

JOSÉ HENRIQUE ANDRADE FEITOSA

**CARACTERIZAÇÃO MORFOFISIOLÓGICA DA TOLERÂNCIA AO ESTRESSE
SALINO EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE MILHO EM FASE
VEGETATIVA**

Trabalho de Conclusão de Curso

JOSÉ HENRIQUE ANDRADE FEITOSA

**CARACTERIZAÇÃO MORFOFISIOLÓGICA DA TOLERÂNCIA AO ESTRESSE
SALINO EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE MILHO EM FASE
VEGETATIVA**

Trabalho de Conclusão do Curso de Graduação
em Engenharia Agrônoma da Universidade
Federal de Sergipe, como requisito parcial à
obtenção do título de bacharel em Engenharia
Agrônoma.

Orientador: GUSTAVO HUGO FERREIRA DE OLIVEIRA
Coorientador: JOSÉ JAIRO FLORENTINO CORDEIRO JUNIOR

CARACTERIZAÇÃO MORFOFISIOLÓGICA DA TOLERÂNCIA AO ESTRESSE SALINO EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE MILHO EM FASE VEGETATIVA

Este documento foi julgado adequado como requisito parcial à obtenção do título de bacharel em Engenharia Agrônômica.

Aprovado em: 18/12/2025

Banca examinadora:



Documento assinado digitalmente

GUSTAVO HUGO FERREIRA DE OLIVEIRA

Data: 23/02/2026 19:16:25-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira, Doutor
Universidade Federal de Sergipe



Documento assinado digitalmente

JOSE JAIRO FLORENTINO CORDEIRO JUNIOR

Data: 23/02/2026 19:18:05-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

José Jairo Florentino Cordeiro Junior, Doutor
Universidade Federal de Sergipe



Documento assinado digitalmente

BARBARA NASCIMENTO SANTOS

Data: 24/02/2026 08:49:25-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Barbara Nascimento Santos, Eng^a Agrônoma
Universidade Federal de Sergipe



Documento assinado digitalmente

JADSON DOS SANTOS TEIXEIRA

Data: 24/02/2026 08:58:13-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Jadson dos Santos Teixeira, Doutor
Universidade Federal de Alagoas

Sumário	
Resumo	1
Abstract	2
1. Introdução	3
2. Material e Métodos	4
2.1 Localização e desenho experimental	4
2.2 Instalação e condução do experimento	6
2.3 Parâmetros de avaliação experimental	7
2.3.1 Análise morfológica e biomassa	7
2.3.2 Análise fisiológica	8
2.4 Análise estatística	9
2. Resultados e discussão	10
3.1 Análise de variância	10
3.2 Análise de correlação de Person	11
3.3 Teste de média	13
3.3.1 Desempenho dos genótipos a diferentes níveis de salinidade	14
3.3.2 Percentual de redução em meio salino e STI	14
3.4 Análise de componentes principais (PCA)	15
Referências	21
APENDICE	25

LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS

ANAVA	Análise de Variância
APX	Ascorbato peroxidase
C1	Condutividade elétrica em 0,14 ds m ⁻¹
C2	Condutividade elétrica em 3,0 ds m ⁻¹
CAT	Catalase
CE	Condutividade Elétrica
CV	Coefficiente de Variação
DAP	Dias após o plantio
DC	Diâmetro do colmo
dS m ⁻¹	Deci-siemens por metro
EE	Extravasamento de eletrólito
EROs	Espécies reativas de oxigênio
FM	Número de folhas mortas
FV	Número de folhas vivas
FV/Fm	Razão do número de folhas vivas e mortas
HS	Híbrido simples
MF_C	Massa fresca do colmo
MF_F	Massa fresca da folha
MF_R	Massa fresca da raiz
MS_C	Massa seca do colmo
MS_F	Massa seca da folha
MS_R	Massa seca da raiz
PCA	Análise de Componentes Principais
PMI	População de meios-irmãos
SOD	Superóxido dismutase
TRA	Teor Relativo de Água

ARTIGO

CARACTERIZAÇÃO MORFOFISIOLÓGICA DA TOLERÂNCIA AO ESTRESSE SALINO EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE MILHO EM FASE VEGETATIVA

José Henrique Andrade Feitosa^{1,1}, Carla Nayara da Silva Lima^{1,2}, Mario Sergio Rodrigues Barreto^{1,3}, Tâmara Rebecca Albuquerque de Oliveira^{1,4}, José Jairo Florentino Cordeiro Junior,^{1,5} Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira^{1,6}.

Periódico a ser submetido na Revista Crop Breeding and Applied Biotechnology (CBAB)

Resumo

A salinidade constitui um dos principais desafios para a produção agrícola em regiões semiáridas, onde o milho (*Zea mays* L.) se destaca como uma das culturas mais cultivadas. Embora a irrigação e o uso de fertilizantes possam amenizar os efeitos do déficit hídrico e nutricional, a salinidade da água utilizada e do fertilizante pode comprometer o crescimento e o desenvolvimento das plantas. Diante disso, o presente estudo teve como objetivo caracterizar o potencial das progênies de meios-irmãos de milho sob diferentes níveis de salinidade, visando identificar genótipos mais adaptados ao estresse salino. O experimento foi conduzido em ambiente protegido na fazenda experimental do Campus do sertão em Nossa Senhora da Gloria-SE, no ano de 2024. Foi utilizado um delineamento em blocos casualizados, em esquema fatorial 21 x 2 com três repetições, totalizando 126 parcelas. Foram avaliadas variáveis fisiológicas e morfológicas sob fase vegetativa sendo submetidas a análise de variância e componentes principais. A análise de variância indicou efeitos significativos para genótipos, salinidade e interação, principalmente na massa fresca e seca da folha. Na análise de componentes principais os genótipos G2, G6, G21 e G35 destacaram-se pelo maior acúmulo de biomassa e eficiência hídrica. Portanto, é evidenciado alta variabilidade genética e potencial para seleção de materiais tolerantes à salinidade.

Palavras-chave: Análise de variância; PCA; Semi-árido; variabilidade genética; *Zea mays* L.

¹ Graduando (a) em Engenharia Agrônoma do Departamento em Engenharia Agrônoma do Sertão, Universidade Federal de Sergipe, Nossa Senhora da Glória, SE, Brasil. E-mail:henriquejf18@academico.ufs.br^{1,1}, mzs.esc@academico.ufs.br^{1,2}

² Doutoranda em Agricultura e Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, Brasil. Email: carlanayalarir@gmail.com.

³. Doutora em Genética e melhoramento de plantas, Universidade Federal de Sergipe, Nossa Senhora da Glória, SE, Brasil. E-mail: tamara_rebecca@hotmail.com

⁴. Doutor em Engenharia Agrícola e Professor Adjunto, Universidade Federal de Sergipe, Nossa Senhora da Glória, SE, Brasil. E-mail: jairofcordeiro@academico.ufs.br

⁵. Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas e Professor Adjunto, Universidade Federal de Sergipe, Nossa Senhora da Glória, SE, Brasil. E-mail: gustavooliveira@academico.ufs.br

Abstract

Salinity is one of the main challenges for agricultural production in semi-arid regions, where maize (*Zea mays* L.) stands out as one of the most cultivated crops. Although irrigation and the use of fertilizers can mitigate the effects of water and nutritional deficit, the salinity of the water used and fertilizer can compromise the growth and development of plants. Therefore, the present study aimed to characterize the potential of maize half-sib progenies under different salinity levels, aiming to identify genotypes more adapted to salt stress. The experiment was conducted in a protected environment at the experimental farm of the Sertão Campus in Nossa Senhora da Glória-SE, in 2024. A randomized block design was used, in a 21 x 2 factorial scheme with three replications, totaling 126 plots. Physiological and morphological variables were evaluated under vegetative phase and submitted to analysis of variance and principal components. The analysis of variance indicated significant effects for genotypes, salinity and interaction, mainly on fresh and dry leaf mass. In the principal component analysis, the genotypes G2, G6, G21 and G35 stood out for their greater biomass accumulation and water efficiency. Therefore, high genetic variability and potential for selection of salinity-tolerant materials are evidenced.

Keywords: Analysis of variance; PCA; semi-arid; genetic variability; *Zea mays* L.

1. Introdução

O milho (*Zea mays* L.) é uma das culturas de maior relevância para o agronegócio brasileiro, destacando-se pela sua importância econômica e pela segurança alimentar que proporciona. O Brasil está entre os maiores produtores e exportadores mundiais, com produção superior a 126 milhões de toneladas de grãos na safra 2024/2025 e consumo interno aproximado de 75 milhões de toneladas anuais (Guimarães, 2024).

No Nordeste brasileiro, a cultura assume papel fundamental na produção agrícola regional devido à sua adaptabilidade a diferentes condições edafoclimáticas e à demanda hídrica moderada, estimada em cerca de 500 mm por ciclo. Entretanto, nas regiões semiáridas, fatores climáticos como o déficit hídrico e altas temperaturas afeta negativamente o desenvolvimento das plantas e a produtividade da cultura (Francisco *et al.*, 2023). Apesar dessas limitações, o estado de Sergipe apresentou uma das maiores produtividade média do Nordeste na safra 2024/2025 2022/2023, com 5.078 kg/ha⁻¹, juntamente com o Maranhão (5.089 kg/ha⁻¹), evidenciando o potencial produtivo regional mesmo sob condições adversas (CONAB, 2024).

