 (P2 x P4)	4,62	-1,88
F1 (P2 x P5)	7,92 **	10,19
F1 (P2 x P6)	5,35 *	-2,64 *
F1 (P2 x P7)	-0,85	3,12 *
F1 (P2 x P8)	-5,61 *	-1,11
F1 (P2 x P9)	7,89 **	-6,01 ***
F1 (P2 x P10)	2,75	-5,71 ***
F1 (P3 x P4)	-7,61 **	3,79 **
F1 (P3 x P5)	-37,31 ***	-0,08
F1 (P3 x P6)	-34,88 ***	-6,64 ***
F1 (P3 x P7)	15,25 ***	-3,21
F1 (P3 x P8)	12,49 ***	-6,44 ***
F1 (P3 x P9)	8,65 ***	5,32 ***
F1 (P3 x P10)	15,85 ***	-4,71 **
F1 (P4 x P5)	8,42 **	-4,18 **
F1 (P4 x P6)	8,52 **	-5,41 ***
F1 (P4 x P7)	-23,35 ***	1,69
F1 (P4 x P8)	3,55	-4,54 **
F1 (P4 x P9)	1,72	-5,44 ***
F1 (P4 x P10)	5,59 *	1,19
F1 (P5 x P6)	7,15	7,06 ***
F1 (P5 x P7)	7,62 **	-4,84 ***
F1 (P5 x P8)	4,85 *	-5,41 ***
F1 (P5 x P9)	5,69 *	-1,64
F1 (P5 x P10)	-18,78 ***	8,32 ***
F1 (P6 x P7)	-2,95	2,59
F1 (P6 x P8)	2,62	6,02 ***
F1 (P6 x P9)	6,45 *	10,09 ***
F1 (P6 x P10)	-4,68	-3,24 *
F1 (P7 x P8)	-2,58	0,12
F1 (P7 x P9)	5,92 *	6,89 ***
F1 (P7 x P10)	-0,55	-4,81 ***
F1 (P8 x P9)	-11,18 ***	-12,68 ***
F1 (P8 x P10)	3,69	4,62 **
F1 (P9 x P10)	-11,48 ***	0,73

***, **, * Significativo a 0,001, 0,01 e 0,05% de probabilidade.

Este resultado era esperado devido o desempenho dos genitores P1, P2, P4, P8 e P7 na qual suas estimativas para CGC revelaram valores positivos e altos. Sendo assim, analisando

as estimativas de CEC, para esses genótipos, é possível destacar altos valores de CEC para teor relativo de água, ou seja, que apresenta efeito de dominância em sua composição para que haja genótipos tolerantes ao déficit hídrico dentro da população formada.

Para o extravasamento de eletrólitos, as contribuições altas e positivas foram F1 (P1 x P2), F1 (P6 x P9), F1 (P5 x P10), F1 (P4 x P10), F1 (P7 x P9), F1 (P6 x P8), F1 (P3 x P9), F1 (P8 x P10), F1 (P3 x P4) e F1 (P2 x P7) mostrando efeitos esperados com estimativa das médias dos genótipos P8, P9 e P10. Contudo, contribuições altas e negativas também podem ser observadas na tabela 5. Esses efeitos mostram que os híbridos obtidos utilizando os genitores P1, P2, P3, P4 e P7, os quais apresentam médias altas e negativas de CGC, apresentam comportamento inferior as médias dos pais.

Considerando os caracteres avaliados, observa-se que os genitores P1, P2, P4, P8 e P7 mostram-se promissores entre os cruzamentos, para a tolerância ao déficit hídrico em fase juvenil para o teor relativo de água nas plantas, pois estariam transferindo para seus descendentes a média dos efeitos aditivos dos alelos.

4.4. Discussão

As diferenças significativas entre os genótipos parentais e seus híbridos, obtidas neste estudo, indicam a presença de variabilidade para a tolerância a seca entre híbridos comerciais de milho oriunda da diferenciação fisiológica avaliadas em fase juvenil sob ambiente protegido. Desta forma, há possibilidade de progresso na instauração de um programa de melhoramento para tolerância à seca para as primeiras fases de desenvolvimento da cultura do milho. Ademais, o baixo CV estabelece confiabilidade para o presente estudo (Gurgel et al., 2013).

O teor relativo de água e o extravasamento de eletrólitos, caracterizam-se pela referência avaliativa para condições hídricas nas plantas, principalmente sob longos períodos de déficit hídrico. De acordo com os valores encontrados para o TRA, pode-se dizer que quanto maior o conteúdo de água presente nas plantas, maior será sua tolerância ao déficit hídrico, por apresentar menores alterações metabólicas (Schonfeld et al., 1988; Kebede et al., 2014). No entanto, o que diz respeito aos valores das médias de EE, esses demonstram que quanto menores os valores para essa característica, menor será o rompimento das células e déficit hídrico sofrido (Souza, 2020).

A identificação de características que influenciam na divergência genética entre os genótipos é importante, pois estão relacionados a vários genes, além de ser relacionados com o ambiente. Adewale et al. (2018) ao selecionar linhagens de milho tolerantes ao déficit hídrico na fase juvenil, demonstraram que o controle da tolerância a seca nesse estágio, dar-se por

caracteres poligênicos e recessivos. Ademais, a tolerância ao déficit hídrico em fase juvenil do milho independe do estágio de floração (Meeks et al., 2013).

O conhecimento da capacidade combinatória de genitores em um programa de melhoramento é primordial para a seleção de genótipos promissores para hibridação. A relevância da significância dos parâmetros de CGC e CEC, evidenciam a existência de variabilidade entre os materiais utilizados. Dessa forma, os efeitos gênicos aditivos e não aditivos foram importantes na herança da tolerância à seca em fase juvenil para variáveis fisiológicas (Cruz et al., 2012).

Isto posto, progresso genético importante pode ser alcançado no desenvolvimento de novos genótipos por meio de métodos de melhoramento para tolerância a seca em estágio juvenil que envolvam hibridações, como em programa de seleção recorrente para o desenvolvimento de híbridos intervarietais, ou mesmo, para o desenvolvimento de novas populações tolerantes a seca, por meio de métodos de melhoramento intrapopulacional.

A importância relativa de CGC sobre CEC, representada pela razão $CGC/(CGC+CEC)$, mostra a predominância dos efeitos gênicos aditivos sobre os não aditivos para a variável EE, indicando que características com o menor extravasamento de eletrólitos podem ser implementados no desenvolvimento de genótipos tolerantes a seca por meio de métodos intrapopulacionais. Por outro lado, os efeitos gênicos não aditivos foram mais importantes na expressão do TRA, indicando que o melhoramento interpopulacional seria a melhor alternativa para o desenvolvimento de híbridos tolerantes a seca com base nessa característica.

Os efeitos da CGC das cultivares parentais são importantes para caracterizar esses genótipos como testadores para o desenvolvimento de populações melhoradas ou ainda na participação de cruzamentos específicos como genitores para o desenvolvimento de novas variedades, sintéticos ou híbridos adaptados as condições de dinâmica hídrica da região semiárida. Os valores obtidos pelos genitores P1, P2 (POPTOL 2), P8, P4 e P7 foram altos e positivos para a variável teor relativo de água, indicando a perspectiva de serem boas fontes de alelos para melhorar o teor relativo de água na folha de genótipos em estágio juvenil sob déficit hídrico induzido.

Estes mesmo genitores, com exceção do P8, apresentaram valores negativos de CGC para a variáveis EE, indicando o potencial da transferência de alelos efetivos para maior tolerância a seca por meio do maior teor relativo de água na folha e no menor extravasamento de eletrólitos nos primeiros estágios vegetativos da planta. Neste contexto, esses parentais contribuem para melhorar a expressão do caráter, e podem ser considerados como bons genitores candidatos a inclusão em programa de melhoramento das características em estudo,

pois apresentaram valores significativos, positivos ou negativos de acordo com o desejável para o caráter em estudo (Griffing, 1956; Cruz, 2005).