Entretanto, além das limitações climáticas, destaca-se como um dos principais desafios ambientais enfrentados pela produção agrícola, a salinidade do solo e da água de irrigação, que afetam negativamente o desenvolvimento do milho. O acúmulo de sais solúveis no solo compromete processos fisiológicos e bioquímicos essenciais, reduzindo a massa foliar e a produtividade de grãos (Guilherme, 2023). Por ser uma espécie glicófita, o milho apresenta elevada sensibilidade ao estresse salino, possuindo uma salinidade limiar de 1,1 dSm⁻¹ para a água de irrigação e 1,7 dS·m⁻¹ para o solo. Quando excedido, ocasionando fechamento estomático, impedindo a respiração celular da planta, onde há prejuízos no processo fotossintético e na produtividade (Gheyl *et al.*, 2017). Além disso, a salinidade em torno de 2,5 dS m⁻¹ já podem reduzir em aproximadamente 10% o desempenho da cultura (Lima, 2025)

A salinização pode ocorrer naturalmente em regiões semiáridas, mas é frequentemente agravada pelo manejo inadequado da irrigação com água salina, que intensifica a degradação dos solos e limita o potencial produtivo da cultura. Nessas condições, a elevada concentração de Na⁺ e Cl⁻ reduz o potencial osmótico do solo, dificultando a absorção de água pelas raízes, além de causar toxicidade iônica e desequilíbrio nutricional. O sódio ainda promove a dispersão de argilas, reduzindo a condutividade hidráulica do solo, o que limita a movimentação da água e intensifica o estresse hídrico das plantas (Freire, 2021; Pedrotti *et al.*, 2015).

Diante desse cenário, o melhoramento genético constitui uma estratégia fundamental para mitigar os efeitos do estresse salino na cultura do milho. A presença de variações genéticas entre cultivares permite a seleção de genótipos mais tolerantes, capazes de manter níveis satisfatórios de produtividade mesmo sob condições adversas (van Zelm; Zhang; Testerink, 2020).

A busca por características associadas à tolerância à salinidade torna-se cada vez mais relevante, principalmente nas regiões semi-áridas onde solos altamente salinizados reduzem a área foliar e comprometem a produção futura. As progênes, por compartilharem um dos genitores em comum, permitem uma avaliação eficiente do desempenho genético dos materiais, sendo uma ferramenta fundamental no processo de seleção e melhoramento de cultivares com maior tolerância ao estresse salino (Almeida *et al.*, 2024).

A população PopTol tem sido empregada em programas de melhoramento de milho como uma população sintética de ampla base genética, sendo fundamentais para a geração de variabilidade genética e para a seleção de linhagens e variedades de polinização aberta aptas a ambientes heterogêneos, especialmente regiões semiáridas (Almeida *et al.*, 2024). Essa formação envolve ciclos repetidos de recombinação interpopulacional e seleção recorrente, processo no qual permite acumular alelos favoráveis, que estão relacionados à tolerância à seca, precocidade e estabilidade de rendimento (Cintra *et al.*, 2023).

Dessa forma, a avaliação e caracterização de progênes de meios-irmãos representam uma abordagem eficaz para explorar a variabilidade genética existente e subsidiar programas de melhoramento voltados à adaptação do milho a ambientes salinizados. Assim, este estudo teve como objetivo caracterizar o potencial morfofisiológico de progênes de meios-irmãos de milho em condições de salinidade, visando à identificação de materiais com maior adaptabilidade ao estresse salino.

2. Material e Métodos

2.1 Localização e desenho experimental

O experimento foi conduzido em casa de vegetação na Fazenda Experimental da Universidade Federal de Sergipe – Campus do Sertão, em Nossa Senhora da Glória, SE, no ano de 2024. A área localiza-se a 10°12'18" S, 37°19'39" W, a 294 m de altitude. Segundo a classificação de Köppen adaptada ao Brasil, o clima é do tipo “As”, caracterizado por altas

temperaturas e estação seca bem definida no verão, impondo estresse hídrico às culturas (Castelhano; Pinto, 2022).

Adotou-se o delineamento em blocos casualizados (DBC), em esquema fatorial 21×2 , com três repetições, totalizando 42 tratamentos. O primeiro fator foi constituído por 21 genótipos, sendo 20 progênies de meios-irmãos e um híbrido comercial utilizado como testemunha (Tabela 1). O segundo fator correspondeu a dois níveis de salinidade da lâmina de irrigação: (a) água de poço diluída com condutividade elétrica de $3,0 \text{ dS m}^{-1}$ e (b) água do Rio São Francisco com $0,14 \text{ dS m}^{-1}$. O nível de $3,0 \text{ dS m}^{-1}$ representa uma condição de salinidade moderada, considerando que valores acima do limiar de tolerância já podem causar prejuízos à cultura.

Tabela 1. Descrição dos genótipos que serão utilizados no experimento

Materiais Genéticos		
Genótipo	Classificação	Código
POPTOL2 - PMI03-SubP2	PMI	G2
POPTOL2 - PMI04-SubP3	PMI	G3
POPTOL2 - PMI08-SubP6	PMI	G6
POPTOL2 - PMI15-SubP11	PMI	G11
POPTOL2 - PMI23-SubP12	PMI	G12
POPTOL2 - PMI32-SubP14	PMI	G14
POPTOL2 - PMI38-SubP16	PMI	G16
POPTOL2 - PMI59-SubP19	PMI	G19
POPTOL2 - PMI62-SubP21	PMI	G21
POPTOL2 - PMI67-SubP24	PMI	G24
POPTOL2 - PMI72-SubP25	PMI	G25
POPTOL2 - PMI75-SubP27	PMI	G27
POPTOL2 - PMI79-SubP29	PMI	G29
POPTOL2 - PMI81-SubP30	PMI	G30
GNZ- 7788	HS	G35
POPTOL2 - PMI114-SubP37	PMI	G37
POPTOL2 - PMI129-SubP40	PMI	G40
POPTOL2 - PMI148-SubP41	PMI	G41
POPTOL2 - PMI158-SubP44	PMI	G44
POPTOL2 - PMI162-SubP45	PMI	G45
POPTOL2 - PMI167-SubP46	PMI	G46

PMI - População de meios-irmãos; SubP - Subpopulação; HS – GNZ- 7788.

Durante o período de emergência até estágio V1, todas as plantas foram irrigadas apenas com água de baixa condutividade elétrica ($CE = 0,14 \text{ dSm}^{-1}$) com duração de 10 dias após o plantio (DAP). A irrigação salina iniciou-se no estágio V1 e foi mantida até V8 com duração de 38 dias após o plantio (DAP). Cada parcela foi composta por uma planta útil após o desbaste, totalizando 126 parcelas experimentais.

2.2 Instalação e condução do experimento

As sementes das progênies do híbrido comercial foram semeadas em vasos de 3,7 L, com duas sementes por vaso. Após a emergência, realizou-se o desbaste, mantendo uma planta por vaso. Os vasos foram preenchidos com substrato composto por solo e esterco bovino curtido (2:1), previamente peneirados com uma malha de 6mm, garantindo uma homogeneidade e uniformidade do material. A adubação de base foi definida em função das exigências nutricionais da cultura do milho, sendo validada pelos resultados da análise química (Tabela 2). A textura do solo foi classificada como argilosa.

Tabela 2. Resultado da análise Química do substrato com solo e esterco bovino na proporção de (2:1).

pH	MO	Na ⁺	K	P	Ca ²⁺	Mg ²⁺	Al ³⁺	H+Al	CTC	V
H ₂ O	g/dm ³		mg/dm ³				cmolc/dm ³			%
7,04	110	221	2480	574	10,31	3,44	<0,08	-	21,1	100

Para assegurar o aporte ideal e rápido de nutrientes na fase inicial de desenvolvimento das plântulas, cada vaso foi adubado com 5 g de superfosfato monoamônico (MAP) com 48% de fósforo e 9% de nitrogênio e 3 g de cloreto de potássio (KCL 58%), garantindo o fornecimento concentrado de fósforo e potássio.

O manejo hídrico foi realizado em bacias de polietileno de 50 L, mantendo o solo próximo à capacidade de campo. O controle da lâmina de irrigação ocorreu pelo método do balanço hídrico, com lisimetria de pesagem, que estima a evapotranspiração pela variação do peso do solo entre irrigações. Na equação 1, a fim de determinar o volume a ser irrigado, foi calculada diferença entre o peso na capacidade de retenção (Pcc) e o peso atual antes da irrigação (Pa) determinou o déficit hídrico, permitindo calcular o volume de água a ser aplicado (mL) do volume de solo, considerando a fração de lixiviação de 10.

Equação 1. Obtenção do volume de irrigação em vaso

$$V1 = \frac{PCC - PA}{1 - FL}$$

Em que: VI = volume a ser irrigado (mL); Pcc = peso médio do vaso em máxima capacidade de retenção (g); Pa = peso atual do vaso (g), e FL = coeficiente usado para se obter uma fração de lixiviação de aproximadamente 10% (1-0,10)

2.3 Parâmetros de avaliação experimental**2.3.1** Análise morfológica e biomassa

No estágio vegetativo V8, após 48 dias de irrigação com as diferentes lâminas, onde 38 dias foram com a concentração de sais em 3,0 dS m⁻¹, foi encerrado o experimento e iniciado as avaliações morfológicas das variáveis do estudo (Tabela 2).