O parental P2 (POPTOL 2) que apresentou alta significância de CGC neste estudo para os caracteres fisiológicos de interesse, também foi reportado como genótipo promissor e tolerante em condições de seca em combinações intervarietais (Rocha et al., 2021). Indicando que essa população pode ser uma importante fonte de genes latentes tolerantes para múltiplos estresses que podem ser introgredidos em populações adaptadas às condições de clima semiárido. Com isso, o genótipo POPTOL 2 pode ser indicado para o desenvolvimento de novas populações, linhagens e sintéticos de milho tolerantes a seca nos primeiros estádios de desenvolvimento da muda, aumentando a dinâmica de defesa da planta em situações de insuficiência pluvial após os primeiros dias de plantio, situação comum em regiões semiáridas.

Ademais, os genótipos P1 e P4 apresentam estimativas importantes de CGC para ambas as variáveis, inferindo sobre a possibilidade de transferência de alelos efetivos para a descendência. Sugere-se a inclusão destes cultivares em programas de melhoramento para exploração de novas populações com novos genes latentes para a maior tolerância a seca e com produção de grãos satisfatória, uma vez que já são cultivares amplamente cultivadas na região alvo deste estudo.

O efeito da CEC é interpretado como desvio de um híbrido em relação ao que se espera com base na performance da CGC de seus genitores, como também apontam o comportamento de determinado cruzamento podendo ser melhor ou pior do que se espera com base nos seus valores altos e baixos, respectivamente (CRUZ et al., 2004). A partir deste estudo as combinações F1(P1 x P4), F1(P1 x P7) e F1(P2 x P4), cujo genitores apresentaram os melhores resultados de CGC para TRA e EE, revelaram expressivo efeito heterótico para condições de tolerância a seca em fase juvenil.

Os resultados encontrados, mostram altos valores para a CEC no parâmetro TRA, onde essas estimativas são descritas por Coelho (2019) e Cruz et al. (2012) como combinações favoráveis, uma vez que são resultantes de um cruzamento em que pelo menos um dos genitores apresentaram elevada CGC. Além disso, os resultados sugerem que cruzamentos entre potenciais genitores são promissores para formação de híbridos superiores ou para exploração de híbridos duplos que podem ser explorados em programas de melhoramento para o desenvolvimento de novas combinações híbridas de milho que consigam tolerar condições abióticas estressantes oriundas do clima semiárido.

Ademais, os resultados aqui obtidos, sugerem o potencial de seleção de genótipos de milho tolerantes ao déficit hídrico nos primeiros estádios de crescimento da planta por meio de variáveis fisiológicas, permitindo prever o sucesso do programa de melhoramento no

desenvolvimento de novas populações ou híbridos adaptados ao semiárido por meio do melhoramento inter e intrapopulacional. Sugere-se, como próxima etapa deste estudo, avaliações do desempenho produtivo em condições de campo, fazendo-se valer da seleção dos materiais para aspecto das mudas à produção de grãos em condições de semiárido.

4.5. Conclusão

Existe variabilidade genética a ser explorada quanto à tolerância à seca, avaliada por meio de variáveis fisiológicas TRA e EE na fase juvenil na cultura do milho.

A CGC e CEC revela que os efeitos gênicos aditivos e não aditivos estão no controle da expressão do teor relativo de água e extravasamento de eletrólitos em fase juvenil da cultura do milho, respectivamente.

Os parentais P1, P2 (POPTOL 2), P4 e P7 se destacaram quanto à CGC para a variável TRA e EE em condições de déficit hídrico. Assim, sugere-se utilizá-los para exploração de população base de melhoramento para o desenvolvimento de novas cultivares tolerantes ao déficit hídrico.

Agradecimentos

Universidade Federal de Sergipe - UFS, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Semiárido, Grupo de Estudos em Melhoramento Vegetal do Semiárido – GEMS e ao Instituto Agronômico de Campinas - IAC.

Autoria: JFS, HRA, BN, JS, JJFC e GHF realizaram o experimento. MP, JFS, BN, JS e HRA realizaram as análises fisiológicas e coleta de dados. MEB e GHF projetaram a análise de água para irrigação. JFS realizou análises estatísticas e escreveu o artigo. GHF projetou o estudo e revisou criticamente o artigo. MEAGZP forneceu material genético para a pesquisa.

Apoio Financeiro: Este trabalho foi financiado pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, 001.

Conflitos de Interesse: Os autores declaram que não há conflitos de interesse.

Aprovação Ética: Não aplicável.

4.6. Referências

- Adewale SA, Akinwale RO, Fakorede MAB and Badu-apraku B** (2018) Genetic analysis of drought-adaptive traits at seedling stage in early-maturing maize inbred lines and field performance under stress conditions. *Euphytica* **214**, 1-18.
- Anjum SA, Ashraf U, Tanveer M, Khan I, Hussain S, Shahzad B, Zohaib A, Abbas F, Seleem MF, Ali I and Wang LC** (2017) Drought induced changes in growth, osmolyte accumulation and antioxidant metabolism of three maize hybrids. *Frontiers in plant science* **8**, 1-12.
- Baker RJ** (1978) *Issues in Diallel Analysis*. Crop Science.
- Barrs HD, Weatherley PE** (1962) A re-examination of the relative turgidity technique for estimating water deficits in leaves. *Australian Journal of Biological Sciences* **15**, 413-428.
- Carvalho HWL, Leal MLS, Santos MX, Souza EM** (2003) Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* **38**, 73-78.
- Castro LL** (2020) Capacidade de combinação de híbridos simples de milho e interação com épocas de plantio. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás.
- Coelho IF** (2019) Análise dialélica multi-ambiente no melhoramento do milho. Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais.
- Coelho IF, Alves RS, Rocha JRASC, Peixoto MA, Teodoro LPR, Teodoro PE, Pinto JFN, Reis EF and Bhering** (2020). Multi-trait multi-environment diallel analyses for maize breeding. *Euphytica* **216**, 2-17.
- Cruz CD, Regazzi AJE and Carneiro PCS** (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, MG: Viçosa, MG: Imprensa Universitária.
- Cruz CD** (2005) *Princípios de genética quantitativa*. Viçosa, MG: Imprensa Universitária.
- Cruz CD, Regazzi AJ and Carneiro PCS** (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, MG: Imprensa Universitária.
- Griffing B** (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Science* **9**, 463-493.
- Gurgel FL, Ferreira DF and Soares ACSE** (2013) *O Coeficiente de Variação como Critério de Avaliação em Experimentos de Milho e Feijão*. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental.
- Hothorn T, Bretz F, Westfall P** (2008) Simultaneous Inference in General Parametric Models. *Biometrical Journal* **50**, 346–363.

- Howell TA, Schneider AD and Jensen ME** (1991) History of lysimeter design and use for evapotranspiration measurements. Lysimeter for evapotranspiration and environmental measurements, New York: *American Society of Civil Engineers* 1-9.
- Kebede H, Sui R, Fisher DK, Reddy KN, Bellaloui N and Molin WT** (2014) Corn yield response to reduced water use at different growth stages. *Agricultural Sciences* **5**, 1305-1315.
- Lima VJD, Amaral Júnior ATD, Kamphorst SH, Bispo RB, Leite JT, Santos TDO, Schmitt KFM, Oliveira UAD, Santos PHAD, Gonçalves GMB, Khan S and Guimarães LJM** (2019) Dominância Combinada e Efeitos Aditivos de Genes na Herança de Traços de Milho Pipoca Irrigado e Estressado pela Seca. *Agronomy* **9**, 1-17.
- Meeks M, Murray SC, Hague S and Hays D** (2013) Measuring maize seedling drought response in search of tolerant germplasm. *Agronomy* **3**, 135–147.
- Olivoto T and Lúcio AD** (2020) “Metan: an R package for multi-environment trial analysis”. *Methods in Ecology and Evolution* **11**, 783-789.
- Onofri A, Terzaroli N and Russi L** (2020) “Linear models for diallel crosses: a review with R functions,” *Theoretical Applied Genetics* **134**, 585–601.
- Paterniani, MEAGZ, Bernini CS, Guimarães PS and Rodrigues CS** (2019) Estratégias de melhoramento para tolerância à seca em germoplasma de milho tropical. *Singular Meio Ambiente e Agrárias* **1**, 19-24.
- Peixoto CP, Almeida AT, Oliveira ER, Santos JMS, Peixoto MFSP and Poelking VGC** (2020) *Princípios de Fisiologia Vegetal: teoria e prática*. Rio de Janeiro, RJ: Pod editora.
- Peloso AF, Tatagiba SD, Reis EF, Pezzopane JEM and Amaral JFT** (2017) Limitações fotossintéticas em folhas de cafeeiro arábica promovidas pelo déficit hídrico, *Coffee Science* **12**, 389 – 399.
- R Core TR** (2018) *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing. Disponível online em: <https://www.R-project.org> (Acessado em 20 de outubro de 2022)
- Rocha DS, Rodrigues CS, Gallo PB, Ticelli M and Paterniani MEAGZ** (2021) Drought tolerance in intervarietal maize hybrids. *Revista Caatinga* **34**, 80 -89.
- Schonfeld MA, Johnson RC, Carver BF and Mornhinweg DW** (1988) Water Relations in Winter Wheat as Drought Resistance Indicators. *Crop Science* **28**, 526-531.
- Souza MF** (2020) Promoção do crescimento e tolerância ao estresse hídrico em plantas de milho inoculadas com *Herbaspirillum seropedicae*. Dissertação de Mestrado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro.

Soares MO, Miranda GV, Guimarães LJ M, Marriel IE, Guimarães CT (2011)

Parâmetros genéticos de uma população de milho em níveis contrastantes de nitrogênio. *Revista Ciência Agronômica* **42**, 168-174.

Wang Y, Guo H, Wu X, Wang J, Li H and Zhang R (2022) Transcriptomic and

physiological responses of contrasting maize genotypes to drought stress. *Frontiers in Plant Science* **13**, 1-14.

Zhang Q, Liu H, Wu X and Wang W (2020) Identification of drought tolerant mechanisms

in a drought-tolerant maize mutant based on physiological, biochemical and transcriptomic analyses. *BMC Plant Biology* **20**, 1-14.

5. ARTIGO 2

POPTOL2 - POPULAÇÃO DE MILHO TOLERANTE À SECA: ANÁLISE DO POTENCIAL GENÉTICO EM REGIÃO SEMIÁRIDA

Artigo será submetido e está formatado de acordo com as normas do periódico (Plant and Soil)

Jacilene Francisca Souza Santos¹, Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira², José Jairo Florentino Cordeiro Junior², Henrique Rocha Azevedo Santos³, Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani⁴

¹ J. F. S. Santos, Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe, Avenida Marechal Rondon Jardim, s/n. 49100-000, Rosa Elze, São Cristóvão, Sergipe, Brasil. <https://orcid.org/0000-0001-5109-3663>

² G. H. F. Oliveira, Departamento de Engenharia Agrônômica do Sertão, Universidade Federal de Sergipe, Avenida Vinte e Seis de Setembro, 1126. 49680-000, Nova Esperança, Nossa Senhora da Glória, Sergipe, Brasil. <https://orcid.org/0000-0002-3839-6261>

² J. J. F. Cordeiro Junior, Professor do Departamento de Engenharia Agrônômica do Sertão, Universidade Federal de Sergipe, Avenida Vinte e Seis de Setembro, 1126. 49680-000, Nova Esperança, Nossa Senhora da Glória, Sergipe, Brasil. <https://orcid.org/0000-0002-1138-8309>

³ H. R. A. Santos, Departamento de Engenharia Agrônômica do Sertão, Universidade Federal de Sergipe, Avenida Vinte e Seis de Setembro, 1126. 49680-000, Nova Esperança, Nossa Senhora da Glória, Sergipe, Brasil. <https://orcid.org/0000-0001-6940-022X>

⁴ M. E. A.G. Z. Paterniani, Instituto Agrônômico, Instituto Agrônômico, Centro de Grãos e Fibras, Avenida Barão de Itapura, 1481, CEP 13020-902, Campinas, São Paulo, Brasil. <https://orcid.org/0000-0002-1310-8761>

RESUMO

A seleção de genótipos com tolerância à seca constitui uma estratégia fundamental para o cultivo de milho em áreas com limitações hídricas, sendo viabilizada por meio da utilização de cultivares adaptadas às condições climáticas adversas. Objetivou-se neste trabalho explorar, por meio de cruzamentos dialélicos, o potencial genético da variedade de polinização aberta e tolerante a seca, POPTOL2 quanto ao desenvolvimento de novas variedades de milho em condições semiáridas. A POPTOL2 foi avaliada em combinação com cultivares comerciais adaptadas a região alvo por meio de cruzamentos dialélicos. Avaliou-se 28 combinações híbridas, provenientes de um dialelo constituído de 8 genitores e 5 testemunhas comerciais. As variáveis analisadas foram: alturas da planta e de espiga, florescimentos masculino e feminino e produtividade de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância, e posteriormente análise da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). Houve significância para todas as variáveis analisadas, constatando a variabilidade fenotípica a ser explorada para seleção de genótipos. Os valores para os quadrados médios da CGC foram significativos para todas as variáveis, indicando que os efeitos gênicos aditivos são importantes no controle da expressão dessas características. As variáveis analisadas, indicaram que o POPTOL2 tem variabilidade genética para ser explorada para a formação de uma população base. Sugere-se reduzir o tempo de florescimento dessa variedade, característica importante para a região semiárida. O POPTOL2 mostrou-se favorável a ser incorporado em

programa de seleção recorrente intrapopulacional, a fim de permitir a adaptação do material genético na região semiárida de Sergipe.

Palavras-chave: *Zea mays* L., genes aditivos, seleção parental, dialelo.

***Autor correspondente:** Gustavo Hugo F. Oliveira, Email: gustavooliveira@academico.ufs.br

5.1. Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é uma das culturas mais difundidas no mundo, devido à sua diversidade em termos de aplicação e importância econômica. No entanto, a cultura é vulnerável à deficiência hídrica, o que pode afetar significativamente seu desenvolvimento, causando reduções no crescimento radicular, produção de matéria seca e área foliar. Tais mudanças podem levar a distúrbios metabólicos que, por sua vez, resultam em uma redução da produtividade (Peixoto 2020). Essas condições são observadas em todas as regiões produtoras de milho do Brasil, especialmente na região Nordeste, onde as áreas de cultivo em sequeiro são mais frequentes. Portanto, é fundamental investir em tecnologias e cultivares adaptadas, visando minimizar os efeitos da restrição hídrica na produção de milho nessa região.

Esse cenário foi abordado por Paterniani et al. (2019), que aponta a necessidade de avanços tecnológicos para garantir a sustentabilidade da produção de milho em regiões com limitações hídricas. Diante das adversidades climáticas na região nordestina, a escolha dos híbridos simples como testemunha neste trabalho, ocorreu devido a sua adaptabilidade a região e por serem materiais utilizados frequentemente pelos produtores da região do Agreste e Alto Sertão.

Nesse contexto, as regiões produtoras de milho do Nordeste, presentes em área de clima semiárido, conhecido como área de dinâmica pluvial, com chuvas torrenciais e mal distribuídas, carecem de estudos que envolvam o melhoramento da cultura, visando o desenvolvimento de novos cultivares adaptados às condições de estresse biótico e abióticos, característico da região. Assim, programas de melhoramento genético para a acultura do milho tolerantes a seca, nessas regiões, mostram-se em consonância com o planejamento integrado do uso da terra, potencializando a sustentabilidade ecológica, social, bem como a produção agrícola, pecuária e a erradicação da pobreza, alinhando-se com os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável no Brasil (ODS), estabelecidos pela Organização das Nações Unidas (ONU 2023).