Tabela 3. Variáveis morfofisiológicas analisadas no experimento.

Características	Descrição	Unidade	Coleta
Morfológicas			
MF_F	Massa fresca da folha	g	Desbaste e peso em camp.
MS_F	Massa seca da folha	g	Dessecação e peso em lab.
MF_C	Massa fresca do colmo	g	Recorte e peso em camp.
MS_C	Massa seca do colmo	g	Dessecação e peso em lab.
MF_R	Massa fresca da raiz	g	Recorte e peso em camp.
MS_R	Massa seca da raiz	g	Dessecação e peso em lab.
ALT	altura de planta	cm	Da base a sexta folha
DC	Diâmetro do colmo	cm	A 20 cm da superfície
FM	Folhas vivas	Nº	Contagem
FV	Folhas Mortas	Nº	Contagem
Fisiológicas			
TRA	Teor relativo de água	%	Folha
EE	Extravasamento de eletrólitos	%	Folha

Quando as plantas atingiram o estágio vegetativo V8, foram coletadas e separadas em folhas, colmo e raízes. As amostras foram acondicionadas em estufa de circulação forçada de ar a 65°C até atingirem peso constante. Em seguida, foi determinada a massa seca de folhas (MS_F), massa seca do colmo (MS_C) e massa seca raízes (MS_R), por meio de pesagem realizada em balança semianalítica digital.

2.3.2 Análise fisiológica

Para avaliar a resposta dos genótipos ao estresse salino, foram realizadas análises de Teor Relativo de Água (TRA) e Extravasamento de Eletrólitos (EE).

O Teor Relativo de Água (TRA), adaptado de Barrs; Weatherley (1962), avaliou a quantidade de água celular. Para isso, amostras das folhas foram coletadas de cada repetição e pesadas para obtenção da massa fresca (MF). Posteriormente, foram imersas em água por 12 h para obtenção da massa túrgida (MT). Para a obtenção do peso de massa seca (MS) as amostras foram para a estufa de ventilação a 75°C por 48 h. Os valores de TRA foram calculados pela seguinte fórmula:

Equação 2. Cálculo de teor relativo de água (TRA).

$$TRA(\%) = [(MF - MS)/(MT - MS)] \times 100$$

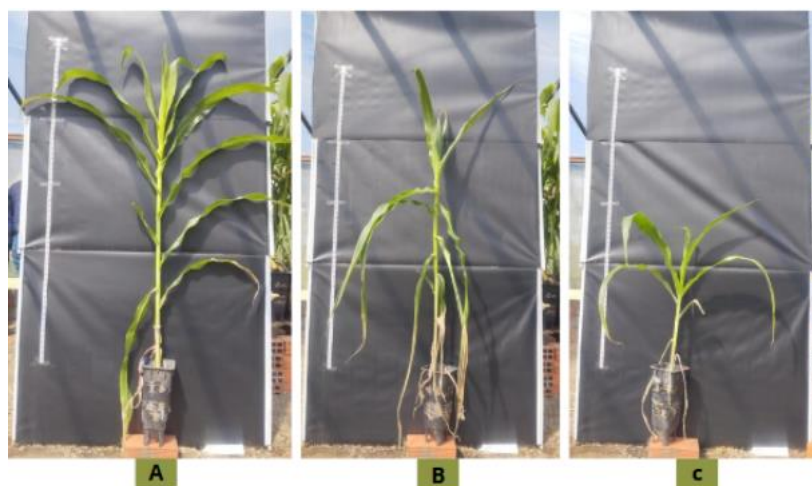
O Extravasamento de Eletrólitos (EE), foi determinado com base na metodologia posposta por Arnhold e Olivoto (2013) e Tester e Morris (1992), sendo utilizado como indicador da integridade das membranas celulares. Discos de folhas de 7 cm² foram postos em água destilada a 25°C por 4 horas para determinação da condutividade inicial (C1). Posteriormente foram incubadas a 90°C por duas horas para análise celular, para condutividade total (C2). O valor do extravasamento de eletrólitos foi obtido pela porcentagem de eletrólitos extravasados em relação aos eletrólitos totais conforme a seguinte fórmula:

Equação 3. Cálculo para obtenção do extravasamento de eletrólitos (EE).

$$EE(\%) = (C1/C2) \times 100$$

O TRA foi utilizado para avaliar a capacidade das plantas em manter a hidratação celular, sendo um indicativo de maior retenção de água nos genótipos tolerantes (Figura 2). Já o EE permitiu estimar a integridade das membranas celulares com base na condutividade elétrica da solução, determinando o nível de danos causados pela salinidade e identificando genótipos promissores a partir da análise de componentes principais (PCA).

Figura 2. Representação das plantas sob lâmina convencional (A) e lâmina salina (B e C).



2.4 Análise estatística

Foram realizadas análises de normalidade e homogeneidade das variâncias pelos testes de Shapiro-Wilk e de Bartlett, com base na aceitação ou rejeição das hipóteses nulas. Posteriormente, os dados das diferentes variáveis mensuradas foram submetidos à análise de variância (ANAVA), utilizando-se o teste F ao nível de 5% de significância, com o objetivo de identificar diferenças entre os tratamentos. Em seguida, foram calculadas as médias e realizada a comparação entre tratamentos quanto aos níveis de concentração de sais e aos genótipos, utilizando-se o teste de agrupamento de médias Scott-Knott a 5% de probabilidade. As tabelas completas contendo os resultados desse teste encontram-se apresentadas nos Anexos, onde estão discriminados os respectivos agrupamentos estatísticos. Foi efetuada uma correlação de Pearson com coeficiente de correlação de 1 a -1, entre as variáveis morfológicas e fisiológicas. Também foi calculado o índice de tolerância à salinidade (STI) obtido pela razão entre os valores de massa seca (MS) sob lâmina salina e convencional, segundo Bakirov et al. 2022, presente na seguinte fórmula:

Equação 3. Cálculo para obtenção do índice de tolerância a salinidade (STI) dos genótipos experimentais.

$$STI = \frac{MS \text{ na lamina salina}}{MS \text{ na lamina controle}}$$

Por fim, foi realizada uma análise de componentes principais (PCA), a fim de sintetizar os dados. Todas as análises estatísticas foram realizadas no software RStudio (versão 4.4) (R Core Team, 2025), utilizando os pacotes easyanova (Arnhold, 2013) e metan (Olivoto, 2013).

2. Resultados e discussão

3.1 Análise de variância

A Tabela 4 evidenciou diferenças significativas entre os caracteres avaliados, confirmando a influência dos fatores no desempenho das progênies sob salinidade. Segundo Pagotto (2021), a análise de variância é fundamental para explicar a variabilidade, testar hipóteses e determinar a significância estatística.

Tabela 4. Quadro médio da análise de variâncias para os caracteres avaliados em genótipos avaliados.

FV	GL	QM				
		MF.F	MS.F	MF.C	MS.C	MF.R
GENÓTIPO	20	480,36***	34,14***	1512,67**	28,12***	210,11**
LÂMINA	1	34160,56***	1635,29***	109136,13***	1104,99***	4857,16**
BLOCO	2	152,62 ns	24,59 ns	3687,77***	48,60**	453,21 ns
LAM*GEN	20	321,28*	18,51**	2072,64***	33,42***	147,38*
RESÍDUO	65	133,33	8,67	439,22	9,96	83,94
CV (%)		16,85	19,20	14,54	21,98	35,91

FV	GL	QM		
		MS.R	TRA	EE
GENÓTIPO	20	4,02**	480,79*	1021,83***
LÂMINA	1	7,82***	12,28 ns	2512,48**
BLOCO	2	10,04*	3,37 ns	148,87 ns
LAM*GEN	20	18,52*	647,98**	475,98 ns
RESÍDUO	65	421,15	2686123	2942497
CV (%)		38,75	40,17	36,12

GL = Graus de Liberdade; FV = Fonte de Variação; CV = Coeficiente de Variação; * = Significativo a 5%; ** = Significativo a 1%; *** = Significativo a 0,001% de probabilidade pelo teste F; ns = Não significativo pelo teste de F.

Os efeitos de genótipo, lâmina e sua interação foram altamente significativos ($p < 0,001$) para a maioria das variáveis de biomassa (folhas, colmo e raízes), como também para o Teor relativo de água (TRA), onde sua interação foi significativa a 5%, demonstrando ampla variabilidade genética e distintas respostas à salinidade. A interação genótipo $\times$ salinidade

revelou que os efeitos do estresse não foram uniformes, reforçando a importância da seleção de materiais mais tolerantes (Chamma, 2024).

Os coeficientes de variação variaram de 9,96% (MS.C) a 38,75% (MS.R) para as variáveis de massa e de 36,12% (EE) a 40,17% (TRA) para as demais variáveis. Valores abaixo de 20% indicam boa precisão experimental, enquanto os mais elevados refletem respostas heterogêneas, associadas à segregação de alelos nas progênies (Amombo *et al.*, 2024). Isso favorece a identificação de genótipos superiores.