Uma das principais estratégias de minimizar as perdas no cultivo de milho nessas regiões, e ao mesmo tempo, aumentar a produtividade, é a seleção de genótipos tolerantes à seca. Populações que podem desempenhar um papel importante na garantia da segurança alimentar em regiões vulneráveis à escassez hídrica. Genes podem ser incorporados em populações melhoradas em regiões semiáridas por meio de programas de melhoramento de milho sendo uma fonte significativa de genes latentes para a tolerância ao déficit hídrico (Rocha et al. 2021). A POPTOL 2 apresenta uma série de características genéticas, fisiológicas e de produtividade que podem ser utilizadas para favorecer o desenvolvimento de novas populações adaptadas às condições específicas dessas regiões (Guimarães et al. 2014).

Genótipos superiores podem ser selecionados por meio de técnicas de melhoramento genético convencional ou por meio de técnicas modernas. Além disso, é possível utilizar métodos de seleção baseados em características morfológicas, fisiológicas e bioquímicas, bem como marcadores moleculares associados às características de interesse na obtenção de uma nova população adaptada a regiões susceptíveis a seca (Paterniani et al. 2019; Bernini et al. 2020). A análise dialélica é uma metodologia frequentemente utilizada em programas de melhoramento de plantas para identificar os melhores genitores e direcionar cruzamentos visando obter genótipos superiores na geração F1 (Griffing, 1956; Cruz et al. 2004). Através da análise dialélica, é possível avaliar as capacidades geral de combinação (CGC) e específica de

combinação (CEC) dos genitores, o que auxilia na seleção de genitores para formação de uma população base com grande potencial genético, ou mesmo cruzamentos específicos para geração de híbridos (Griffing, 1956).

A capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) são importantes na análise dialélica. A CGC refere-se à capacidade dos genitores de transmitir características desejáveis para a progênie que sejam majoritariamente controladas por genes com ação aditiva, independentemente do cruzamento. Enquanto a CEC está relacionada à capacidade de interação entre os genitores em um cruzamento específico, permitindo explorar os efeitos de dominância dos alelos (Griffing 1956). Dessa forma, a análise dialélica é uma ferramenta importante para os programas de melhoramento de plantas, permitindo a produção de cultivares mais produtivas e adaptadas às condições ambientais específicas.

Com a utilização de novas tecnologias, a análise dialélica tem sido aprimorada e continua sendo uma técnica essencial para o desenvolvimento de novas variedades e híbridos de milho. Ademais, pesquisas voltadas para a seleção de genótipos com resultados significativos para a produtividade, podem ser indicadas por Carvalho et al. (2020), ao demonstrarem potenciais cruzamentos genéticos por meio do cruzamento dialélico para obtenção de progênies com potencial produtivo de milho para o semiárido.

Assim, o objetivo desta pesquisa é explorar, por meio de cruzamentos dialélicos, o potencial genético da variedade de polinização aberta e tolerante a seca, POPTOL 2 quanto ao desenvolvimento de novas variedades de milho em condições semiáridas

5.2. Material e métodos

5.2.1. Material genético

Para a obtenção dos híbridos dialélicos, foi utilizado o cruzamento dialélico completo com 8 genitores, seguindo o método 2 (genitores e cruzamentos), modelo 1 proposto por Griffing (1956), onde são inclusos $n(n-1)/2$ sem a presença dos recíprocos (Tabela 1), o que resultou em um conjunto de 28 combinações híbridas. Para que os cruzamentos fossem realizados, foram semeadas quatro linhas de fêmeas e duas linhas de macho, sendo as linhas de macho semeadas em duas épocas, cada época com intervalo de cinco dias, a fim de favorecer a sincronia de disponibilidade de pólen e o florescimento feminino. As espigas foram protegidas com saco plástico antes da emissão do estilo estigma e na ocasião da dispersão de pólen, o pendão foi protegido com saco de papel Kraft por 24 horas e as espigas foram polinizadas e identificadas. Os cruzamentos foram realizados sempre durante o período mais quente do dia e as linhas de fêmea polinizada foram colhidas em bulk, identificadas e armazenadas em câmara fria para posteriores avaliação.

Tabela 1. Características agrônômicas dos oito genótipos experimentais e comerciais, utilizados como genitores no cruzamento dialélico completo com 8 genitores, em ambiente sequeiro na safra de 2022

Cultivares						
Genótipos	Classe genética	Ciclo	Fase	Mantenedor	Porte	Grão
P2 (POPTOL 2)	V	Tardio	-	IAC	-	Semidentado
P3	HS	-	Experimental	GENEZE	-	-
P4	HS	-	Experimental	GENEZE	-	-
P5 (IAC AIRAN)	V	Precoce	Comercial	IAC	205-230 cm	Semidentado
P6	HS	Precoce	Comercial	KWS	240-260 cm	Semiduro
P7	HS	Precoce	Comercial	KWS	240-260 cm	Semiduro
P8	HS	-	Experimental	GENEZE	-	-
P9	HS	Precoce	Comercial	KWS	230-240 cm	Semiduro

Tipo: HS - Híbrido Simples, V- Variedade.

5.2.2. *Condução experimental*

O experimento foi realizado entre os meses de julho a novembro de 2022, na fazenda experimental da Embrapa-Semiárido, situada no município de Nossa Senhora da Glória-SE (10°13'06" S 37°25'13" O e 291 m). O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com duas repetições, considerando 41 tratamentos, sendo: 28 híbridos, 8 genótipos parentais e 5 híbridos simples adaptados a região, como testemunha. Cada parcela foi constituída por duas linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,20 m entre plantas e 0,70 m entre linhas.

Os tratamentos culturais utilizados no experimento, foram realizados de acordo com a análise de solo. A semeadura foi manual e a adubação empregada na fundação foi equivalente a 250 kg/ha da fórmula 06-24-12, de acordo com a análise de fertilidade do solo. Para a adubação de cobertura, foram usados 100 kg/ha de N por meio do sulfato de amônio, 35 dias após semeadura. O controle de pragas e plantas daninhas foi realizado quando necessário.

Foram avaliadas características morfológicas e de pós-colheita, sendo: Altura da espiga (AE): média de cinco plantas aleatórias da parcela, aferido sempre do nível do solo até a inserção da espiga principal em metros (m); Altura de planta (AP): altura média de cinco plantas aleatórias da parcela, aferido do nível do solo até a inserção da folha bandeira, expressos em metros (m); Florescimento masculino (FM): expressos em número de dias a partir da data do plantio até 50% das plantas da parcela liberando pólen; Florescimento feminino (FF): expressos em número de dias a partir da data do plantio até 50% das plantas da parcela exibindo estilo-estigmas e Produtividade de grãos (PG): peso de grãos colhidos de toda área útil da parcela, transformados em kg/ha pelo método de Zuber (Zuber et al. 1942) ajustado a 13% de umidade e apresentado em toneladas por hectare.

5.2.3. *Análises genético- estatística*

5.2.3.1. *Análise de variância*

Os dados foram submetidos à análise de variância (ANAVA) e após a retirada das testemunhas do banco de dados, os graus de liberdade de tratamentos foram desdobrados em CGC e CEC, com base no método 2 proposto por Griffing (1956), para determinação do grau de contribuição parental. As avaliações foram feitas através dos pacotes *lmDiallel*, *multcomp* e *metan* no software R (Hothorn et al. 2008; R Core. 2018; Olivoto e Lúcio 2020; Onofri et al. 2021).

5.2.3.2. *Análise dialélica*

As análises genéticas foram realizadas utilizando o esquema de dialelo completo, caracteriza-se pela inclusão dos materiais parentais e todos os híbridos F1 resultantes dos cruzamentos entre si, dois a dois, destes materiais, onde são inclusos $n(n-1)/2$ sem a inclusão dos recíprocos, seguindo o método 2, modelo 1 proposto por Griffing (1956). Os efeitos de capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação foram testados utilizando o teste F e os desvios padrão estimados pela raiz quadrada das variâncias da CGC e CEC. A proposta de Griffing (1956) analisa a tabela dialélica decompondo a média nos seguintes efeitos (equação 1):

$$v_{ij} = \mu_x + g_i + g_j + s_{ij} + \frac{1}{b} \sum_k b_k + \frac{1}{b} \sum_k (bv)_{ijk} + \frac{1}{bc} \sum_k \sum_l e_{ijkl} \quad (1)$$

onde, v_{ij} = valor fenotípico médio observado na parcela para o i-ésimo genótipo na j-ésima repetição; μ_x = efeito da média geral; $g_i + g_j$ = efeitos da capacidade geral de combinação

(CGC), associados ao i -ésimo e j -ésimo genitor, respectivamente; s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação (CEC) dado que $s_{ij} = s_{ji}$; k = número de blocos variando de 1, ... , b ; bv = efeito da interação blocos x genótipos; $c = p^2 - p + 1$ sendo p o número de genitores; e_{ijkl} = é o erro aleatório médio associado as observações ijkl. Neste modelo considera-se que $\sum_i g_i = 0$ e $\sum_{i \neq j} s_{ij} = 0$ (para cada j) são impostas nos efeitos da capacidade de combinação.

A importância relativa dos efeitos de CGC e CEC foram estimados de acordo com o descrito por Baker (1978), a saber: $IR = \frac{2\sigma_{GCA}^2}{2\sigma_{GCA}^2 + 2\sigma_{CEC}^2}$, onde IR é a importância relativa, $2\sigma_{GCA}^2$ e $2\sigma_{CEC}^2$ são os efeitos da variância derivados da soma de quadrado da CGC e CEC respectivamente.

5.3. Resultados

5.3.1. Análise de variância

Houve diferença significativa entre os genótipos para as variáveis morfológicas estudadas, demonstrando que há variabilidade entre os genótipos (Tabela 2). O coeficiente de variação experimental (CV%) demonstrou valores entre 1,9 % e 18,69 % entre as variáveis analisadas estando dentro do aceitável para a cultura do milho (Gurgel et al. 2013).

Tabela 2. Quadrado médio da análise de variância (ANAVA) referentes aos caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e produtividade de grãos (PG) dos genótipos de milho avaliados. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022.

FV	GL	QM				
		AP(m)	AE (m)	FM (dias)	FF (dias)	PG (kg/ha)
Genótipos	40	0,034*	0,020*	2,637*	7,524***	746308*
Bloco	1	0,332***	0,237***	4,402	16,695*	5180441***
Resíduo	40	0,020	0,012	1,477	2,570	409355
CV (%)		7,03	10,52	1,9	2,48	18,69
Média		2,00	1,03	63,9	63,0	3451

***, ** Significativo a 0,001 e 0,05 de significância pelo teste F; CV: Coeficiente de variação.

5.3.2. Avaliação das médias dos parentais e híbridos

As médias das variáveis relativas aos genitores e aos híbridos dialélicos foram obtidas por meio do teste tukey ($p < 0,05$), para as variáveis AP, AE, FM, FF e PG (Tabela 3). Esse resultado, demonstra que há variabilidade entre os genótipos, e a possibilidade de seleção entre eles. Portanto, existe pelo menos um genótipo que se diferencia dos demais entre as variáveis analisadas.

Tabela 3. Médias dos genitores (P), híbridos (F1) e testemunhas (TESTE) de milho, relativos às variáveis altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e Produtividade de grãos (PG). Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022

GENITORES E HÍBRIDOS	AP(m)	AE (m)	FM (dias)	FF (dias)	PG (kg/ha)
F ₁ (P ₂ x P ₃)	1,97a	1,06ab	64a	65ab	3.498,3ab

F ₁ (P2 x P4)	1,89a	0,86ab	65a	66ab	2.302,7ab
F ₁ (P2 x P5)	2,03a	1,04ab	66a	70a	2.550,5ab
F ₁ (P2 x P6)	2,17a	1,12ab	63a	64ab	3.565,5ab
F ₁ (P2 x P7)	2,10a	1,16ab	64a	66ab	3.153,6ab
F ₁ (P2 x P8)	1,94a	1,02ab	64a	66ab	2.860,2ab
F ₁ (P2 x P9)	2,19a	1,19a	63a	63ab	3.856,6ab
F ₁ (P3 x P4)	1,91a	0,90ab	64a	64ab	3.053,6ab
F ₁ (P3 x P5)	2,16a	1,12ab	63a	63ab	3.657,8ab
F ₁ (P3 x P6)	2,01a	1,03ab	65a	66ab	3.213,9ab
F ₁ (P3 x P7)	2,10a	1,09ab	65a	65ab	3.593,1ab
F ₁ (P3 x P8)	1,72a	0,89ab	67a	69ab	1.990,6b
F ₁ (P3 x P9)	2,09a	1,05ab	63a	64ab	4.095,4ab
F ₁ (P4 x P5)	1,81a	0,90ab	63a	65ab	2.681,3ab
F ₁ (P4 x P6)	2,06a	1,02ab	63a	63b	3.368,1ab
F ₁ (P4 x P7)	2,00a	1,02ab	63a	63b	3.527,8ab
F ₁ (P4 x P8)	1,99a	1,02ab	63a	63ab	3.294,3ab
F ₁ (P4 x P9)	1,73a	0,71b	63a	63b	3.361,5ab
F ₁ (P5 x P6)	2,04a	1,10ab	64a	66ab	2.823,2ab
F ₁ (P5 x P7)	2,22a	1,14ab	63a	63ab	3.860,6ab
F ₁ (P5 x P8)	1,85a	1,01ab	64a	65ab	3.086,5ab
F ₁ (P5 x P9)	2,02a	1,01ab	63a	63b	3.956,5ab
F ₁ (P6 x P7)	2,00a	1,05ab	64a	64ab	3.110,7ab
F ₁ (P6 x P8)	1,73a	0,87ab	63a	63b	3.397,9ab
F ₁ (P6 x P9)	1,89a	0,93ab	63a	63b	2.907,7ab
F ₁ (P7 x P8)	2,05a	1,09ab	63a	63ab	3.764,4ab
F ₁ (P7 x P9)	1,95a	1,00ab	63a	63b	4.099,0ab
F ₁ (P8 x P9)	2,07a	1,11ab	64a	63b	4.122,7ab
P2 (POPTOL 2)	2,24a	1,22a	67a	69ab	2.603,4ab
P3	2,12a	1,08ab	63a	63ab	4.852,2a
P4	1,84a	0,92ab	63a	63b	3585,9ab
P5 (IAC AIRAN)	1,94a	1,06ab	66a	68ab	2586,8ab
P6	1,98a	1,00ab	63a	63ab	3385,3ab
P7	2,16a	1,14ab	63a	63b	4486,3ab
P8	1,87a	1,04ab	64a	63b	4089,9ab
P9	2,06a	0,98ab	63a	63b	3867,9ab
TESTE 1	1,90a	1,04ab	63a	63b	2884,3ab
TESTE 2	1,99a	1,18a	63a	63b	4174,4ab
TESTE 3	2,09a	1,11ab	63a	63b	4084,5ab
TESTE 4	1,91a	0,99ab	65a	65ab	3669,8ab
TESTE 5	2,10a	1,08ab	65a	67ab	3323,4ab

Médias com a mesma letra não diferenciam entre si pelo teste de Tukey a $p < 0,05$ de probabilidade

Para a variável AP, não houve diferenças significativas entre os genótipos utilizados. Mesmo utilizando variedades e híbridos simples já adaptados a região, suas médias não são contrastantes. Quando se trata da AE nota-se que houve diferenças significativas, onde a

variedade POPTOL2 apresentou, em média, a maior altura de espiga, mas não se diferiu dos demais genótipos utilizados, mesmo sendo híbrido simples e variedades. A variedade POPTOL2 apresenta alta estatura de planta e inserção de espiga, essa característica pode favorecer o tombamento de plantas no campo, o que é indesejável. Os cruzamentos realizados com o POPTOL2 proporcionaram a redução média da altura da espiga, principalmente quando cruzado com o P9. Uma observação importante, para esse cruzamento, é a característica de dupla aptidão, pois para as condições da região que foi inserido, utiliza-se a estratégia da produção de forragem ou rolão de planta inteira em épocas de estiagem.