Vale destacar que coeficientes de variação mais elevados para caracteres radiculares sob salinidade são esperados, pois o sistema radicular apresenta alta variabilidade fenotípica e responde diretamente ao estresse, resultando em maior variabilidade entre genótipos. A salinidade altera parâmetros como comprimento, área e arquitetura das raízes, e essas respostas diferem conforme o material genético, ampliando a dispersão dos dados (van Zelm *et al.*, 2023).

A concentração de sais da irrigação também apresentou efeito significativo sobre todas as estruturas vegetativas, reforçando a sensibilidade morfológica do milho ao estresse salino. Alterações como perda de turgidez, necrose foliar, afinamento do colmo e redução da altura indicam distúrbios causados pelo acúmulo de íons tóxicos (Na^+ e Cl^-) e limitações hídricas e nutricionais (Taiz e Zeiger, 2017). O acúmulo de solutos como prolina, glicina-betaína e açúcares solúveis reduzem o potencial osmótico celular ocasionado pelos íons tóxicos e protegem proteínas e membranas contra danos estruturais, favorecendo a manutenção do turgor e da atividade fotossintética, como relatado por Gul *et al.* (2022).

3.2 Análise de correlação de Person

Na Figura 2 foi possível visualizar uma forte correlação positiva entre a massa fresca e seca das folhas ($\text{MF}_F \times \text{MS}_F$: $r = 0,95$, $p < 0,001$) e entre a massa fresca e seca do colmo ($\text{MF}_C \times \text{MS}_C$: $r = 0,87$, $p < 0,001$). Já para massa fresca da raiz (MF_R) apresentou correlação positiva moderada com a massa fresca e seca do colmo ($r = 0,71$ e $0,69$, respectivamente; $p < 0,001$), sugerindo que plantas com raízes mais pesadas tendem a apresentar colmos mais robustos.

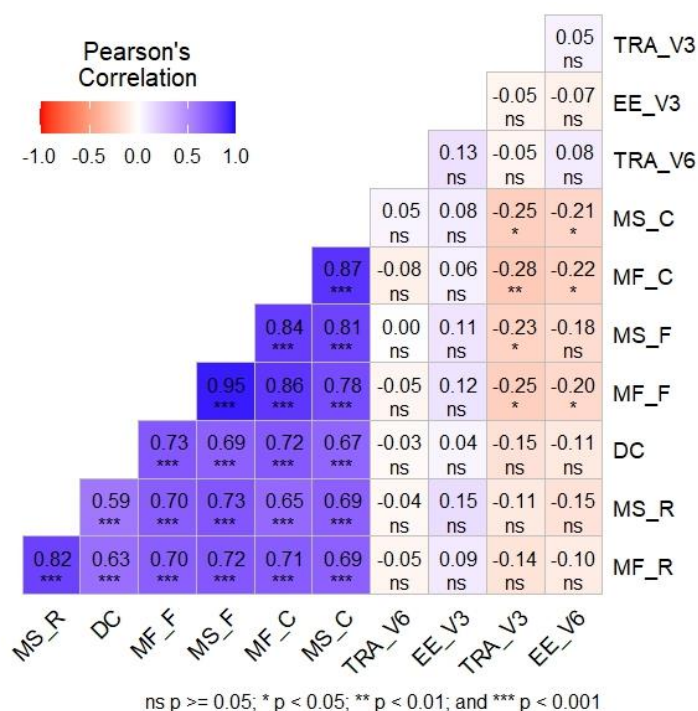


Figura 2. Análise de correlação de Persson entre as variáveis morfológicas e fisiológicas sob condições de salinidade

Nota: MF.F= Massa fresca da folha; MS.F= Massa seca da folha; MF.C= Massa fresca do colmo; MS.C= Massa seca do colmo; MF.R= Massa fresca da raiz; MS.R= Massa seca da raiz; DC= Diâmetro do colmo; TRA_V6 e V3= Teor relativo de água em v6 e V3; EE= Extravasamento de eletrólitos em V6.

A forte correlação entre folhas e colmo sugere um crescimento vegetativo coordenado, enquanto a associação positiva com a massa da raiz indica que plantas com sistema radicular mais desenvolvido podem suportar melhor a produção de biomassa mesmo sob altas concentrações de sais (Albacete *et al.*, 2008).

O diâmetro do colmo (DC) apresentou correlações significativas e positivas com a massa fresca e seca do colmo ($MS_C \times DC$: $r = 0,67$, $p < 0,001$; $MF_C \times DC$: $r = 0,72$, $p < 0,001$), indicando que plantas com colmos mais grossos apresentaram maior biomassa. Esse resultado sugere que genótipos com maior acúmulo de biomassa estrutural podem apresentar maior capacidade fisiológica de tolerar a salinidade como a manutenção da fotossíntese o que contribuiu para a performance diferenciada observada entre as variáveis (Xu, N. *et al.*, 2024).

Uma vez que o estresse salino intensifica a formação de espécies reativas de oxigênio (EROs), são capazes de causar danos oxidativos a lipídios, proteínas e DNA. Assim, genótipos mais tolerantes normalmente exibem maior atividade de enzimas antioxidantes, como superóxido dismutase (SOD), catalase (CAT) e ascorbato peroxidase (APX), além de

concentrações mais elevadas de antioxidantes não enzimáticos, o que contribui para a manutenção da integridade celular e para o acúmulo de biomassa, conforme descrito por Hasanuzzaman *et al.* (2020).

As variáveis de massa seca e fresca do colmo apresentaram correlações significativas e negativas, porém fracas com TRA_V3 e EE_V6 não sendo indicadas para seleção indireta, assim como foi relatado no trabalho de Balbaa *et al.* (2022), sugerindo uma necessidade de avaliação cuidadosa e especializada a nível de rendimento médio de cada genótipos nas diferentes concentrações de sais.

3.4 Análise de componentes principais (PCA)

A Análise de Componentes Principais (PCA) foi utilizada para identificar padrões de resposta dos genótipos de milho à salinidade, destacando as variáveis que mais explicaram a variabilidade dos dados. O PC1 concentrou 72,7% da variação sob irrigação com água doce e 80,5% em condição salina (Figura 3).

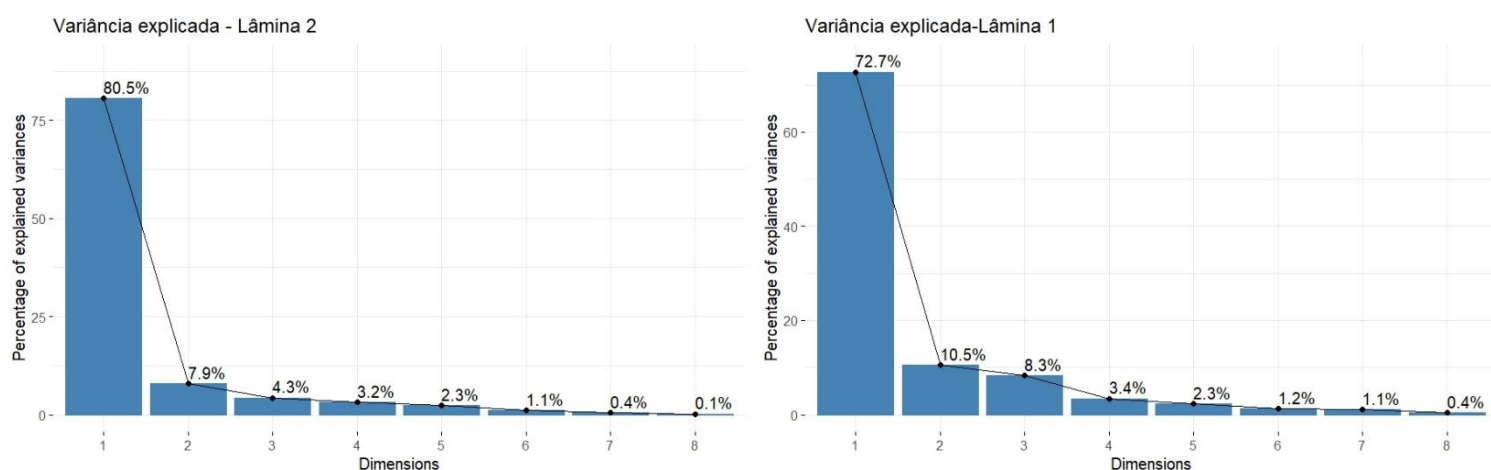


Figura 3. Variância explicada a partir da análise de componentes principais (PCA) com diferentes lâminas de irrigação convencional (lâmina 1) e salina (lâmina 2).

Nota: Massa fresca da folha (MF_F); Massa seca da folha (MS_F); Massa fresca do colmo (MF_C); Massa seca do colmo (MS_C); Massa fresca da raiz (MF_R); Massa seca da raiz (MS_R); teor relativo de água em V3 (TRA_V3); extravasamento de eletrólitos em V3 (EE_V3).

Sob lâmina controle ($0,14 \text{ dS m}^{-1}$), os dois primeiros componentes explicaram 80,3% da variabilidade, enquanto sob salinidade ($3,0 \text{ dS m}^{-1}$) a explicação aumentou para 88,4%, reforçando que o estresse intensifica as diferenças entre os genótipos. Isso mostra que características relacionadas à biomassa são essenciais para diferenciar genótipos quanto à

tolerância à salinidade. Essa abordagem estatística, facilita a identificação de padrões e seleção de genótipos mais tolerantes, contribuindo para o melhoramento da cultura (Paiva, 2024).

Na Figura 4 e 5, observa-se quais variáveis mais contribuíram para a explicação da variabilidade observada em cada componente principal, considerando os dois níveis de concentração de sais, com 0,14 dS m⁻¹ a 3 dS m⁻¹ respectivamente. O PC1 evidencia que atributos de biomassa (massa fresca e seca do colmo, raiz e folha, além do diâmetro do colmo) se distribuíram de forma homogênea entre as variáveis e foram determinantes para diferenciar os genótipos. Já o PC2 foi associado principalmente a variáveis de raiz e colmo, seguindo do STI, indicando o papel dos mecanismos de manutenção hídrica a partir da absorção radicular, como também a integridade celular na tolerância ao estresse salino.

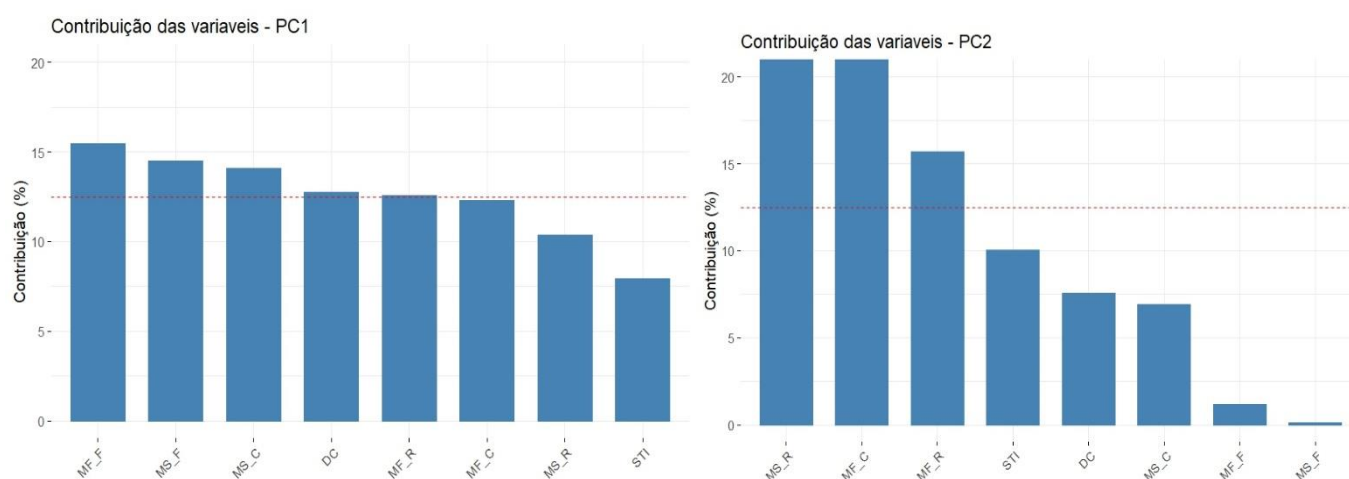


Figura 4. Contribuição de cada variável no PC1 e no PC2 para lâmina de água do rio São Francisco.

Nota: Massa fresca da folha (MF_F); Massa seca da folha (MS_F); Massa fresca do colmo (MF_C); Massa seca do colmo (MS_C); Massa fresca da raiz (MF_R); Massa seca da raiz (MS_R); teor relativo de água em V3 (TRA_V3); extravasamento de eletrólitos em V3 (EE_V3).

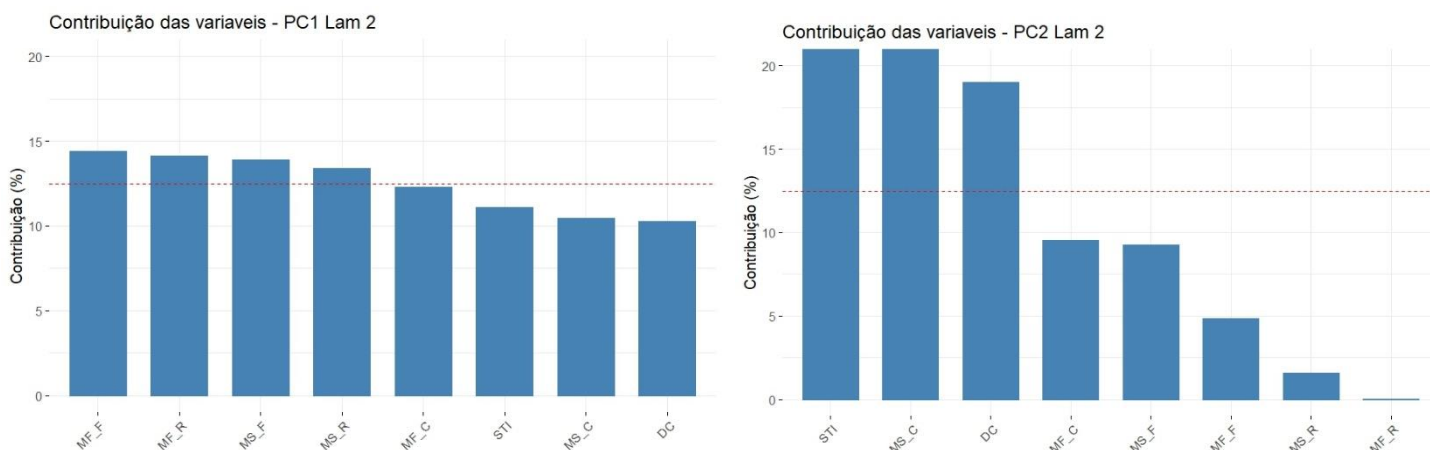


Figura 5. Contribuição de cada variável no PC1 e no PC2 para lâmina de água salina.

Nota: Massa fresca da folha (MF_F); Massa seca da folha (MS_F); Massa fresca do colmo (MF_C); Massa seca do colmo (MS_C); Massa fresca da raiz (MF_R); Massa seca da raiz (MS_R); teor relativo de água em V3 (TRA_V3); extravasamento de eletrólitos em V3 (EE_V3).

A relevância dessas variáveis destaca a importância dos mecanismos de controle hídrico e estruturação celular da planta, mesmo sob condições de salinidade. Estudos destacam como a salinidade afeta diretamente o potencial hídrico celular, provocando desregulação osmótica e prejudicando a retenção de água pelas plantas (Araújo *et al.*, 2024). O biplot permitiu relacionar genótipos e variáveis, identificando materiais com desempenho superior tanto em condições favoráveis quanto adversas.

Na Figura 6, na lâmina um, destacaram-se G41, G35, G29, G24, G14, G6 e G2, associados à melhor aproveitamento de água e nutrientes, enquanto G27, G30 e G44 apresentaram baixo desempenho. Sob salinidade, G2, G6, G21, G35 e G41 mostraram maior eficiência em retenção hídrica e acúmulo de biomassa, revelando mecanismos adaptativos de tolerância, ao passo que G46, G19 e G11 se mostraram mais susceptíveis, com menor acúmulo de biomassa e crescimento reduzido. Conforme Marcos *et al.* (2023), genótipos sensíveis à salinidade tendem a apresentar menor acúmulo de biomassa, crescimento reduzido e comprometimento fisiológico, tornando-se menos viáveis para ambientes com risco de salinização.

Os genótipos superiores apresentaram a melhor tolerância em relação ao demais, com STI elevado, reforçando que, a partir de Altos valores de STI indicam que os genótipos foram estáveis em altas concentrações de sais, assim com os resultados obtidos por Tao *et al.* (2021),

em destaque as progênies que foram superiores ou iguais ao híbrido comercial GNZ-7788 (G35). Embora os híbridos comerciais geralmente apresentem vigor superior devido à heterose, estudos recentes indicam que progênies derivadas de cruzamentos específicos podem, em certas condições, competir ou até superar os híbridos (Labroo; Studer; Rutkoski, 2021). Isso se deve à maior variabilidade genética das progênies, que permite a combinação de alelos favoráveis em relação ao estresse salino.