Com relação ao florescimento, nota-se que não houve diferenças significativas para o FM. Porém quando analisados o FF, os resultados demonstram que o cruzamento entre as variedades F1 (P2 x P5), revelou ter a maior média, sendo que um dos genitores envolvidos no cruzamento é o POPTOL2. Isso mostra que no cruzamento entre as variedades estudadas nesse trabalho, geraram-se híbridos intervarietais tardios, não sendo uma combinação favorável às condições de cultivo no semiárido.

Nota-se também que o cruzamento entre variedade e híbrido simples F1 (P5 x P9), e entre híbridos simples como o F1 (P6 x P9), F1 (P7 x P9) e F1 (P8 x P9) apresentaram precocidade desejada. É importante mencionar que houve redução do florescimento feminino em todos os cruzamentos da POPTOL2 com híbridos. Ao avaliar a diferença entre os dias para o florescimento, nota-se que quanto menor for os dias, maior será a possibilidade de obtenção de uma variedade adaptada às condições do semiárido, aproveitando assim a limitação das chuvas. Sendo está uma característica importante para o desenvolvimento de genótipos com característica para tolerância a seca, desejada neste trabalho.

Com relação a produtividade de grãos, a POPTOL2 apresentou desempenho abaixo da média experimental, o que é esperado quando se compara variedade com híbridos simples. O POPTOL2 é uma variedade desenvolvida para o cultivo na região sudeste e é comum apresentar baixo desempenho em outra região, principalmente devido a interação do genótipo com o ambiente, em especial, por está sendo comparado com genótipos já adaptados à região alvo.

5.3.3. Análise Dialélica

As análises das capacidades combinatórias foram realizadas conforme o método 2, modelo 1 proposto por Griffing (1956). Os valores dos quadrados médios para a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, estão representados na Tabela 4. Verifica-se que houve diferença significativa para todas as variáveis para os efeitos da capacidade geral de combinação. Não foi observado efeitos da capacidade específica de combinação para as variáveis avaliadas, nas condições deste estudo.

Tabela 4. Quadrados médios da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) de cinco características agronômicas avaliadas nos genótipos parentais e híbridos interpopulacionais. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022

FV	GL	QM				
		AP	AE	FM	FF	PG
CGC	7	0,082**	0,053**	5,886**	21,839***	1595515**
CEC	28	0,026	0,014	1,850	4,331	567858
Resíduo	35	0,021	0,013	1,617	2,756	426761
CGC/(CGC+CEC)		0,76	0,79	0,76	0,83	0,74

***, **, *Significativo a $p < 0,001$ e $0,01$ e $0,05$. AP: Altura da planta, AE: altura da espiga, florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e produtividade de grãos (PG).

A análise dialélica indica a importância dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos para as variáveis estudadas. observou-se diferenças significativas entre os tratamentos para os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) quando comparados com os efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) para todas as variáveis estudadas. Esses resultados sugerem que os genitores diferem entre si na frequência dos alelos favoráveis devido aos efeitos gênicos aditivos, sua importância para a expressão desses caracteres, e seu potencial para a formação de novas populações.

A relação $CGC/(CGC+CEC)$ indica a superioridade no efeito da variância aditiva para todos os caracteres AP (0,76), AE (0,79), FM (0,76), FF (0,83) e PG (0,74) variando entre 0,74 e 0,83. Os valores mostram que a seleção de genótipos pode ser eficaz, pois há a predominância gênica aditiva. Esse resultado, concorda com os valores dos quadrados médios do CGC e CEC, onde o quadrado médio de CGC para todas as variáveis é superior que o QM do CEC. No entanto, valores significativos para a CEC não foram observados, sugerindo que os recursos sejam alocados para o desenvolvimento de variedades por meio do melhoramento intrapopulacional.

5.3.4. Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC)

A capacidade geral de combinação (CGC) é definida pelo comportamento médio de um genitor em combinações híbridas, e relacionado aos efeitos aditivos dos genes. Para contribuir com a expressão do caráter, as estimativas são classificadas como altas e positivas e altas e negativas, contribuindo e reduzindo a expressão da característica, respectivamente. Na tabela 5, os resultados sugerem um acréscimo nos dias de florescimento e altura da planta e redução da produtividade de grãos no genitor POPTOL2, no entanto, pode-se garantir efeito contrário com a seleção, tendo em vista a variabilidade existente. Assim, o melhoramento intrapopulacional na POPTOL2 pode ser efetivo para reduzir o florescimento e altura da planta e aumentar a produtividade de grãos garantindo ganhos genéticos expressivos com a seleção recorrente. Esse resultado também foi observado para o genitor P5 que também é uma variedade de polinização aberta. Em contrapartida, a autofecundação dos híbridos simples P7 e P9 mostrara-se promissora para obtenção de linhagens com precocidade e com expressiva produtividade de grãos.

Por ser uma população em equilíbrio, a magnitude das estimativas da CGC obtida para o genitor POPTOL 2 indicam que, existe variabilidade genética para ser explorada na formação de uma população base com grande potencial genético, possibilitando o sucesso do programa de melhoramento na obtenção de novas populações ou genótipos adaptados à região semiárida. Porém quando comparado seu potencial produtivo com os outros genitores, observa-se uma redução na média dessa variável, pois os demais genitores utilizados no ensaio experimental são híbridos simples, além de serem cultivares comerciais adaptados a região em que foi desenvolvido o trabalho. Pode-se, por tanto, atestar a contribuição desses híbridos como bons testadores do potencial genético das variedades avaliadas.

Tabela 5. Estimativa das capacidades geral de combinação (CGC) dos parentais de milho para os caracteres avaliados. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022

PARENTAIS	AP	AE	FM	FF	PG
P2 (POPTOL 2)	0,07*	0,06	0,70*	1,74***	-309,97*
P3	0,02	0,01	0,52	0,43	135,53
P4	-0,09**	-0,10***	-0,42	-0,63	-211,93
P5 (IAC AIRAN)	0,01	0,02	0,33	0,99*	-208,45
P6	-0,01	-0,01	-0,36	-0,45	-137,31
P7	0,08*	0,06*	-0,23	-0,63	340,58*
P8	-0,09**	-0,02	0,2	-0,07	-33,03

P9 0,01 -0,03 -0,73* -1,38*** 424,59**

***, **, * Significativo a 0,001, 0,01 e 0,05 de significância. AP: altura da planta, AE: altura da espiga; FM: florescimento masculino, FF: florescimento feminino e PG: produtividade de grãos.

Com base nas estimativas da CGC para as variáveis AP e AE, os resultados para o POPTOL2 sugerem sucesso na obtenção de novas populações com maior altura de plantas. Esse resultado é importante para o desenvolvimento de variedades com porte forrageiro, material requerido nas condições semiáridas. O mesmo ocorreu para o P7. Em contrapartida o P4 e P8 contribuem para a redução do caráter.

Para as variáveis relacionadas ao florescimento, os genitores POPTOL2 e P5 apresentaram valores positivos para a CGC tanto para o FM, quanto para o FF. Observa-se que todos os híbridos apresentam possibilidade de reduzir o florescimento, podendo-se obter genótipos mais precoces, pois já possuem tecnologia em seu desenvolvimento. Os resultados também sugerem que a melhor produtividade de grãos pode ser obtida por meio do desenvolvimento de genótipos mais precoces. Assim, o desenvolvimento de genótipos mais precoces a partir da POPTOL2 pode garantir variedades mais produtivas e tolerantes a seca, adaptadas em condições semiáridas.

5.3.5. Estimativa dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC)

A capacidade específica de combinação (CEC), refere-se à contribuição dos efeitos não aditivos na expressão do caráter, mostrando que a média de um cruzamento será diferente daquela esperada com base na performance das capacidades gerais dos genitores (Tabela 6).