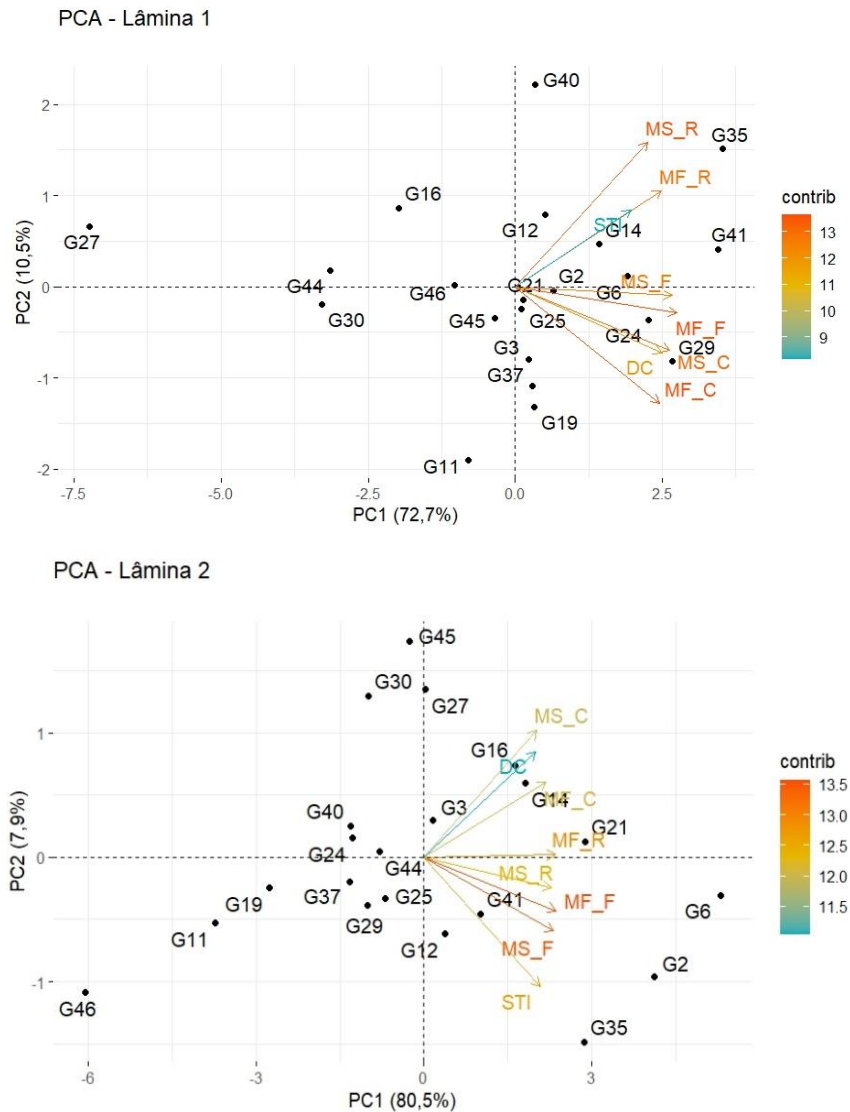


Figura 6. Biplot da Análise de Componente Principal (PCA) com as variáveis morfológicas e fisiológicas de maior contribuição, evidenciando a distribuição dos genótipos de milho sob diferentes lâminas de irrigação. Descrição: Massa fresca da folha (MF_F); Massa seca da folha (MS_F); Massa fresca do colmo (MF_C); Massa seca do colmo (MS_C); Massa fresca da raiz (MF_R); Massa seca da raiz (MS_R); teor relativo de água em V3 (TRA_V3); extravasamento de eletrólitos em V3 (EE_V3).

Os genótipos superiores identificados para tolerância à salinidade são fundamentais para o melhoramento, podendo atuar como parentais em cruzamentos direcionados para combinar tolerância e produtividade (Silva, *et al.* 2012). Quando o caráter é poligênico, esses materiais fortalecem programas de seleção recorrente, que, com o apoio de marcadores e seleção genômica, aumentam a precisão e o ganho genético sob estresse salino (Singh *et al.*, 2023; Ren *et al.*, 2025). Esses genótipos também podem gerar híbridos tolerantes, uma vez que sua conversão em linhas endogâmicas e posterior avaliação da capacidade de combinação possibilitam selecionar parentais mais estáveis e produtivos em solos salinizados (Pérez-López *et al.*, 2025).

As interpretações dos resultados devem considerar limitações comuns em estudos de tolerância à salinidade. Como a avaliação apenas na fase vegetativa, o que restringe o avanço para estágios reprodutivos, que tendem a ser mais sensíveis ao estresse (Singh; Kota; Flowers, 2021). Além disso, a condução dos experimentos em ambiente protegido, como vasos ou estufas, pode gerar diferentes respostas fisiológicas daquela observadas no campo, onde a variabilidade de solo, clima e manejo intensifica a expressão da salinidade (Francisco *et al.*, 2023). O autor ainda destaca como a duração relativamente curta do estresse também representa uma limitação, pois não reflete adequadamente as condições de salinização crônica frequentemente encontradas em áreas irrigadas de regiões semiáridas. Outro fator importante é o uso de parcelas com planta única, o que reduz o poder estatístico e dificulta captar a variabilidade genética, podendo superestimar o desempenho de genótipos considerados tolerantes (Lopes *et al.*, 2024).

Estudos complementares são fundamentais para robustecer a interpretação da tolerância à salinidade. A avaliação até a maturação fisiológica é recomendada, pois respostas observadas na fase vegetativa nem sempre se mantêm durante o enchimento de grãos e definição do rendimento (Singh; Kota; Flowers, 2021). Ensaio em campo sob estresse salino natural também são necessários, uma vez que a variabilidade espacial da salinidade, a interação solo–planta–microbiota e as condições climáticas reais podem alterar significativamente o desempenho observado em ambiente protegido (Soares; Geilfus; Carpentier, 2018). Além disso, análises moleculares e genômicas, incluindo RNA-seq, GWAS e identificação de QTL, permitem identificar genes, redes de regulação e mecanismos-chave associados à tolerância, oferecendo subsídio direto para programas de melhoramento assistido por marcadores (Xu, S. *et al.*, 2024).

Conclusão

Os genótipos G2, G6, G21, G35 e G41 apresentaram potencial promissor para uso em programas de melhoramento visando tolerância à salinidade.

Recomenda-se o avanço dessas progênies para etapas posteriores de seleção e testes. É necessária a validação em condições reais de campo para maior precisão na recomendação dos genótipos mais adaptados.

Referências

- ALBACETE, A.; GHANEM, M. E.; MARTÍNEZ-ANDÚJAR, C.; ACOSTA, M.; SÁNCHEZ-BRAVO, J.; MARTÍNEZ, V.; LUTTS, S.; DODD, I. C.; PÉREZ-ALFOCEA, F. Hormonal changes in relation to biomass partitioning and shoot growth impairment in salinized tomato (*Solanum lycopersicum* L.) plants. **Journal of Experimental Botany**, [S. l.], v. 59, n. 15, p. 4119–4131, 2008. <https://doi.org/10.1093/jxb/ern251>.
- ALMEIDA, P. H. S.; VILELA, V. J. B.; TORRES, I. Y.; UBERTI, A.; DELIMA, R. O.; REIS, E. F. dos. Potencial genético de populações de milho derivadas de híbridos comerciais para o melhoramento interpopulacional. **Revista Caatinga**, [S. l.], v. 37, p. e11736, 2024. <https://doi.org/10.1590/1983-21252024v37i11736rc>.
- AMOMBO, E.; GBIBAR, M.; ASHILENJE, D. S.; HIRICH, A.; KOUISNI, L.; OUKARROUM, A.; GHOULAM, C.; EL GHAROUS, M.; NILAHYANE, A. Screening for genetic variability in photosynthetic regulation provides insights into salt performance traits in forage sorghum under salt stress. **BMC Plant Biology**, [S. l.], v. 24, n. 1, p. 690, 19 jul. 2024. <https://doi.org/10.1186/s12870-024-05406-9>.
- ARAÚJO, R. P. D. S. D.; SILVA, E. C. A. D.; PACHECO, C. M.; SANTOS, C. A. D.; COSTA, L. J. D.; PEREIRA, J. W. D. L.; SENA NETO, A. B. D.; CAMPELO, I. P. F.; ALMEIDA, Á. B. D. M.; NOGUEIRA, R. J. M. C. Relações Hídricas e Danos às Membranas Celulares em mudas de *Adansonia digitata* após duas horas de exposição a NaCl. **Biotecnologia e Biodiversidade: novas perspectivas em pesquisa - Volume 2**. 1. ed. [S. l.]: Editora Científica Digital, 2024. ed. 1, p. 67–74. DOI: 10.37885/241118139. Disponível em: <http://www.editoracientifica.com.br/articles/code/241118139>. Acesso em: 5 dez. 2025.
- ARNHOLD, E.; OLIVOTO. Pacote em ambiente R para análise de variância e análises complementares. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, [S. l.], v. 50, n. 6, p. 488–492, 9 dez. 2013. <https://doi.org/10.11606/issn.1678-4456.v50i6p488-492>.
- BAKIROV, A.; ZHANG, Y.; ZHANG, Q.; SEITAHMETOVNA, S. A.; YU, X.; SHI, Y.; XU, Y.; WANG, K.; QIN, M.; XU, A.; HUANG, Z. Triagem de características de tolerância ao sal e método de avaliação da tolerância ao sal em *Brassica napus* na fase de germinação das sementes. **Italian Journal of Agronomy**, [S. l.], v. 17, n. 2, p. 2011, 1 jan. 2022. <https://doi.org/10.4081/ija.2022.2011>.
- BALBAA, M. G.; OSMAN, H. T.; KANDIL, E. E.; JAVED, T.; LAMLOM, S. F.; ALI, H. M.; KALAJI, H. M.; WRÓBEL, J.; TELESÍŃSKI, A.; BRYŚIEWICZ, A.; GHAREEB, R. Y.; ABDELSALAM, N. R.; ABDELGHANY, A. M. Determination of morpho-physiological and yield traits of maize inbred lines (*Zea mays* L.) under optimal and drought stress conditions. **Frontiers in Plant Science**, [S. l.], v. 13, 28 jul. 2022. DOI: 10.3389/fpls.2022.959203. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2022.959203/full>. Acesso em: 5 dez. 2025.
- BARRS, H.; WEATHERLEY, P. A Re-Examination of the Relative Turgidity Technique for Estimating Water Deficits in Leaves. **Australian Journal of Biological Sciences**, [S. l.], v. 15, n. 3, p. 413–428, 1 set. 1962. <https://doi.org/10.1071/B19620413>.