Tabela 6. Estimativa das capacidades específica de combinação (CEC) dos cruzamentos dos híbridos de milho para os caracteres avaliados. Embrapa Semiárido, Nossa Senhora da Glória, 2022

GENÓTIPO	AP	AE	FM	FF	PG
F1 (P2 x P3)	-0,11	-0,03	-0,7	-1,74	313,89
F1 (P2 x P4)	-0,08	-0,12	0,73	0,82	-534,21
F1 (P2 x P5)	-0,05	-0,07	0,98	2,70*	-289,87
F1 (P2 x P6)	0,11	0,05	-1,33	-1,87	653,92
F1 (P2 x P7)	-0,05	0,01	0,05	0,32	-235,83
F1 (P2 x P8)	-0,04	-0,05	-0,39	-0,24	-155,63
F1 (P2 x P9)	0,12	0,13	-0,95	-1,43	383,2
F1 (P3 x P4)	-0,01	-0,02	-0,08	-0,37	-228,78
F1 (P3 x P5)	0,14	0,07	-1,33	-2,49*	371,85
F1 (P3 x P6)	0,01	0,01	0,86	1,45	-143,13
F1 (P3 x P7)	0,01	0,00	0,73	0,63	-241,9
F1 (P3 x P8)	-0,20*	-0,12	2,30**	4,07	-1470,75**
F1 (P3 x P9)	0,07	0,04	-0,27	0,38	176,49
F1 (P4 x P5)	-0,11	-0,04	-0,39	0,57	-257,16
F1 (P4 x P6)	0,17	0,11	-0,2	-0,49	358,47
F1 (P4 x P7)	0,02	0,04	-0,33	-0,3	40,26
F1 (P4 x P8)	0,18	0,12	-0,27	-0,37	180,43
F1 (P4 x P9)	-0,18	-0,18*	0,67	0,45	-209,96
F1 (P5 x P6)	0,04	0,06	0,55	0,88	-189,89
F1 (P5 x P7)	0,13	0,03	-0,58	-1,43	369,6
F1 (P5 x P8)	-0,07	-0,02	-0,52	-0,49	-30,9
F1 (P5 x P9)	0	-0,02	-0,58	-1,18	381,55

F1 (P6 x P7)	-0,06	-0,03	1,11	1,01	-451,39
F1 (P6 x P8)	-0,17	-0,13	-0,83	-1,05	209,41
F1 (P6 x P9)	-0,1	-0,06	0,11	0,26	-738,46
F1 (P7 x P8)	0,07	0,02	-0,45	-0,37	97,99
F1 (P7 x P9)	-0,13	-0,06	-0,02	0,45	-25
F1 (P8 x P9)	0,16	0,13	0,55	-0,12	372,28

***, **, * Significativo a 0,001, 0,01 e 0,05% de probabilidade. Altura da planta (AP), altura da espiga (AE), florescimento masculino (FM), florescimento feminino (FF) e produtividade (PG).

Observa-se que para todos os cruzamentos específicos em que o POPTOL2 foi inserido (P3, P6, P9), o potencial para obtenção de cruzamentos com maior produtividade de grãos, também foi identificado como os mais precoces. Vale ressaltar que a estimativa do efeito da CEC, juntamente com a estimativa do efeito da CGC para cada parental, fornece o valor genotípico de cada material, onde é possível classificar geneticamente os híbridos provenientes dos cruzamentos. A produção de uma topcross formado pela variedade Poptol e o P9 pode produzir genótipos precoces e aumentar a média da produtividade.

No entanto, estimativas negativas para a CEC também podem ser encontradas na Tabela 5, indicando que cruzamentos específicos para obtenção de híbridos intervarietais entre POPTOL2 e P5 não são sugeridos por reduzir a medida de produtividade e gerar híbridos mais tardios e plantas mais baixas. Cruzamentos com o P4, P7 e P8 podem produzir genótipos tardios e menos produtivos.

Com base nas características analisadas, observa-se que o parental POPOTOL2 apresentou-se como promissor no cruzamento específico para o florescimento feminino, contribuindo para a expressão do efeito aditivo em sua prole.

5.4. Discussão

Este estudo identificou diferenças significativas entre híbridos e variedades de milho quanto a produtividade de grãos, variáveis de crescimento e florescimento, quando cultivados em região semiárida. Além disso, o coeficiente de variação sugere uma acurada estimativa na média, indicando vantagem no processo de seleção de genótipos, visando o desenvolvimento de genótipos superiores e adaptados à região (Gurgel et al. 2013).

Conhecer a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação dos genótipos, a fim de identificar combinações híbridas superiores, pode auxiliar no emprego de metodologias para o melhoramento genético de plantas, ao identificar a ação gênica aditiva ou não aditiva envolvida na obtenção de híbridos ou populações superiores (Cruz et al. 2012). Os efeitos aditivos dos genes foram mais importantes que os efeitos não aditivos, mostrando que a obtenção de variedades em programas de melhoramento intrapopulacional são mais sugeridos do que a obtenção de híbridos, nesse cenário.

O cruzamento entre a POPTOL2 e híbridos simples, pode apresentar variabilidade para ciclos de desenvolvimento, podendo-se selecionar progênies com característica precoce ou tardias. Os resultados alcançados, presumem o conhecimento das capacidades de combinação, o que pode ajudar na formulação de estratégias para aprimorar técnicas de melhoramento, com o objetivo de obter ganhos genéticos, para o desenvolvimento de genótipos superiores em região semiárida (Cruz et al. 2004; Rocha et al. 2021).

O parental POPTOL2 apresentou CGC significativo e positivo, para os caracteres como: altura de planta, altura de espiga e florescimento feminino. Esta variedade é caracterizada como um dos genótipos promissores para a tolerância a seca em regiões adversas, em combinações intervarietais (Rocha et al. 2021). Estudos apontam que este pode ser um genótipo com genes latentes que podem ser desenvolvidos em regiões com baixa precipitação hídrica para o desenvolvimento de novas variedades de milho, como no caso do semiárido sergipano.

Conhecer o efeito do CEC nos cruzamentos auxilia na identificação das potenciais combinações para obtenção de genótipos superiores, como também na escolha de genitores para a formação de uma população base com grande potencial genético (Cruz et al. 2004). Diante desse estudo, ao analisar a variável FF, destacam-se os cruzamentos $F_1(P2 \times P5)$ e $F_1(P3 \times P5)$ o qual, estão duas variedades de população aberta e uma variedade com um híbrido simples, respectivamente. Nota-se que para o cruzamento entre variedades a estimativa para o CEC foi positiva, mostrando a variabilidade existente entre parentais com a contribuição da expressão. Porém quando analisado o cruzamento entre variedade e híbrido simples, verifica-se estimativa de CEC negativo para a mesma variável. Isso mostra que o efeito não aditivo atua na redução da expressão do caráter para essa variável na combinação.

No entanto, não houve superioridade dos efeitos genéticos não aditivos, sendo estes também importante para a expressão e exploração da heterose nos cruzamentos. As características relacionadas ao florescimento e produtividade podem ser incorporadas no desenvolvimento de novos genótipos.

A produtividade de grãos é um caráter controlado por muitos genes, sendo as interações alélicas caracterizadas como dominantes e sobredominantes, altamente influenciado pelo ambiente. Os resultados encontrados neste trabalho para condições de sequeiro, mostraram que o genitor POPTOL2 em cruzamentos com híbridos comerciais e variedade, não apresentou desempenho significativo para a produtividade. Ao utilizarem o POPTOL2 em cruzamentos com híbridos intervarietais, Rocha et al. (2021) apresentaram bom desempenho em ambiente com déficit hídrico, mesmo considerando 4391,1 kg/ha uma produtividade abaixo da média que foi de 5.359,79 kg/ha. Já Guimarães et al. (2014) constataram que o déficit hídrico não afeta a produtividade, quando avaliaram híbridos considerados tolerantes a seca denominados de TOL1 e TOL2.