CASTELHANO, F. J.; PINTO, J. E. S. de S. Tendências e alterações climáticas no Estado de Sergipe, nordeste do Brasil. **Revista do Departamento de Geografia**, [S. l.], v. 42, p. e185565–e185565, 3 fev. 2022. <https://doi.org/10.11606/eISSN.2236-2878.rdg.2022.185565>.

CHAMMA, L. [UNESP. Interação genótipo x ambiente na qualidade de sementes de soja. [S. l.], 16 fev. 2024. Disponível em: <https://hdl.handle.net/11449/259369>. Acesso em: 5 dez. 2025.

CINTRA, P. H. N.; RESENDE, C. L. P.; DAMASO, L. F.; CARVALHO, D. D. C.; SILVA, F. de C.; RODRIGUES, F. Five cycles of intrapopulation recurrent selection in half-sib progenies of fresh corn. **Revista Caatinga**, [S. l.], v. 36, n. 3, p. 723–730, 18 jul. 2023. <https://doi.org/10.1590/1983-21252023v36n324rc>.

CONAB. **12º Levantamento - Safra 2024/25**. [S. l.]: [S. n.], [S. d.]. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/12o-levantamento-safra-2024-25/12o-levantamento-safra-2024-25>. Acesso em: 5 dez. 2025.

FRANCISCO, P. R. M.; SILVA, V. F.; SANTOS, D.; RIBEIRO, G. do N.; AYRES, G. D. J.; RODRIGUES, R. C. M.; FILHO, J. C. F. Uso da SIG para avaliação do potencial da produção agrícola irrigada do milho (*Zea mays* L.) em região semiárida. [S. l.], p. 18–33, 2023.

FREIRE, M. H. da C. Atributos químicos do solo e desempenho agrônômico da cultura do milho sob diferentes combinações de adubação orgânica e salinidade da água. [S. l.], 2021. Disponível em: <http://repositorio.ufc.br/handle/riufc/68486>. Acesso em: 5 dez. 2025.

GHEYL, H. R.; DIAS, N. da S.; LACERDA, C. F. de; FILHO, E. G. **Manejo da salinidade na agricultura: estudos básicos e aplicados**. [S. l.]: Expressão Gráfica, 12 jan. 2017.

GUILHERME, J. M. da S. Água salobra, biofertilizantes e *Trichoderma harzianum* na cultura do feijão-caupi, no Maciço de Baturité, Ceará. [S. l.], 2023. Disponível em: <http://repositorio.ufc.br/handle/riufc/76880>. Acesso em: 5 dez. 2025.

GUIMARÃES, L. J. M. Artigo: Dia Nacional do Milho - A Importância do Milho para o Agronegócio Brasileiro. 2024. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/89583335/artigo-dia-nacional-do-milho---a-importancia-do-milho-para-o-agronegocio-brasileiro>. Acesso em: 5 dez. 2025.

GUL, Z.; TANG, Z.-H.; ARIF, M.; YE, Z.; GUL, Z.; TANG, Z.-H.; ARIF, M.; YE, Z. An Insight into Abiotic Stress and Influx Tolerance Mechanisms in Plants to Cope in Saline Environments. **Biology**, [S. l.], v. 11, n. 4, 13 abr. 2022. DOI: 10.3390/biology11040597. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2079-7737/11/4/597>. Acesso em: 5 dez. 2025.

HASANUZZAMAN, M.; BHUYAN, M. H. M. B.; ZULFIQAR, F.; RAZA, A.; MOHSIN, S. M.; MAHMUD, J. A.; FUJITA, M.; FOTOPOULOS, V.; HASANUZZAMAN, M.; BHUYAN, M. H. M. B.; ZULFIQAR, F.; RAZA, A.; MOHSIN, S. M.; MAHMUD, J. A.; FUJITA, M.; FOTOPOULOS, V. Reactive Oxygen Species and Antioxidant Defense in Plants under Abiotic Stress: Revisiting the Crucial Role of a Universal Defense Regulator. **Antioxidants**, [S. l.], v. 9, n. 8, 28 jul. 2020. DOI: 10.3390/antiox9080681. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2076-3921/9/8/681>. Acesso em: 5 dez. 2025.

LABROO, M. R.; STUDER, A. J.; RUTKOSKI, J. E. Heterosis and Hybrid Crop Breeding: A Multidisciplinary Review. **Frontiers in Genetics**, [S. l.], v. 12, 24 fev. 2021. DOI: 10.3389/fgene.2021.643761. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/genetics/articles/10.3389/fgene.2021.643761/full>. Acesso em: 5 dez. 2025.

LIMA, C. N. da S. **ASPECTOS FISIOLÓGICOS E MORFOLÓGICOS DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE MILHO SUBMETIDOS AO ESTRESSE SALINO**. 2025. Universidade federal de sergipe, são cirstovão, 2025. Disponível em: <https://ri.ufs.br/handle/riufs/23253>.

LOPES, B. G.; SAVIAN, T. V.; FARIA, G. A.; MUNIZ, J. A. Proposal of methods for determining the optimal size of experimental plots. **Brazilian Journal of Biometrics**, [S. l.], v. 42, n. 4, p. 339–350, 15 out. 2024. <https://doi.org/10.28951/bjb.v42i4.708>.

MARCOS, R. A.; CAPELINI, V. A.; VALLORY, N. G.; ALMEIDA, R.; ALBERTO, N. J.; OLIVEIRA, F. L. de; DALVI, L. P. Genótipos de milho submetidos a salinidade: efeitos nas características morfológicas e fisiológicas das plântulas. **CONTRIBUCIONES A LAS CIENCIAS SOCIALES**, [S. l.], v. 16, n. 11, p. 25494–25513, 10 nov. 2023. <https://doi.org/10.55905/revconv.16n.11-043>.

PAIVA, F. J. da S. Tolerância de genótipos de maracujazeiro-azedo a salinidade da água de irrigação sob adubação potássica. [S. l.], 29 fev. 2024. Disponível em: <https://dspace.sti.ufcg.edu.br/handle/riufcg/40342>. Acesso em: 5 dez. 2025.

PEDROTTI, A.; CHAGAS, R. M.; RAMOS, V. C.; LUCAS, A. A. T. Causas e consequências do processo de salinização dos solos. [S. l.], v. 19, n. 2, p. 1308–1324, 2015.

PÉREZ-LÓPEZ, L.; MARTÍNEZ, L. A.; PEÑUELAS-RUBIO, O.; MOSCOSO, J. L. A.; AGUILERA, J. G.; CERVANTES-ORTIZ, F.; AGUIRRE-MANCILLA, C. L.; CHÁVEZ, C. C. Preliminary selection of F1 maize hybrids for saline soils in the Yaqui Valley, Mexico. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, [S. l.], v. 29, p. e283312, 2025. <https://doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v29n7e283312>.

REN, S.; BAI, T.; MA, Y.; ZHAO, Y.; CI, J.; REN, X.; ZANG, Z.; MA, C.; XIONG, R.; SONG, X.; YANG, W.; YANG, W.; REN, S.; BAI, T.; MA, Y.; ZHAO, Y.; CI, J.; REN, X.; ZANG, Z.; MA, C.; XIONG, R.; SONG, X.; YANG, W.; YANG, W. Molecular Mechanisms Underlying Salt Tolerance in Maize: A Combined Transcriptome and Metabolome Analysis. **Plants**, [S. l.], v. 14, n. 13, 1 jul. 2025. DOI: 10.3390/plants14132031. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/14/13/2031>. Acesso em: 5 dez. 2025.

SILVA, M. G. D. M.; VIANA, A. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T. D.; GONÇALVES, L. S. A.; REIS, R. V. D. Biometria aplicada ao melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo. **Revista Ciência Agronômica**, [S. l.], v. 43, n. 3, p. 493–499, set. 2012. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000300011>.

SINGH, R. K.; KOTA, S.; FLOWERS, T. J. Salt tolerance in rice: seedling and reproductive stage QTL mapping come of age. **Theoretical and Applied Genetics**, [S. l.], v. 134, n. 11, p. 3495–3533, 1 nov. 2021. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03890-3>.

SINGH, V.; KRAUSE, M.; SANDHU, D.; SEKHON, R. S.; KAUNDAL, A. Salinity stress tolerance prediction for biomass-related traits in maize (*Zea mays* L.) using genome-wide markers. **The Plant Genome**, [S. l.], v. 16, n. 4, p. e20385, 2023. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20385>.

SOARES, A. L. C.; GEILFUS, C.-M.; CARPENTIER, S. C. Genotype-Specific Growth and Proteomic Responses of Maize Toward Salt Stress. **Frontiers in Plant Science**, [S. l.], v. 9, 30 maio 2018. DOI: 10.3389/fpls.2018.00661. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2018.00661/full>. Acesso em: 5 dez. 2025.

TAIZ, A. ed L.; ZEIGER, E. **TAIZ & ZEIGER Fisiologia Vegetal, 6ª Ed.** [S. l.]: [S. n.], 2017. Disponível em: <http://archive.org/details/taiz-zeiger-fisiologia-vegetal-6a-ed>. Acesso em: 5 dez. 2025.