Diante dos resultados obtidos, o genitor POPTOL2 apresenta vantagens significativas para a região por ser uma variedade de polinização aberta, e com isso, uma vasta variabilidade genética (Rocha et al. 2021), a qual pode ser uma alternativa promissora para a região, quando se trata da agricultura familiar. Uma vez que, sementes de híbridos simples apresenta um valor expressivo, e com o desenvolvimento de variedades com alto potencial genético como o POPTOL2, o valor dessas sementes seriam menores, beneficiando os pequenos produtores.

Deste modo, a seleção do POPTOL2 revela-se favorável quando sugerida para as variáveis AP e AE, ao contribuir com essas características na formação de novas variedades para o porte forrageiro. Isso mostra a capacidade deste genitor para dar início a uma população base, pois sua variabilidade genética torna-o eficiente em programa de melhoramento, para obtenção de variedades com alto potencial genético e posteriormente testá-lo em uma competição com outras variedades locais.

Os resultados obtidos neste estudo pressupõem que o genitor POPTOL2 possui um potencial significativo devido à sua ampla variabilidade genética. Portanto, é sugerido que esse genitor seja incorporado ao programa de melhoramento por meio do método de seleção recorrente intrapopulacional, a fim de permitir a adaptação do material genético na região semiárida de Sergipe.

Agradecimentos

Universidade Federal de Sergipe - UFS, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Semiárido, Grupo de Estudos em Melhoramento Vegetal do Semiárido – GEMS e ao Instituto Agrônomo de Campinas - IAC.

Financiamento

Este trabalho foi financiado pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES.

Interesses competitivos

Os autores não têm interesses financeiros ou não financeiros relevantes a divulgar.

Contribuição dos autores

Todos os autores contribuíram para a concepção e desenho do estudo. Realizaram o experimento por [Jacilene Francisca Souza Santos], [Henrique Rocha Azevedo Santos], [Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira] e [José Jairo Florentino Cordeiro Junior]. A realização das análises [Jacilene Francisca Souza Santos], [Henrique Rocha Azevedo Santos], [Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira]. O manuscrito foi escrito por [Jacilene Francisca Souza Santos]. A projeção do estudo e revisão crítica do manuscrito por [Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira]. desenvolveu o material genético junto ao programa de melhoramento de milho do IAC [Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani]. Todos os autores leram e aprovaram o manuscrito final."

Disponibilidade de dados

Os conjuntos de dados gerados e/ou analisados durante o estudo atual estão disponíveis com o autor correspondente mediante solicitação razoável.

5.5. Referências Bibliográficas

Abd-Elnaser M, Fazaa M, Saleh S, Abdelsalam M, Shawky M (2022) Evaluation of Inbred Lines of Maize in a Diallel Cross under Normal Condition and Drought Stress. Arab Universities Journal of Agricultural Sciences 2: 1-14. DOI:10.21608/AJS.2022.133765.1477

Bernini CS, Santos FAS, Silva DS, Figueiredo ZN (2020) Seleção fenotípica de híbridos de milho para ambientes de baixa altitude e déficit hídrico. Nativa 8: 172-177. <https://doi.org/10.31413/nativa.v8i2.9265>

Carvalho MN, Silveira ES, Menezes BS, Oliveira TRA, Oliveira GHF (2020) Caracterização e divergência genética de genótipos de milho com potencial forrageiro avaliados em região semiárida. Revista Agri-Environmental Sciences 6:1-13. <https://doi.org/10.36725/agries.v6i0.3659>

Chaudhari GR, Patel DA, Kalola AD, Kumar S (2023) Use of Graphical and Numerical Approaches for Diallel Analysis of Grain Yield and Its Attributes in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) under Varying Environmental Conditions. Agriculture 1: 171. <https://doi.org/10.3390/agriculture13010171>

Contini, E, Mota, MM, Marra R, Borghi E, Miranda RA, Silva AF, Silva DD, Machado JRA, Cota LV, Costa RV, Mendes SM (2019) Desafios do Agronegócio Brasileiro. Milho: caracterização e desafios tecnológicos. Embrapa Milho e Sorgo. Nota Técnica. Disponível via <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/195075/1/Milho-caracterizacao.pdf>

Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro, PCS (2004) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, Minas Gerais.

Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro PCS (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, Minas Gerais.

Griffing B (1956) Conceito de capacidade geral e específica de combinação em relação aos sistemas de cruzamento dialélico. *Australian Journal of Biological Sciences* 9: 463-493.

Guimarães PDS, Bernini CS, Pedroso FKJV, Paterniani MEAGZ (2014) Characterizing corn hybrids (*Zea mays* L.) for water shortage by principal components analysis. *Maydica* 59: 72-79.

Gurgel FL, Ferreira DF e Soares ACSE (2013) O Coeficiente de Variação como Critério de Avaliação em Experimentos de Milho e Feijão. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental. Disponível via: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/955896/1/BDP85.pdf>

Hothorn T, Bretz F, Westfall P (2008) Simultaneous Inference in general parametric models. *Biometrical Journal* 50: 346–363. <https://doi.org/10.1002/bimj.200810425>

Olivoto T, Lúcio AD (2020) “Metan: an R package for multi-environment trial analysis”. *Methods in Ecology and Evolution* 11: 783-789. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>

Onofri A, Terzaroli N, Russi L (2021) “Linear models for diallel crosses: a review with R functions,” *Theoretical Applied Genetics* 134: 585–601. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03716-8>

ONU-Organização Nacional das Nações Unidas (2023) Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS). Disponível em: < <https://brasil.un.org/pt-br/sdgs> >. Acesso em: 12 de abril, 2023.

Paterniani MEAGZ, Bernini CS, Guimarães PS, Rodrigues CS (2019) Estratégias de melhoramento para tolerância à seca em germoplasma de milho tropical. *Singular. Meio Ambiente e Agrárias* 1:19-24. <https://doi.org/10.33911/singular-maa.v1i1.48>

Peixoto CP, Almeida AT, Oliveira ER, Santos JMS, Peixoto MFSP, Poelking VGC (2020) *Princípios de Fisiologia Vegetal: teoria e prática*. Rio de Janeiro, Rio de Janeiro.

R Core TR (2018) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Disponível via: <https://www.R-project.org> (Acessado em 07 de fevereiro de 2023)

Rocha DS, Rodrigues CS, Gallo PB, Ticelli M, Paterniani MEAGZ (2021) Drought tolerance in intervarietal maize hybrids1. *Revista Caatinga* 34:80-89. <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252021v34n109rc>

Soares SL, Simon GA, Alvares RC, Silva FHDL (2023) Combining performance and estimated genetic diversity among soybean parents and F 1 populations. *Revista Ceres*, 70: 81-90. <https://doi.org/10.1590/0034-737X202370020010>

Viana JMS (2022) The impact of linkage disequilibrium and epistasis in the studies of inheritance based on Hayman’s diallel and generation mean analysis. *Euphytica* 5:63. <https://doi.org/10.1007/s10681-022-03010-2>

Zuber MS (1942) Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniform trial data. *Journal of the American Society of Agronomy* 1:30-47

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A CEC mostrou-se maior que a CGC para a variável TRA em ambiente protegido na fase juvenil.

Os parentais P1, POPTOL2, P8, P4 e P7 destacaram-se por apresentaram estimativas para a CGC positivas e altas para a variável TRA em condições de déficit hídrico em fase juvenil.

Em ambiente de sequeiro, para a variável FF os cruzamentos entre os cruzamentos em destaque, estão o $F_1(\text{POPTOL2} \times \text{P5})$ e $F_1(\text{P3} \times \text{P5})$, duas variedades de população aberta e uma variedade com um híbrido simples.

A obtenção de híbridos intervarietais entre POPTOL2 e P5 não são sugeridos por reduzirem a média de produtividade e gerar híbridos mais tardios e plantas mais baixas.

Cruzamentos com a população POPTOL2 com os híbridos simples P4, P7 e P8 podem produzir genótipos tardios e menos produtivos.

A produção de uma topcross formado pela variedade POPTOL2 e o P9 pode produzir genótipos precoces e aumentar a média da produtividade.

A POPTOL2 apresenta variabilidade genética a ser explorada, como população base.