TAO, R.; DING, J.; LI, C.; ZHU, X.; GUO, W.; ZHU, M. Evaluating and Screening of Agro-Physiological Indices for Salinity Stress Tolerance in Wheat at the Seedling Stage. **Frontiers in Plant Science**, [S. l.], v. 12, 31 mar. 2021. DOI: 10.3389/fpls.2021.646175. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2021.646175/full>. Acesso em: 5 dez. 2025.

VAN ZELM, E.; BUGALLO-ALFAGEME, S.; BEHROUZI, P.; MEYER, A. J.; TESTERINK, C.; GOMMERS, C. M. M. Natural variation in salt-induced root growth phases and their contribution to root architecture plasticity. **Plant, Cell & Environment**, [S. l.], v. 46, n. 7, p. 2174–2186, jul. 2023. <https://doi.org/10.1111/pce.14583>.

VAN ZELM, E.; ZHANG, Y.; TESTERINK, C. Salt Tolerance Mechanisms of Plants. **Annual Review of Plant Biology**, [S. l.], v. 71, p. 403–433, 29 abr. 2020. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-050718-100005>.

XU, N.; YU, Z.; WANG, X.; LU, J.; CHEN, H.; SUN, Q.; FEI, C.; CUI, X.; XU, Z.; XU, Q. Influence of natural and artificial selection on the yield differences among progeny derived from crossing between subspecies in cultivated rice. **New Crops**, [S. l.], v. 1, p. 100020, 1 dez. 2024. <https://doi.org/10.1016/j.ncrops.2024.100020>.

XU, S.; ZHENG, J.; DU, H.; DU, X.; LI, C.; DUAN, Y.; CAI, Y.; WANG, J.; LIU, H.; YANG, L.; XIN, W.; JIA, Y.; ZOU, D.; ZHENG, H. GWAS combined with linkage analysis reveals major QTLs and candidate genes of salt tolerance in Japonica rice seedlings. **Frontiers in Plant Science**, [S. l.], v. 15, 1 nov. 2024. DOI: 10.3389/fpls.2024.1462856. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2024.1462856/full>. Acesso em: 5 dez. 2025.

APÊNDICE

Tabela 5. Comparação das médias dos genótipos quanto às características morfológicas do milho, em função dos níveis de salinidade e condutividade da solução nutritiva (C1 = 0,14 dS m⁻¹ e C2 = 3,0 dS m⁻¹), considerando massa fresca da folha (MFF_C1 e MFF_C2); massa seca da folha (MSF_C1 e MSF_C2); massa fresca do colmo (MFC_C1 e MFC_C2); massa seca do colmo (MSC_C1 e MSC_C2).

GEN	MFF_C1	MFF_C2	MSF_C1	MSF_C2	MFC_C1	MFC_C2	MSC_C1	MSC_C2
G2	87,28 a	70,57 a	21,39 a	19,63 a	170,47 a	134,82 a	16,57 b	15,67 a
G3	85,77 a	45,78 b	19,78 a	10,85 c	186,27 a	100,00 b	20,04 a	9,04 b
G6	90,60 a	78,82 a	18,86 a	18,02 a	187,85 a	171,04 a	20,28 a	16,83 a
G11	87,30 a	34,32 b	18,30 a	7,82 c	185,70 a	72,57 b	18,30 a	6,56 b
G12	84,06 a	58,30 a	21,20 a	13,45 b	169,91 a	105,42 b	16,51 b	10,83 b
G14	92,25 a	54,35 a	20,07 a	12,56 b	185,47 a	144,07 a	20,62 a	14,31 a
G16	81,37 a	53,61 a	20,00 a	12,83 b	132,23 c	138,99 a	12,95 b	13,69 a
G19	94,10 a	37,63 b	21,97 a	8,88 c	192,20 a	82,52 b	18,38 a	7,45 b
G21	82,11 a	63,27 a	18,07 a	13,52 b	183,51 a	151,68 a	18,07 a	13,41 a
G24	99,81 a	39,63 b	21,34 a	9,54 c	217,24 a	93,61 b	23,34 a	10,69 b
G25	85,09 a	48,18 b	18,49 a	11,50 c	188,26 a	104,24 b	19,33 a	9,91 b
G27	49,63 b	47,38 b	9,44 c	11,07 c	108,45 c	132,54 a	7,55 c	13,03 a
G29	101,97 a	46,08 b	23,36 a	9,62 c	206,91 a	98,84 b	21,91 a	8,42 b
G30	67,70 b	39,48 b	15,49 b	8,24 c	151,89 b	125,51 a	14,00 b	9,78 b
G35	108,00 a	67,08 a	23,64 a	15,08 b	179,90 a	121,96 a	19,93 a	11,84 b
G37	95,33 a	43,95 b	19,39 a	9,29 c	193,27 a	105,56 b	16,51 b	9,36 b
G40	87,42 a	42,30 b	18,32 a	9,40 c	161,77 b	110,66 b	15,30 b	10,27 b
G41	95,71 a	59,62 a	23,66 a	13,24 b	196,93 a	127,75 a	23,78 a	11,07 b
G44	72,03 b	52,16 a	15,93 b	9,97 c	157,23 b	90,80 b	13,49 b	9,20 b
G45	82,39 a	45,39 b	17,63 a	8,97 c	184,36 a	88,90 b	15,55 b	17,54 a
G46	80,93 a	20,56 b	18,30 a	4,45 c	35,59 c	35,59 c	16,94 b	3,25 b
Média	86,23	49,93	19,27	11,33	176,06	111,15	17,59	11,07

* Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de scott knott para um nível de significância de 5%. *Valores em negrito representam as melhores médias entre os genótipos.

Tabela 6. Comparação das médias dos genótipos quanto às características morfológicas do milho, em função dos níveis de salinidade e condutividade da solução nutritiva (C1 = 0,14 dS m⁻¹ e C2 = 3,0 dS m⁻¹), considerando a massa fresca da raiz (MFR_C1 e MFR_C2) e a massa seca da raiz (MSR_C1 e MSR_C2).

GEN	MFR_C1	MFR_C2	MSR_C1	MSR_C2
G2	30,00 b	33,70 a	6,39 b	5,99 a
G3	31,50 b	19,17 b	6,17 b	4,08 a
G6	33,10 b	31,48 a	7,82 a	4,90 a
G11	19,20 b	7,18 b	4,73 b	1,77 a
G12	34,77 b	17,47 b	8,81 a	2,98 a
G14	36,78 a	24,40 a	9,51 a	3,72 a
G16	29,94 b	26,02 a	5,42 b	4,00 a
G19	27,15 b	12,12 b	5,75 b	1,48 a
G21	30,41 b	31,25 a	7,11 a	4,85 a
G24	49,43 a	14,21 b	8,27 a	2,59 a
G25	30,56 b	14,05 b	7,74 a	2,81 a
G27	13,44 b	19,78 b	2,46 b	3,36 a
G29	42,01 a	14,05 b	7,81 a	2,47 a
G30	24,60 b	16,86 b	4,10 b	2,11 a
G35	47,12 a	29,78 a	10,85 a	4,39 a
G37	31,09 b	12,12 b	5,18 b	1,86 a
G40	47,60 a	13,22 b	11,88 a	2,28 a
G41	47,85 a	21,57 a	10,07 a	2,97 a
G44	23,36 b	16,16 b	4,92 b	2,47 a
G45	38,62 a	13,61 b	6,15 b	1,98 a
G46	33,01 b	3,58 b	7,87 a	0,84 a
Média	33,41	18,16	7,10	3,04

* Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de scott knott para um nível de significância de 5%. *Valores em negrito representam as melhores médias entre os genótipos.

Tabela 7. Comparação de médias do teor relativo de água (TRA%) e extravasamento de eletrólitos (EE%) dos genótipos de milho avaliado no estágio fenológico V6, sob duas concentrações de sais (C1 = 0,14 dS m⁻¹ e C2 = 3,0 dS m⁻¹).

Genótipos	TRA(C1)	TRA(C2)	EE
G2	35,30 b	67,28 a	40,77 b
G3	29,26 b	23,89 a	50,48 a
G6	26,62 b	55,00 a	56,84 a
G11	18,46 b	26,87 a	43,77 b
G12	34,40 b	41,40 a	41,04 b
G14	42,70 b	46,05 a	28,26 b
G16	54,17 a	35,57 a	67,47 a
G19	41,12 b	31,48 a	57,46 a
G21	30,75 b	42,50 a	49,32 a
G24	31,43 b	44,88 a	43,58 b
G25	32,51 b	51,63 a	44,03 b
G27	67,05 a	41,23 a	32,72 b
G29	44,12 b	38,47 a	55,78 a
G30	20,18 b	37,76 a	56,94 a
G35	73,64 a	28,63 a	44,4 b
G37	55,98 a	32,29 a	35,88 b
G40	29,38 b	58,37 a	34,61 b
G41	31,62 b	44,90 a	69,26 a
G44	61,46 a	36,12 a	29,17 b
G45	26,09 b	44,36 a	71,64 a
G46	71,39 a	48,16 a	37,2 b

NOTA: Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

*Valores em negrito representam as melhores médias entre os genótipos.